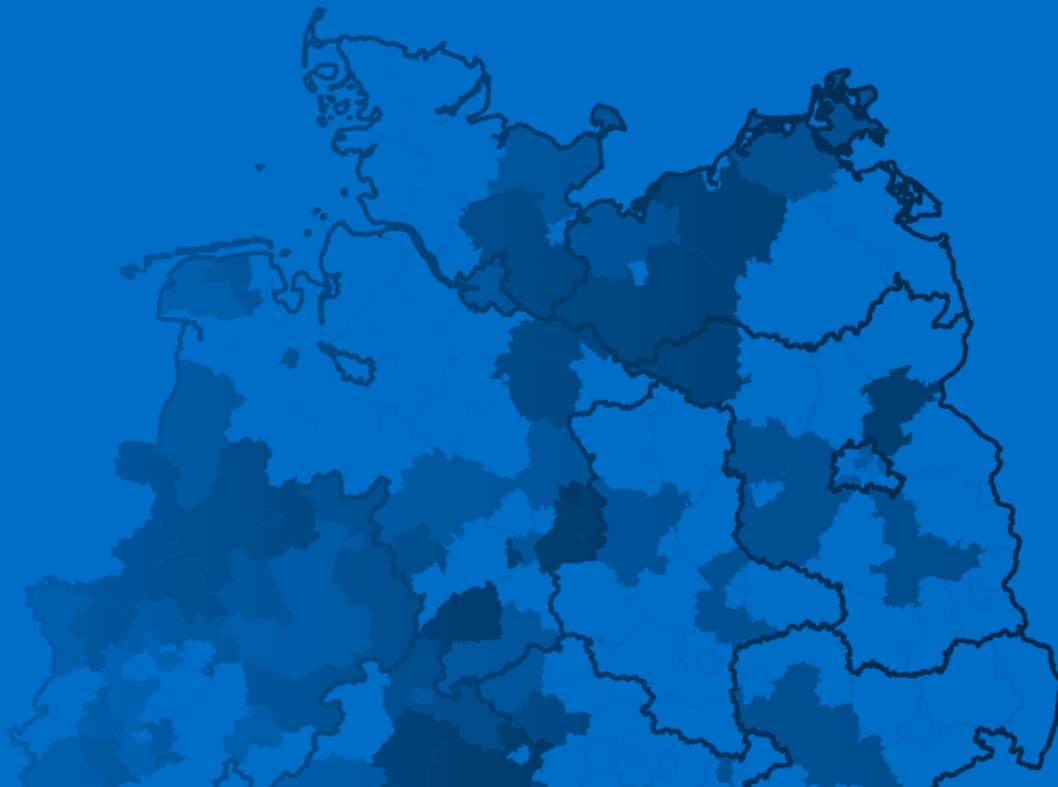




**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2023**



**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2023**

Datenstand: 1. März 2024

Vorwort

Auch in diesem Jahr laden wir Sie mit dem vorliegenden Jahrbuch ein, die infektionsepidemiologische Lage in Deutschland ausführlich zu betrachten. Ergänzend zum Angebot, infektionsepidemiologische Daten kontinuierlich über SurvStat abzurufen, bietet das Infektionsepidemiologische Jahrbuch eine umfassende Einordnung und Bewertung dieser Daten mit dem Ziel, Ihnen weiterhin eine verlässliche Informationsquelle zur Verfügung zu stellen.

Eines der wichtigsten Ereignisse im Jahr 2023 war sicherlich die Aufhebung der mehr als zweieinhalb Jahre andauernden gesundheitlichen Notlage von internationaler Tragweite in Bezug auf COVID-19 durch die WHO am 5. Mai 2023. Wenngleich sich die Anzahl übermittelter COVID-19-Fälle im Vergleich zum Vorjahr deutlich verringerte, war es immer noch die häufigste meldepflichtige Infektionskrankheit im Jahr 2023. Gleichzeitig erreichten die Fallzahlen weiterer meldepflichtiger Infektionskrankheiten wieder annähernd das präpandemische Niveau.

Die Digitalisierung des Öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) wurde auch im Jahr 2023 mit Hochdruck vorangetrieben und konnte mit Mitteln aus dem Pakt für den ÖGD weiter ausgebaut werden. Ein Beispiel für die gelungene Digitalisierung ist die seit zwei Jahren bestehende Kollaborationsplattform zur Vernetzung von Mitarbeitenden im ÖGD - Agora, die mittlerweile eine unverzichtbare Rolle im fachlichen Austausch zwischen den ca. 400 Gesundheitsämtern und weiteren ÖGD-Institutionen in Deutschland spielt.

Ein weiterer Meilenstein war das Anfang 2023 stattfindende Auftakttreffen für die erreg器übergreifende Konzeption, Etablierung und Evaluation einer integrierten genomischen

Surveillance (IGS) am Robert Koch-Institut in enger Kooperation mit weiteren nationalen Initiativen und Projekten. Die IGS wird durch die Zusammenführung und gemeinsame Betrachtung von epidemiologischen Meldedaten mit genomischen und weiteren molekularen Erregerdaten zukünftig einen bedeutenden Beitrag zur infektionsepidemiologischen Surveillance in Deutschland liefern. Sie liefert auch schon für dieses Jahrbuch einen wichtigen Beitrag zur Erkennung und Bewältigung von Ausbrüchen von Infektionskrankheiten.

Mit der Änderung des Infektionsschutzgesetzes am 21.07.2023 wurde mit dem Nachweis von *Candida auris* aus Blut und primär sterilen Materialien die erste spezifische Meldepflicht für eine Pilzinfektion in Deutschland eingeführt und der besonderen Public-Health-Relevanz dieses neu auftretenden Erregers Rechnung getragen. Weiterhin wurde die Meldepflicht für den Nachweis von Respiratorischen Synzytial-Viren aufgenommen sowie die bisher nicht-namentliche Meldepflicht des Nachweises von *Plasmodium* sp. gemäß § 7 Abs. 3 IfSG zu einer namentlichen Meldepflicht nach § 7 Abs. 1 verändert, was bei möglichem Auftreten von Malariafällen in Deutschland Maßnahmen durch die Gesundheitsämter ermöglicht.

Unser Dank gilt allen Mitarbeitenden in den Gesundheitsämtern und Landesbehörden für ihren fortwährenden Einsatz im Rahmen des Infektionsschutzes sowie für die Ermittlung und Bereitstellung infektionsepidemiologischer Daten in Deutschland.

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

Inhalt

Vorwort	3
Autorinnen und Autoren	6
Weitere beteiligte Personen	6
Abkürzungen	7
1 Zusammenfassung	8
Executive Summary	9
2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten	10
2.1 Gesetzliche Grundlagen	10
2.2 Datengrundlage	16
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten	21
3 Datenqualität	22
3.1 EDV-technische Unterstützung	22
3.2 Sicherung der Datenqualität	22
3.3 Vollständigkeit der Erfassung	23
3.4 Vollständigkeit der Datensätze	25
3.5 Zeitnähe	26
4 Krankheitsübergreifende Auswertung	28
4.1 Inzidenzen	28
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten	28
4.3 Klinische Aspekte	31
5 Ausbrüche	34
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche	34
5.2 Gruppen von Ausbrüchen	36
6 Spezielle Krankheiten	41
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation (<i>Acinetobacter</i> spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	41
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis	45
6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige	48
6.4 Bornavirus-Erkrankung	49
6.5 Botulismus	50
6.6 Brucellose	51
6.7 <i>Campylobacter</i> -Enteritis	52
6.8 Chikungunyavirus-Erkrankung	56
6.9 Cholera	58
6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	59
6.11 <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	62
6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)	64
6.13 Denguefieber	68
6.14 Diphtherie	71
6.15 Echinokokkose	74
6.16 EHEC-Erkrankung	77
6.17 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)	81
6.18 Fleckfieber	85
6.19 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) und verwandte Virusenzephalitiden (TBE, tick-borne encephalitis)	85
6.20 Giardiasis	90
6.21 Gonorrhö (Tripper) – <i>Neisseria gonorrhoeae</i> mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon	93

6.22	Haemophilus influenzae, invasive Infektion	96
6.23	Hantavirus-Erkrankung	100
6.24	Hepatitis A	102
6.25	Hepatitis B	107
6.26	Hepatitis C	113
6.27	Hepatitis D	118
6.28	Hepatitis E	119
6.29	HIV-Infektion	122
6.30	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	127
6.31	Influenza	129
6.32	Keuchhusten	138
6.33	Kryptosporidiose	143
6.34	Läuserückfallfieber	146
6.35	Legionellose	147
6.36	Lepra	152
6.37	Leptospirose	153
6.38	Listeriose	156
6.39	Malaria	159
6.40	Masern	162
6.41	Meningokokken, invasive Infektion	167
6.42	Middle East Respiratory Syndrome (MERS)	172
6.43	Milzbrand	174
6.44	Mpox	174
6.45	Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus (MRSA), invasive Infektion	175
6.46	Mumps	178
6.47	Nicht-Cholera-Vibrien-Infektion	183
6.48	Norovirus-Gastroenteritis	184
6.49	Ornithose	188
6.50	Orthopocken	189
6.51	Paratyphus	190
6.52	Pest	191
6.53	Pneumokokken, invasive Infektion	191
6.54	Poliomyelitis	195
6.55	Q-Fieber	196
6.56	Rotavirus-Gastroenteritis	199
6.57	Röteln	203
6.58	Salmonellose	206
6.59	Shigellose	210
6.60	Syphilis	213
6.61	Tollwut	217
6.62	Toxoplasmose, konnatale Infektion	218
6.63	Trichinellose	219
6.64	Tuberkulose	220
6.65	Tularämie	225
6.66	Typhus abdominalis	227
6.67	Virale Hämorrhagische Fieber	229
6.68	West-Nil-Virus-Erkrankung	231
6.69	Windpocken	233
6.70	Yersiniose	237
6.71	Zikavirus-Erkrankung	240
6.72	Spezielle Krankheiten	242
	Impressum	245

Autorinnen und Autoren

Mona Askar
Franziska Badenschier
Anna-Lisa Behnke
Susanne Behnke
Marwa Beyaly
Renke Biallas
Ronja Boberg
Lena Böff
Lena Bös
Viviane Bremer
Alba Méndez Brito
Bonita Brodhun
Udo Buchholz
Silke Buda
Wei Cai
Michaela Diercke
Teresa Domaszewska
Sandra Dudareva
Tim Eckmanns
Julia Enkelmann
Annika Erdwiens
Mirko Faber
Annika Falman
Gerd Falkenhorst
Christina Frank
Laura Giese
Timo Greiner
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Barbara Hauer
Julia Hermes
Alexandra Holzer
Klaus Jansen
Kerstin Kling
Anja Klingeberg
Judith Koch
Stefan Kröger
Raskit Lachmann
Ann-Sophie Lehfeld
Anna Loenenbach
Matthäus Lottes
Linn Lundvall
Mario Martin Sanchez
Adine Marquis
Dorothea Matysiak-Klose
Anika Meinen
Julia Mutevelli
Teresa Nygren
Delphine Perriat
Vanessa Piechotta
Antonia Pilic
Kirsten Pörtner

Cornelius Rau
Felix Reichert
Klara Röbl
Bettina Rosner
Katrín Rothe
Dunia Said
Navina Sarma
Julia Schilling
Johanna Schlager
Nicole Schmidt
Lena Schneider
Viktoria Schöfeld
Regina Selb
Claudia Siffczyk
Regina Singer
Sabine Vygen-Bonnet
Julia Wilhelm
Hendrik Wilking
Ruth Zimmermann

Weitere beteiligte Personen

Susanne Behnke
Nicolas Brand
Johannah Cramer
Maren Enßle
Alexandra Holzer
Laetitia Luthardt
Sabine Ritter
Andrea Sailer
Mahboobe Shaffafi
Daria Spiölek
Ita Stroetmann
Paulina vom Felde genannt im Busch
Christian Wittke

Abkürzungen

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

1 Zusammenfassung

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

Im Vergleich zum Vorjahr wurden zwar insgesamt deutlich weniger Fälle übermittelt, dennoch war im Jahr 2023 COVID-19 mit über einer Million Fälle erneut die am häufigsten übermittelte meldepflichtige Infektionskrankheit. Gründe für den Rückgang können u. a. der Wegfall kostenloser Testungen beziehungsweise Änderungen in der Teststrategie im Jahr 2023 sein, wodurch deutlich weniger COVID-19-Fälle als im Vorjahr erfasst wurden.

Im Jahr 2023 setzte sich der zunehmende Trend übermittelter Fälle für viele meldepflichtige Infektionskrankheiten fort und erreichte teilweise wieder das Niveau des Zeitraumes vor der COVID-19-Pandemie. So wurde im Vergleich zum Vorjahr eine Zunahme von Fällen bei von Mensch zu Mensch übertragenen Krankheiten wie zum Beispiel **Masern**, **Mumps** und **Windpocken** beobachtet. Trotz steigender Anzahl der übermittelten Fälle wurde im Jahr 2023 die von der WHO vorgeschlagene Indikatorinzidenz von < 0,1 Erkrankten pro 100.000 Einwohner zur Dokumentation erfolgreicher Maßnahmen einer Masern-Elimination nicht überschritten. Für **Keuchhusten** wurde im Vergleich zum Vorjahr eine Verdopplung der Fallzahlen verzeichnet. Die Fallzahl von invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektionen nahm erneut deutlich zu, sodass mit 1.737 übermittelten Fällen die höchste jemals verzeichnete Fallzahl erreicht wurde. Die Anzahl der **Influenza**-Fälle war mit 77.268 Fällen deutlich niedriger als im Vorjahr 2022, da durch die ungewöhnlich frühe Grippewelle der Saison 2022/23 die meisten Fälle bereits im Jahr 2022 übermittelt wurden.

Bezüglich sexuell und durch Blut übertragenen Infektionen war mit 9.128 Fällen erneut die höchste jemals gemeldete Fallzahl der **Syphilis** zu verzeichnen. Ebenso war für *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon gegenüber dem Jahr 2022 ein Anstieg der Fallzahlen zu beobachten. Die Zahl der in Deutschland gemeldeten **HIV**-Neudiagnosen stieg im Jahr 2023 deutlich an, verursacht unter anderem auch durch Zunahme an Infektionen außerhalb Deutschlands, bei denen eine Erstdiagnose in Deutschland gemeldet wurde. Ebenso nahmen die übermittelten **Hepatitis-B**- sowie **Hepatitis-C**-Fälle zu, wobei auch hierfür eine multifaktorielle

Genese ursächlich ist, die in den entsprechenden Kapiteln ausführlich diskutiert wird. Bei **Mpox** gab es dagegen im Vergleich zum Vorjahr einen deutlichen Rückgang der Fallzahlen.

Im Vergleich zu den beiden ersten Pandemiejahren konnten für die klassischen reiseassoziierten Krankheiten, wie zum Beispiel **Denguefieber**, ein weiterer deutlicher Anstieg der Fallzahlen verzeichnet werden. Für **Malaria** setzte sich der ansteigende Trend der letzten Jahre fort und erreichte Vorpandemieniveau.

Nach einem Rückgang der Fallzahlen für **Enterobacterales** mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante in den Jahren 2020 und 2021 überstieg die Anzahl übermittelter Fälle und Ausbrüche das Niveau der präpandemischen Fallzahlen; eine Entwicklung, verursacht durch unterschiedliche Ursachen, auf die in den entsprechenden Kapiteln detaillierter eingegangen wird.

Wie bereits in den Vorjahren zählten die **Campylobacter-Enteritis**, **Norovirus-Gastroenteritis** und **Rotavirus-Gastroenteritis** zu den häufigsten übermittelten gastrointestinalen Infektionskrankheiten, wobei die Fallzahlen für Norovirus- und Rotavirus-Gastroenteritis im Vergleich zum Vorjahr erneut leicht zunahmen, während diese bei der **Campylobacter-Enteritis** erneut leicht abnahm. Im Jahr 2023 wurde auch eine starke Zunahme von übermittelten Fällen der **EHEC-Erkrankung** verzeichnet. Inwiefern diese auch auf die Verwendung neuer Nachweisverfahren zurückzuführen ist, muss weiter beobachtet werden.

Am 21.07.2023 wurde die Meldepflicht nach § 7 Abs. 1 IfSG für den Nachweis von **Respiratorischen Synzytial-Viren** (RSV) eingeführt. Diese ergänzt die Erfassung von RSV-Infektionen im Rahmen der Sentinelsurveillance. Seit Beginn der Meldepflicht wurden 15.257 RSV-Infektionen übermittelt. Ebenfalls neu eingeführt wurde am 21.07.2023 auch die Meldepflicht für invasive Infektionen mit dem Pilz **Candida auris**. Im Jahr 2023 wurden insgesamt 7 Fälle übermittelt. In Ausbruchsgeschehen wurden zudem 48 Nachweise von Kolonisationen mit **Candida auris** in 3 Ausbruchsgeschehen gemäß § 6 IfSG festgestellt. Im Juli 2023 wurde zudem die nichtnamentliche Meldepflicht von Malaria an das RKI (gemäß § 7 Abs. 3 IfSG) in eine namentliche Meldepflicht an das zuständige Gesundheitsamt (gemäß § 7 Abs. 1 IfSG) geändert.

Executive Summary

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

Although significantly fewer cases were reported overall compared to 2022, COVID-19 was once again the most frequently reported notifiable infectious disease in 2023, with over one million cases. Reasons for the decline may include the discontinuation of free testing and changes in testing strategy in 2023, resulting in significantly fewer COVID-19 cases recorded than in the previous year.

In 2023, the upward trend in reported cases continued for many notifiable infectious diseases and in some cases returned to pre-COVID-19 pandemic levels. For example, an increase in cases of human to human transmitted diseases such as **measles**, **mumps** and **chickenpox** was observed compared to the previous year. Although the reported number of measles cases increased, the WHO recommended incidence indicator of < 0.1 cases per 100,000 inhabitants to monitor the success of measles elimination activities was not exceeded in 2023. The number of cases of **whooping cough** doubled compared to 2022. The number of invasive *Haemophilus influenzae* infections rose significantly again, reaching 1,737 reported cases, the highest number ever recorded. The number of **influenza** cases was significantly lower than in 2022, when unusually high influenza activity was observed at 77,268 cases, because most cases were already reported in 2022 in the unusually early flu epidemic of the 2022/23 season.

With regard to sexually transmitted and blood-borne infections, the highest number of cases ever reported was again recorded for **syphilis**, with 9,128 cases. Similarly, a rise in the number of cases of *Neisseria gonorrhoeae* with reduced susceptibility to azithromycin, cefixime, or ceftriaxone was observed compared to 2022. The number of new **HIV** diagnoses reported in Germany rose significantly in 2023, partly due to an increase in infections outside Germany that were reported as initial diagnoses in Germany. Similarly, the number of reported cases of **hepatitis B** and **hepatitis C** increased, although this is also due to multiple factors, which are discussed in detail in the relevant chapters. In contrast, there was a significant decline in the number of **Mpox** cases compared to the previous year.

Compared to the first two years of the pandemic, there was another significant increase in the number of cases of classic travel-related diseases such as **dengue fever**. The upward trend in **malaria** cases seen in recent years continued, reaching pre-pandemic levels.

After a decline in the number of cases of **Enterobacterales** with reduced susceptibility to carbapenems or with detection of a carbapenemase determinant in 2020 and 2021, the number of reported cases and outbreaks exceeded pre-pandemic case numbers – a development caused by various factors, further discussed in more detail in the relevant chapters.

As in previous years, *Campylobacter* enteritis, **norovirus gastroenteritis**, and **rotavirus gastroenteritis** were among the most frequently reported gastrointestinal infectious diseases, with the number of cases of norovirus and rotavirus gastroenteritis increasing slightly again compared to 2022, while the number of cases of *Campylobacter* enteritis decreased slightly again. In 2023, there was also a sharp increase in reported cases of **EHEC disease**. The extent to which this is due to the use of new detection methods requires further monitoring.

On July 21, 2023, the reporting requirement pursuant to Section 7 (1) of the Infection Protection Act (*Infektionsschutzgesetz*, IfSG) was introduced for the detection of **respiratory syncytial viruses** (RSV). This supplements the surveillance of RSV infections in the national sentinel systems. Since the reporting requirement came into effect, 15,257 RSV infections have been reported. The reporting requirement for invasive infections with the fungus *Candida auris* was also introduced on July 21, 2023. A total of 7 cases were reported in 2023. With respect to outbreaks, 48 cases of colonization were also detected across three outbreaks in accordance with Section 6 of the IfSG. In July 2023, the non-nominal reporting requirement for malaria to the RKI was changed to a nominal reporting requirement to the competent health authority, pursuant to Section 7 (1) of the IfSG, replacing the previous requirement under Section 7 (3) of the same Act.

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 der Meldepflicht unterliegen. 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 Notwendigkeit von Maßnahmen seitens der Gesundheitsbehörden berücksichtigt. In § 7 IfSG ist festgelegt, welche Nachweise von Krankheitserregern meldepflichtig sind. Hier wird zwischen den Erregernachweisen unterschieden, die eine direkte unmittelbare Maßnahme der Gesundheitsämter erfordern können und deshalb namentlich an diese zu melden sind, und den Erregernachweisen, 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 (§ 8 IfSG), welche Angaben die Meldungen enthalten müssen (§ 9 IfSG für die namentliche Meldung und § 10 IfSG für die nichtnamentliche Meldung) und welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt werden (§ 11 IfSG). 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 gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt gemeldetes, 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 um 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-Meld AnpV) in Kraft. Mit der IfSGMeldAnpV wurden Meldepflichten für *Clostridioides-difficile*-Infektionen mit klinisch schwerem Verlauf und Nachweise von Enterobacteriales und *Acinetobacter* spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit sowie für Nachweise von Arboviren, z. B. Chikungunyavirus, West-Nil-Virus und Zikavirus, eingeführt. Die Meldepflicht für aviäre Influenza, die seit 2007 durch die Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung bestanden hatte, wurde auf zoonotische Influenza ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von Methicillin-resistenten Stämmen von *Staphylococcus aureus* (MRSA) aus Blut oder Liquor, die im Jahr 2009 mit der Labormeldepflicht-Anpassungsverordnung eingeführt worden war, wurde in die IfSGMeldAnpV übernommen. Die Inhalte der Verordnung wurden zum 01.03.2020 in das IfSG integriert.

Gesetz zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten

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

bildenden Corynebakterien und darmpathogenen Yersinien ausgedehnt. Zudem sind nun alle Norovirus-Nachweise unabhängig vom Untersuchungsmaterial meldepflichtig, soweit sie auf eine akute Infektion hinweisen. Als Melde- und Übermittlungsinhalte (§ 9 und § 11 IfSG) werden nun explizit weitere Angaben aufgeführt, die für die epidemiologische Bewertung der aufgetretenen Infektionskrankheiten von entscheidender Bedeutung sind. Dies betrifft u. a. den Impfstatus, Angaben zur intensivmedizinischen Behandlung sowie bei Tuberkulose, Hepatitis B und Hepatitis C Angaben zum Geburtsstaat, der Staatsangehörigkeit und dem Jahr der Einreise nach Deutschland.

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

Am 01.03.2020 ist das Masernschutzgesetz in Kraft getreten. Neben umfangreichen Änderungen des IfSG, um die Impfprävention zu stärken, beinhaltet es auch Regelungen zu Änderungen der Meldepflicht. Die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung wurde in das IfSG integriert, einschließlich Anpassungen in der Nomenklatur der Erreger mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit. Zudem wurden neue Meldepflichten eingeführt, dazu gehören die Meldepflichten für den direkten Nachweis von humanpathogenen Bornaviren, den Nachweis von Middle-East-Respiratory-Syndrome-Coronavirus (MERS-CoV), den direkten Nachweis von *Streptococcus pneumoniae* aus Liquor, Blut, Gelenkpunktat oder anderen normalerweise sterilen Substraten sowie die Ausweitung der Meldepflicht vom Nachweis der Choleravibrionen auf die Nicht-Cholera-Vibrionen. Ebenso muss dem Gesundheitsamt gemeldet werden, wenn Personen an einer subakuten sklerosierenden Panenzephalitis 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 IfSG 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 IfSG auf Infektionen mit dem erstmals im Dezember 2019 in Wuhan/Volksrepublik China aufgetretenen neuartigen Coronavirus (»2019-nCoV«) die Meldepflicht für den Krankheitsverdacht, die Erkrankung und den Tod in Bezug auf COVID-19 und den Nachweis von SARS-CoV-2 eingeführt, die seit 23.05.2021 mit dem Zweiten Gesetz zum Schutz der Bevölkerung bei einer epidemischen Lage von nationaler Tragweite langfristig in das Infektionsschutzgesetz integriert wurde. Zudem gab es zahlreiche weitere Änderungen, die unter anderem die Melde- und Übermittlungsinhalte, die Meldewege und die zur Meldung verpflichteten Personen betreffen.

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

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

Gesetz zur Änderung des Bevölkerungsstatistikgesetzes, des Infektionsschutzgesetzes, personenstands- und dienstrechtlicher Regelungen sowie der Medizinprodukte-Abgabeverordnung

Im Gesetz zur Änderung des Bevölkerungsstatistikgesetzes, des Infektionsschutzgesetzes, personenstands- und dienstrechtlicher Regelungen sowie der Medizinprodukte-Abgabeverordnung, das am 21.07.2023 in Kraft getreten ist, wurde die Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 1 IfSG um die Meldepflicht des direkten Nachweises von *Candida auris* aus Blut oder anderen normalerweise sterilen Substraten und die Meldepflicht des Nachweises von Respiratorischen Synzytial-Viren erweitert. Die Meldepflicht des Nachweises von *Plasmodium* sp., dem Erreger der Malaria, wurde von einer nichtnamentlichen Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG zu einer namentlichen Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 1 IfSG geändert.

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. zu klinischer Symptomatik, zur möglichen Infektionsursache und zum möglichen Infektionsland, auf dem Durchschlag ergänzen und ebenfalls direkt an das RKI senden.

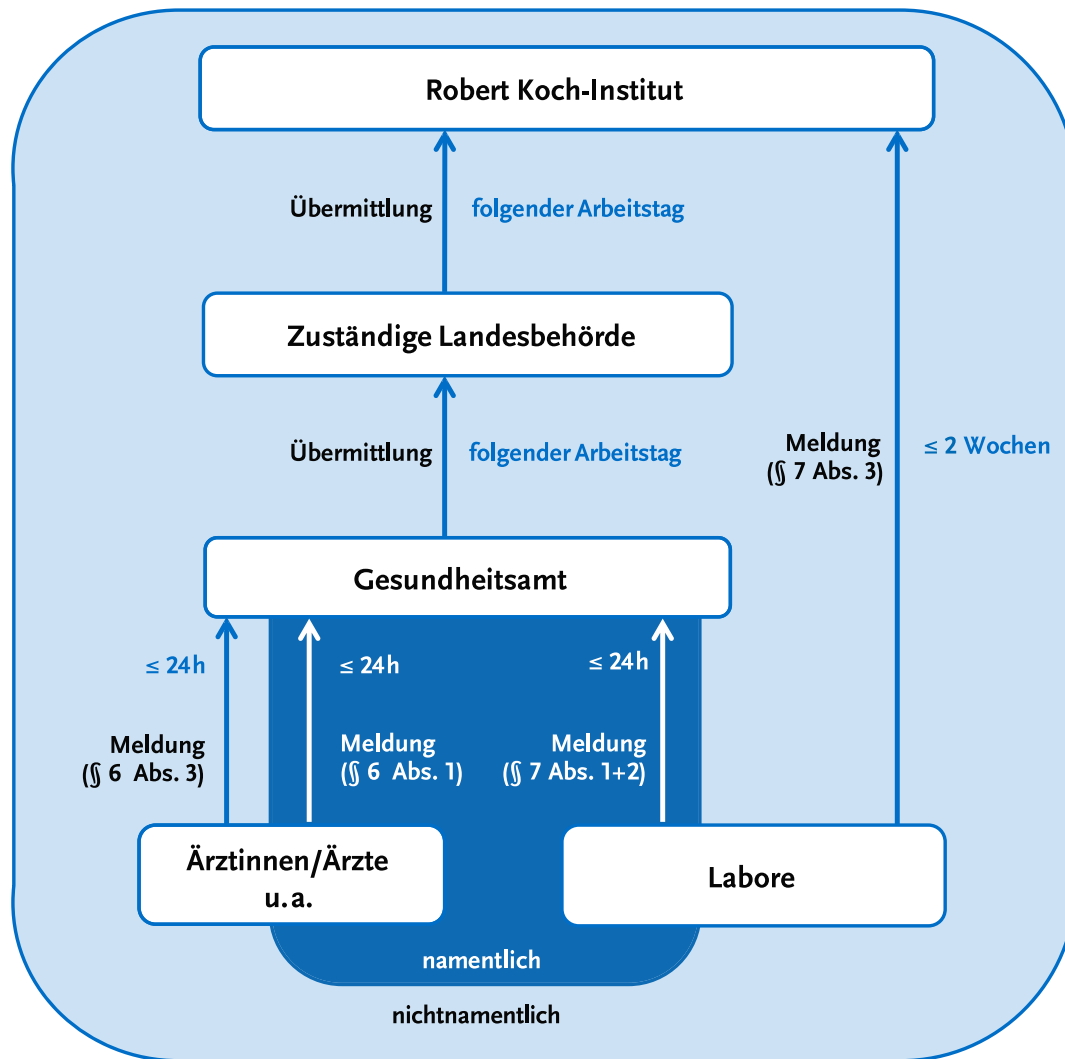
Übersicht Meldepflichten und Einzelfallkontrolle

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 Gesundheits-

Abb. 2.1.1:
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



amt nichtnamentlich als Ausbruch zu melden. Gemäß § 10 Abs. 1 IfSG muss die Meldung einzelfallbasierte Informationen und auch Angaben zu den zum Ausbruchsgeschehen dazugehörigen Kolonisationen beinhalten. Dabei steht im Vordergrund, dass die Gesundheitsbehörde als Berater bei der Ermittlung der Infektionsquelle durch deskriptive und analytische Untersuchungen beteiligt wird. Seit 2011 mit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« werden diese Fälle auch an das RKI übermittelt. An das RKI übermittelte nosokomiale Ausbrüche werden im Kapitel 5.2 gesondert dargestellt.

Melde- und Übermittlungsinhalte

In den §§ 9, 10 IfSG ist festgelegt, welche Angaben die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt sowie die nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt oder das RKI enthalten müssen, soweit vorliegend. 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.

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	Gonorrhö			■	
6.22	<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion		■		■
6.23	Hantavirus-Erkrankung	■ ⁸	■		
6.24	Hepatitis A	■	■		
6.25	Hepatitis B	■	■		
6.26	Hepatitis C	■	■		
6.27	Hepatitis D	■	■		■
6.28	Hepatitis E	■	■		
6.29	HIV-Infektion			■	
6.30	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■	■ ⁹		■
6.31	Influenza	■ ¹⁰	■		■ ¹⁰
6.32	Keuchhusten ¹¹	■	■		■ ¹²
6.33	Kryptosporidiose		■		
6.34	Läuserückfallfieber		■		■
6.35	Legionellose		■		
6.36	Lepra		■		■
6.37	Leptospirose		■		■
6.38	Listeriose		■		
6.39	Malaria ¹⁸		■		
6.40	Masern	■	■		
6.41	Meningokokken, invasive Infektion	■	■		■

6.42	Middle East Respiratory Syndrome (MERS) ⁵		■		■
6.43	Milzbrand	■	■		■
6.44	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion ¹³		■		
6.45	Mpox		■		
6.46	Mumps ¹¹	■	■		
6.47	Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektion		■		■
6.48	Norovirus-Gastroenteritis		■		
6.49	Ornithose		■		■
6.50	Orthopocken		■		■
6.51	Paratyphus	■	■		■
6.52	Pest	■	■		■
6.53	Pneumokokken, invasive Infektion		■		
6.54	Poliomyelitis	■	■		■
6.55	Q-Fieber		■		■
6.56	Rotavirus-Gastroenteritis		■		
6.57	Röteln, konnatale Infektion ¹⁴	■	■		■
	Röteln, postnatale Infektion ¹¹	■	■		
6.58	Salmonellose		■		
6.59	Shigellose		■		
6.60	Syphilis			■	
6.61	Tollwut	■	■		■
6.62	Toxoplasmose, konnatale Infektion			■	
6.63	Trichinellose		■		■
6.64	Tuberkulose	■ ⁶	■		
6.65	Tularämie		■		■
6.66	Typhus abdominalis	■	■		■
6.67	Virale hämorrhagische Fieber, sonstige ¹⁵	■	■		■
6.68	West-Nil-Virus-Erkrankung ⁴		■		■
6.69	Windpocken ¹¹	■	■		
6.70	Yersiniose		■		
6.71	Zikavirus-Erkrankung ⁴		■		■
6.72	zusätzliche Krankheiten				
	► <i>Candida auris</i> , invasive Infektion ¹⁷		■		■
	► RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus) ¹⁹		■		

¹ Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2)

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

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

⁴ Meldepflicht seit 01.05.2016

⁵ Meldepflicht seit 01.03.2020

⁶ Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.

⁷ Meldepflicht seit 01.02.2020

⁸ nur bei hämorrhagischem Verlauf

⁹ Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

¹⁰ Nur bei zoonotischer Influenza

¹¹ Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

¹² Bei unter 1-jährigen

¹³ Meldepflicht seit 01.07.2009

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

¹⁵ Gilt auch für Ebolafieber, Gelbfieber, Lassafieber und Marburgfieber

¹⁶ Meldepflicht seit 17.09.2022

¹⁷ Meldepflicht nur für den direkten Nachweis aus Blut oder anderen normalerweise sterilen Substraten, Meldepflicht seit 21.07.2023

¹⁸ Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt seit 21.07.2023, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI

¹⁹ Meldepflicht seit 21.07.2023

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 werden. Nicht berücksichtigt werden zum einen Fälle, die einer bundeslandspezifischen erweiterten Meldepflicht unterlagen, und zum anderen Fälle, die hauptsächlich in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« übermittelt wurden, da Fälle in dieser Kategorie nicht systematisch krankheitsspezifisch eingeordnet werden können und die Verwendung der Kategorie 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. Somit werden Fälle, die in alten Software-Versionen erfasst werden, entsprechend der Falldefinition, die zum Zeitpunkt der verwendeten Software-Version gültig war, 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

1. mit einem labordiagnostisch nachgewiesenen Fall in einen epidemiologischen Zusammenhang gebracht werden kann oder

2. eine andere relevante Expositionsform zu einer labor-diagnostisch nachgewiesenen Infektionsquelle vorliegt.

Falldefinitions-kategorien

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

A: Klinisch diagnostizierte Erkrankung

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

B: Klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung

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

C: Klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankung

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

D: Laboridiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild

Hier ist zwar der laboridiagnostische 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: Laboridiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild

Hier ist der laboridiagnostische 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 Kategorisierung der Fälle Bezug genommen. Die Möglichkeit nach den einzelnen Falldefinitions-kategorien zu differenzieren, erlaubt es, die Stärke der diagnostischen Evidenz einzuschätzen und außerdem zwischen Erkrankungen einerseits und Infektionen ohne erfülltes klinisches Bild andererseits zu unterscheiden.

Nichtnamentliche Meldung von Erregernachweisen an das RKI

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

Referenzdefinition

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

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

Tab. 2.2.1:
Zuordnung der Übermittlungskategorien zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitions-kategorien

Übermittlungskategorie	Falldefinitions-kategorie				
	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. Ebola-Fieber, Gelbfieber, Lassafieber, Marburgfieber)			■		
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, Malaria (<i>Plasmodium</i> spp.), <i>Candida auris</i> (invasive Infektion), West-Nil-Virus-Erkrankung			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Infektion), Influenza, Listeriose, Pest, RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

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, die sich nur auf Fälle beziehen, die die Kriterien des klinischen Bildes erfüllen, 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) die Referenzdefinition unabhängig davon, ob bei ihnen das klinische Bild bekannt oder erfüllt ist.

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

Die übermittelten Fälle, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, stehen – unabhängig davon, dass sie nicht im 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 Falldefinitions-kategorien.

Nichtnamentliche Meldung von Erregernachweisen an das RKI

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

Literaturhinweise

- Bales S, Baumann HG, Schnitzler N: *Infektionsschutzgesetz, Kommentar und Vorschriftensammlung*. 2. Auflage. Berlin: Verlag W. Kohlhammer; 2003.
- Diercke M: *Änderungen des Infektionsschutzgesetzes, Juli 2017*. Epid Bull 2017;31. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-041>.
- Diercke M, Buda S, Weiß B, Frank C, Gilsdorf A: *Infektiologie: Neue Meldepflichten beachten*. Dtsch Arztebl 2016;113.
- Diercke M, Claus H, Rexroth U, Hamouda O: *Anpassung des Meldesystems gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2020 aufgrund von COVID-19*. Bundesgesundheitsbl 2021;64(4). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03298-w>.
- Erdle H: *Infektionsschutzgesetz – Kommentar*. 4. Auflage. Landsberg/Lech: ecomed Medizin; 2013.
- Höhl N: *Infektionsschutzgesetz mit Trinkwasserverordnung*. 6. Auflage. Siegburg: Verlag Reckinger; 2018.
- Reuss A, Diercke M: *Änderungen im Meldesystem gemäß Infektionsschutzgesetz im Jahr 2016 und 2017*. Krankenhaushygiene up2date 2018;13(3). <https://doi.org/10.1055/s-0043-118641>.

Gesetz zur Änderung des Bevölkerungsstatistikgesetzes, des Infektionsschutzgesetzes und personenstands- und dienstrechtlicher Regelungen sowie der Medizinprodukte-Abgabeverordnung. 2023. BGBl I;190:1–5.

Gesetz zur Stärkung des Schutzes der Bevölkerung und insbesondere vulnerabler Personengruppen vor COVID-19 (2022). BGBl I;32:1454.

Zweites Gesetz zum Schutz der Bevölkerung bei einer epidemischen Lage von nationaler Tragweite. 2020. BGBl I;23:1018–1036.

Gesetz für den Schutz vor Masern und zur Stärkung der Impfprävention (Masernschutzgesetz). 2020. BGBl I;6:148–157.

Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSGMeldAnpV). 2016. https://dejure.org/BGBl/2016/BGBl_I_S_515.

Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) und zur Änderung weiterer Gesetze. 2013. BGBl I;15:566–584.

Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze. 2011. BGBl I;41:1622–1630.

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 2023 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 02.01.2023 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 31.12.2023 (einem Sonntag) endet. Der erste Tag des Jahres 2023 wird demnach dem Meldejahr 2022 zugeordnet.

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

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

Für die zeitliche Zuordnung von nichtnamentlich an das RKI zu meldenden Erregernachweisen werden Diagnosemonat und -jahr verwendet. Eine zeitliche Zuordnung nach Meldewoche erfolgt nicht. 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 Toxoplasmose bei 93 % der Fälle Angaben zur PLZ der betroffenen Personen vorhanden waren, waren es bei HIV-Infektionen nur 76 %. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2023 nur für sehr wenige der gemeldeten Erregernachweise.

Die PLZ erlaubt nicht immer eine eindeutige Zuordnung zum Bundesland, da einzelne Postleitzahlbereiche Bundeslandgrenzen 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.

Tab. 2.2.2:
Anteil der für die örtliche Zuordnung genutzten Postleitzahlen (PLZ) der nichtnamentlich an das RKI gemeldeten Erregernachweise, Deutschland, 2023

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Patienten-Wohnortes	Nach PLZ des einsendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	9.097	92 %	7 %	1 %
HIV-Infektion	3.321	76 %	22 %	2 %
Echinokokkose	186	90 %	10 %	0 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	15	93 %	7 %	0 %

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 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 2023 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2022 verwendet, da sie zum Zeitpunkt der Erstellung des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs die aktuellste verfügbare, hinreichend differenzierte Statistik war.

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

Anders als bei bundesweiten, nicht altersspezifischen Darstellungen werden bei Darstellungen nach Bundesland Inzidenzen statt Fallzahlen verwendet. Dadurch wird nicht nur die Vergleichbarkeit zwischen den Bundesländern mit ihren unterschiedlich großen Bevölkerungszahlen gewährleistet, sondern auch dem Umstand Rechnung

getragen, dass sich die Bevölkerungszahlen der einzelnen Bundesländer im Berichtszeitraum unterschiedlich entwickeln können.

Datenstand

Änderungen von Datensätzen ist keine zeitliche Grenze gesetzt, der Zeitpunkt jeder Änderung und der Gültigkeitszeitraum jeder Version eines Falls werden jedoch dokumentiert. Insofern ist jede Darstellung der Daten eine Momentaufnahme, die vom jeweiligen Datenstand abhängig ist. Für die Darstellung der Daten eines Berichtsjahres im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird gewöhnlich der Datenstand 01.03. des Folgejahres verwendet. Im vorliegenden Jahrbuch wurde der Datenstand 01.03.2024 genutzt (für Malaria, HIV-Infektion und Syphilis 13.05.2024). 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 2023 Fallzahlen für das Jahr 2022 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2024 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 2022 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2022 – mit Datenstand 01.03.2023 – 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

Seit 2022 müssen alle Erregernachweise elektronisch über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS; www.rki.de/demis) an die Gesundheitsämter gemeldet werden. Seit 2023 ist auch die Meldung von Infektionskrankheiten gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 und 1a IfSG über DEMIS möglich. Die Meldungen werden im Gesundheitsamt verarbeitet und ebenfalls elektronisch an die zuständige Landesbehörde und das RKI 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 253 (67 %) 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 Infektionsschutzmodul 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 (<https://survnet.rki.de>).

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 (<https://wiki.gematik.de/display/DSKB>)
- ▶ Regelmäßige Sprechstunden für Labore und Krankenhäuser
- ▶ Feedback an Meldende zur Datenqualität bei den Meldungen
- ▶ Kostenfreie Software zur Identifizierung der Anschrift des Gesundheitsamtes auf Grundlage der Postleitzahl (PLZ-Tool)

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, sodass die Gesundheitsämter, die SurvNet@RKI verwenden, bereits bei der Dateneingabe auf mögliche Fehler hingewiesen werden. Informationen aus den elektronischen Meldungen werden automatisiert nach definierten Regeln in die Fallinformationen übernommen.

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

- ▶ Informationsbriefe zu wichtigen Themen der Umsetzung des Meldesystems gemäß IfSG
- ▶ 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
- ▶ Kollaborationsplattform Agora, auf der sich zu Infektionsschutzthemen und anderen Themen des ÖGD ausgetauscht werden kann

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

- ▶ Regelmäßige Auswertung der epidemiologischen Daten nach Krankheit, Ort und Zeit sowie seltener Ereignisse wie Tod oder Hinweise auf Impfversagen
- ▶ Einzelfallkontrolle bei seltenen Krankheiten (s. Tab. 2.1.1)
- ▶ Regelmäßiger Austausch mit den zuständigen Landesbehörden

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, sodass 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*. <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Meldewesen/Software/software-node.html>

RKI: *Epidemiologisches Bulletin* (erscheint wöchentlich). <https://www.rki.de/DE/Aktuelles/Publikationen/Epidemiologisches-Bulletin/epidemiologisches-bulletin-node.html>

3.3 Vollständigkeit der Erfassung

Eine häufige Frage bezüglich der Qualität der epidemiologischen Überwachung betrifft die Vollständigkeit, 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 labordiagnostisch 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 labordiagnostische Untersuchung veranlasst wird.
- ▶ Labordiagnostische 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.
- ▶ Andersherum können neu eingeführte Routine-/ Screeninguntersuchungen zu einer erhöhten Detektion von Infektionen führen.

Die genannten Faktoren bleiben vermutlich weitgehend konstant und beeinflussen die Interpretation des Trends epi-

demographischer 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. Teststrategie und -häufigkeit hatten Einfluss auf die Anzahl der diagnostizierten SARS-CoV-2-Infektionen während der COVID-19-Pandemie und danach. Ebenso könnten die Einführung neuer oder die Veränderung alter diagnostischer Testverfahren einen Einfluss auf das Testverhalten haben.

Meldung medizinisch erfasster Erkrankungen und Erregernachweise

Es ist davon auszugehen, dass nicht alle Meldepflichtigen der Meldepflicht nachkommen, sodass ein Teil der ärztlich oder labordiagnostisch erfassten meldepflichtigen Krankheiten oder Erregernachweise nicht Eingang in das Meldesystem findet. Folgende Faktoren beeinflussen unter anderem die Vollständigkeit 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 verpflichtete Personen wirken sich überwiegend auf die Sensitivität des Erfassungssystems aus. Diese ist ein Maß für den Anteil der gemeldeten Fälle an allen vorhandenen Fällen.

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

Übermittlung von Fällen vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde

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

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

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

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

Übermittlung von Fällen von der zuständigen Landesbehörde an das RKI

Fälle, die sich auf Landesebene in der Datenbank befinden, müssen an das RKI übermittelt werden, damit sie bundesweit zusammengefasst und ausgewertet werden können. Der Übermittlungsprozess ist weitgehend automatisiert, so dass davon auszugehen ist, dass der Anteil der bei diesem Vorgang verlorengegangenen Daten vernachlässigbar ist.

Literaturhinweise

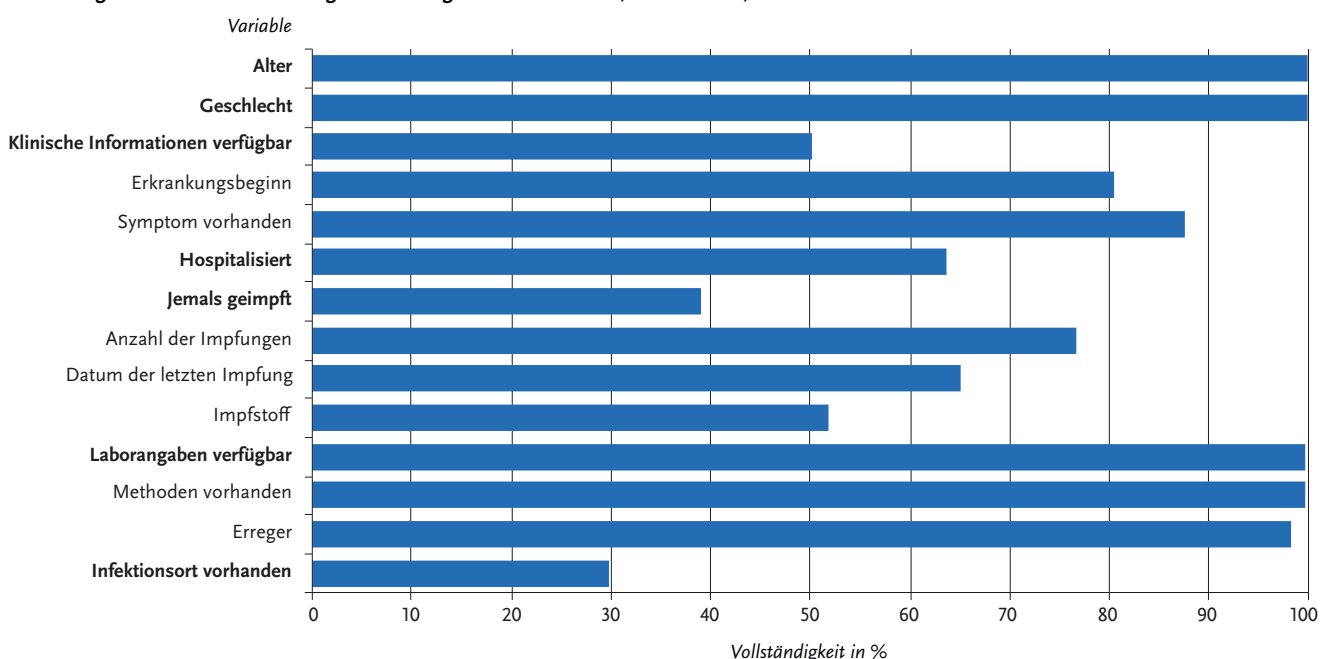
- Biallas R, Zimmermann R, Dudareva S: *Comment on "Population-based screening works: Effect of integrating screening for hepatitis B and C into the general health check-up in Germany"*. J Hepatol. 2024;81(1). <https://doi.org/10.1016/j.jhep.2024.02.013>
- Blümel B, Diercke M, Sagebiel D, Gilsdorf A: *Positive predictive value of the German notification system for infectious diseases: Surveillance data from eight local health departments, Berlin, 2012*. PLoS One 2019;14(2). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212908>
- Diercke M: *Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS)*. Epid Bull 2017;30. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-039>
- 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;18(1). <https://doi.org/10.1186/s12889-018-5971-y>
- 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. <https://doi.org/10.25646/8011>
- von Laer A, Diercke M, an der Heiden M, et al.: *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;148. <https://doi.org/10.1017/S0950268820000242>
- Wilking H, Spitznagel H, Werber D, et al.: *Acute gastrointestinal illness in adults in Germany: a population-based telephone survey*. Epidemiol Infect 2013;141(11). <https://doi.org/10.1017/S0950268813000046>

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 Erreger-eigenschaften und Falldefinitionskategorien nur für einen Teil der Fälle angegeben. Die Vollständigkeit der Datensätze hängt auch von der Vollständigkeit der Angaben in den Meldungen durch die meldenden Personen ab sowie davon, inwieweit die notwendigen Informationen den Gesundheitsämtern bei der Ermittlung zur Verfügung gestellt werden. So sind die Angaben zu Alter und Geschlecht bei nahezu 100 % der Fälle vorhanden. Angaben, die zur Erfüllung der Falldefinition erforderlich sind, wie die Verfügbarkeit von Laborangaben, lagen in nahezu 100 % der Fälle vor. Angaben, die teilweise von den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern ermittelt werden müssen, z. B. Angaben, ob die betroffene Person geimpft ist oder Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsort, lagen in 39 % bzw. 30 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1). Allerdings spiegeln diese Daten aufgrund des hohen Anteils von COVID-19-Fällen an allen Fällen für 2023 vor allem die Datenvollständigkeit bei COVID-19-Fällen wider.

Abb. 3.4.1:
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2023



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 Infektionskrankheiten und Erregernachweise, die die Falldefinition 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 2023 wurden für die namentlich an das Gesundheitsamt gemeldeten 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 1.699.263 Fälle mit hinreichenden Angaben, das sind fast 100 % aller übermittelten Fälle.

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

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

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

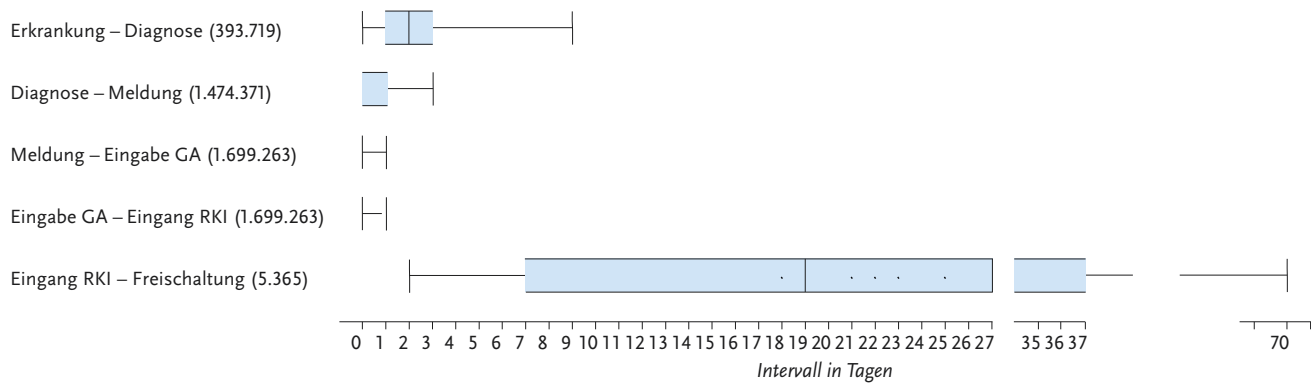
Verzug auf dem Melde- und Übermittlungsweg

Die erste Verzögerung betrifft die Zeitspanne vom Erkrankungsdatum bis zum Diagnosedatum. Sie hängt von Art, Schwere und Verlauf der Erkrankung, vom Verhalten des Erkrankten und von der Art der Diagnosestellung ab und lässt sich demgemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall (Erkrankungsbeginn – Diagnosedatum) konnte bei 393.719 Fällen (23 %) berechnet werden. Im Jahr 2023 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 87 % der im Jahr 2023 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag bei einem Tag.

Der Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt lag im Median bei 0 Tagen und verursachte somit kaum Verzögerungen. 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 5.365 der Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 19 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 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 (s. Abb. 3.5.1).

Abb. 3.5.1:
Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise,
Deutschland, 2023 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



Literaturhinweis

Röbl K, Oedi P, Suwono B, et al.: *Analyse der Datenqualität nach Einführung der elektronischen Erregernachweismeldung über DEMIS.* Epid Bull 2024;23. <https://doi.org/10.25646/12104>

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;12(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187037>

4 Krankheitsübergreifende Auswertung

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

4.1 Inzidenzen

In Abb. 4.1.1 sind die Inzidenzen und Fallzahlen aller meldepflichtigen Krankheiten dargestellt, bei denen im Jahr 2023 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die mit Abstand höchste Inzidenz wies im Jahr 2023 weiterhin die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) mit bundesweit 1.629 Fällen pro 100.000 Einwohnern auf. Die zweithöchste Inzidenz entfiel auf die Influenza (92), diese war damit niedriger als im Vergleich zum Vorjahr (256 Fälle pro 100.000 Einwohner). Zu den häufigsten Krankheiten gehörten des Weiteren Norovirus-Gastroenteritis (64 Erkr./100.000 Einw.), *Campylobacter*-Enteritis (48), Rotavirus-Gastroenteritis (30), Hepatitis B (27) und Windpocken (21). Die Inzidenz für RSV-Infektionen für 2023 betrug, obwohl die Meldepflicht erst Ende Juli 2023 eingeführt wurde, 18 Fälle pro 100.000 Einw. .

4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten

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

Fälle nach Alter

In Abb. 4.2.1 ist die Altersverteilung für ausgewählte meldepflichtige Krankheiten mit über 600 Fällen im Jahr 2023 dargestellt. Die Sortierung erfolgt nach Altersmedian (50. Perzentil; Linien). Zusätzlich sind das 25. und das 75. Perzentil (Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet.

Den geringsten Altersmedian hatten die RSV-Infektion (1 Jahr), die Windpocken (8 Jahre) und die Rotavirus-Gastroenteritis (9 Jahre). Der Median von gastrointestinalen Krankheiten wie der EHEC-Erkrankung, der Norovirus-Gastroenteritis, der Salmonellose und der Kryptosporidiose lag zwischen 28 und 44 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie Gonorrhoe, HIV-Infektion, Hepatitis B und C sowie Syphilis betrafen v. a. Personen mit einem Altersmedian zwischen 32 und 48 Jahren. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren invasive MRSA-Infektionen, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektion, Listeriose und schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung. Hier lag der Altersmedian jeweils bei 71, 74, 74 und 77 Jahren.

Fälle nach Geschlecht

In Abb. 4.2.2 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten ($p < 0,05$) Unterschieden in der Inzidenz bei Männern und Frauen sowie einer Mindestanzahl von 100 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 Mpx, Syphilis, HIV-Infektion und Hepatitis C, aber auch für Diphtherie, Hantavirus-Erkrankung, Legionellose, Malaria, *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und invasive MRSA-Infektionen. Dagegen waren die Inzidenzen von schwer verlaufender *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, COVID-19, Keuchhusten, Kryptosporidiose, EHEC-Erkrankung, Norovirus-Gastroenteritis und Rotavirus-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,

Abb. 4.1.1:

Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2023

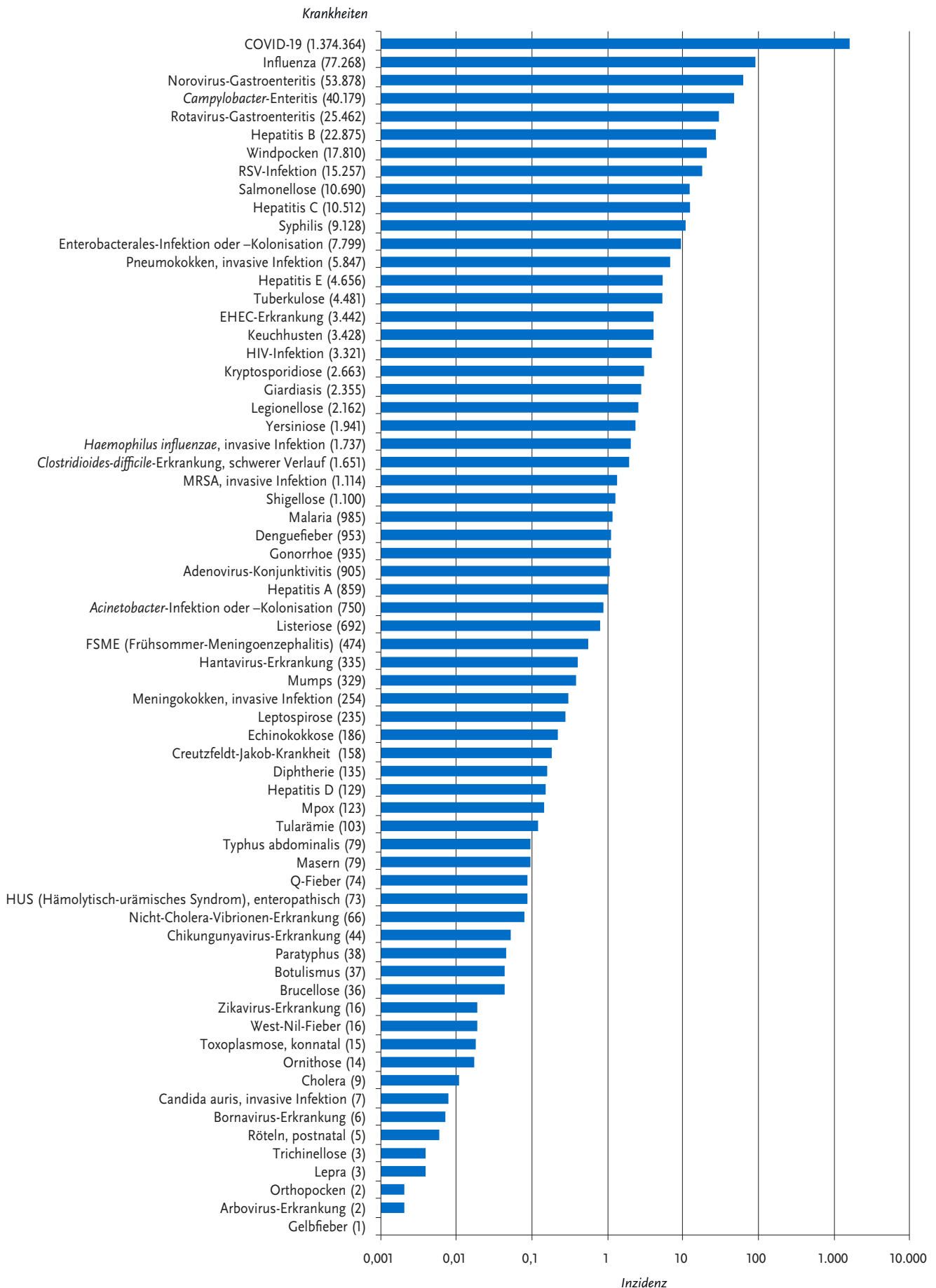


Abb. 4.2.1:
Verteilung des Alters der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2023

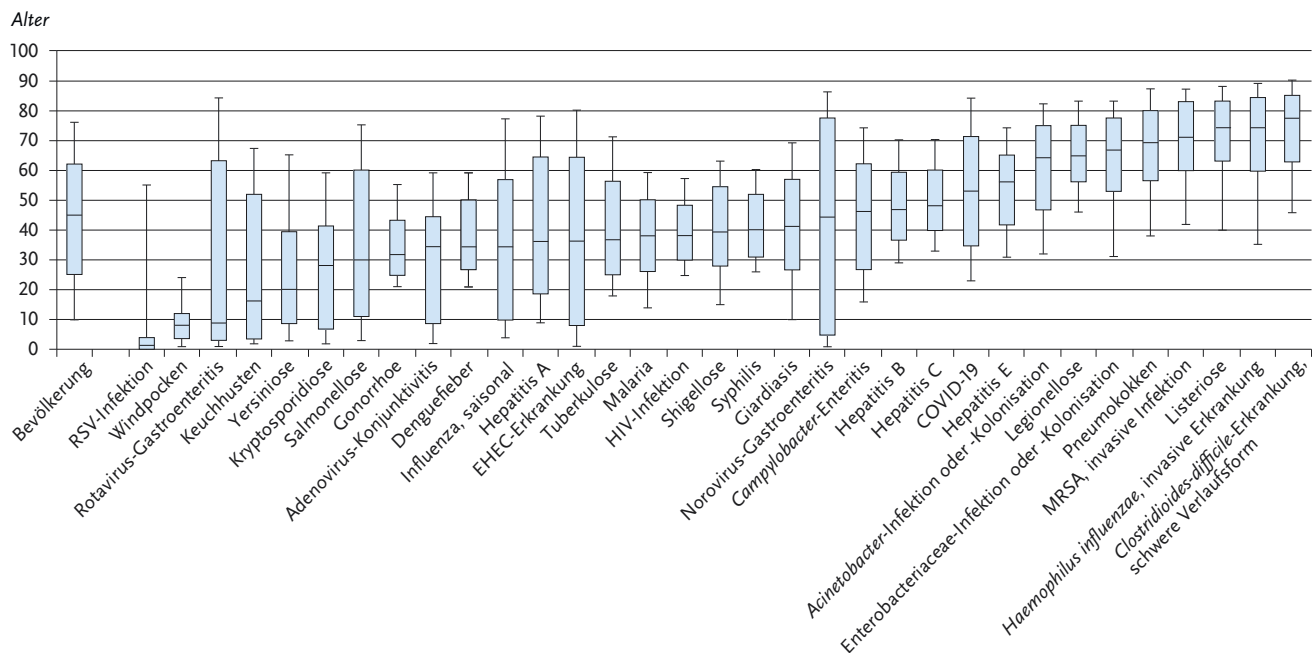


Abb. 4.2.2:
Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2023

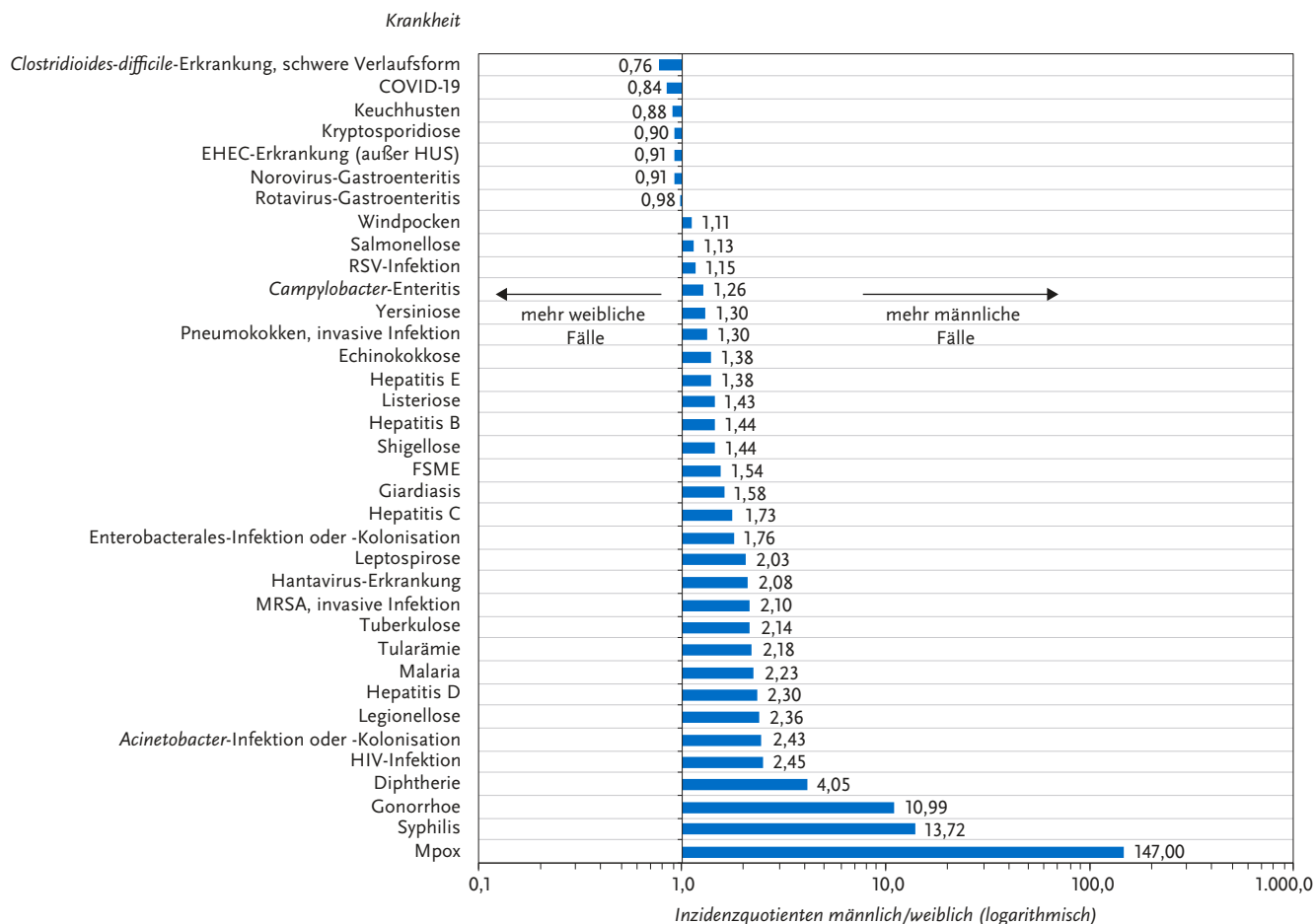
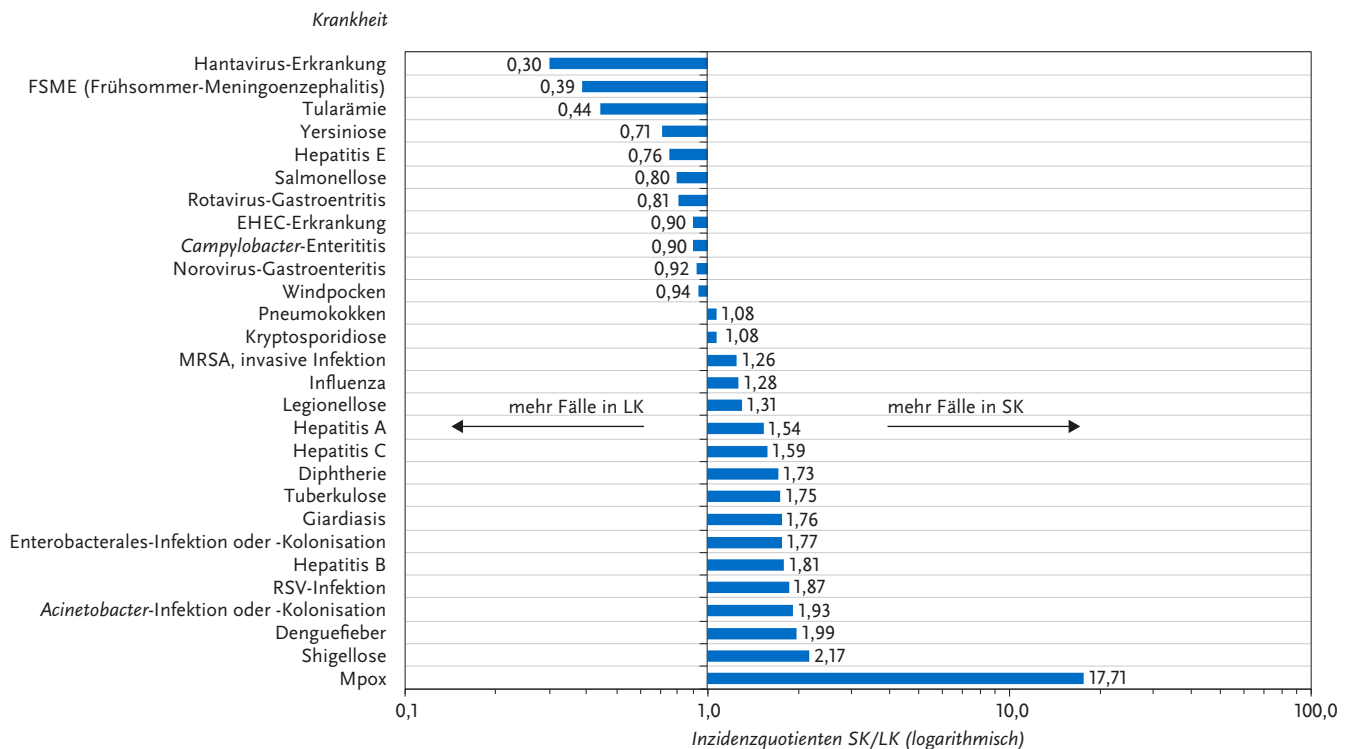


Abb. 4.2.3:
Verhältnis der Inzidenzen in Stadtkreisen (SK) und Landkreisen (LK) (Inzidenzquotient) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Unterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2023



da bei diesen keine exakte Zuordnung zu Kreisen möglich ist (s. Kap. 2.2). In Stadtkreisen wurden höhere Inzidenzen für Mpox sowie für reiseassoziierte Infektionskrankheiten, wie Denguefieber, Shigellose und Giardiasis, und für vorwiegend im Krankenhaus erworbene Infektionen 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 Hantavirus-Erkrankung und FSME sowie bei gastrointestinalen Krankheiten, wie Hepatitis E, Yersiniose, Salmonellose, EHEC-Erkrankung und Norovirus-Gastroenteritis, festgestellt.

4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

Angaben zur Hospitalisierung lagen für 57 % der übermittelten Fälle vor, was jedoch vor allem durch COVID-19 beeinflusst wird. Lässt man COVID-19 weg, dann liegen für 77 % der übermittelten Fälle Angaben zur Hospitalisierung vor. In Tab. 4.3.1 sind die Anzahl und der Anteil der hospitalisierten Fälle von namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2023 dargestellt. Krankheiten wie HIV-Infektion und Syphilis, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden, wurden nicht betrachtet, da bei diesen keine Hospitalisierungsdaten erhoben werden.

Der höchste Anteil hospitalisierter Fälle mit mehr als 95 % wurden für invasive Pneumokokken-Infektion, invasive Meningokokken-Erkrankung, die Legionellose, invasive MRSA-Infektion und die schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung ermittelt. Dies sind jedoch auch die Krankheiten, bei denen die Meldepflicht und die Falldefinitionen auf schwer-verlaufende oder invasive Infektionen fokussieren. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurden bei den Krankheiten mit den höchsten Fallzahlen, also bei COVID-19 (230.841), gefolgt von Norovirus-Gastroenteritis (23.921),

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, 2023

Krankheit	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	1.374.364	716.037	230.841	32	1.331.667	8.385	1
Influenza	77.268	48.317	16.167	33	76.735	219	0
Norovirus-Gastroenteritis	53.878	44.379	23.921	54	53.743	21	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	40.179	34.015	8.095	24	40.114	7	0
Rotavirus-Gastroenteritis	25.462	21.030	11.188	53	25.407	11	0
Hepatitis B	22.875	15.748	1.425	9	22.795	10	0
Windpocken	17.810	14.046	498	4	17.769	1	0
RSV-Infektion	15.257	9.927	5.022	51	15.164	6	0
Salmonellose	10.690	9.356	3.585	38	10.668	21	0
Hepatitis C	10.512	7.125	1.264	18	10.466	5	0
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	7.799	7.024	6.306	90	7.708	54	1
Pneumokokken, invasive Infektion	5.847	5.525	5.281	96	5.786	337	6
Hepatitis E	4.656	4.232	2.039	48	4.643	10	0
Tuberkulose	4.481	3.944	3.419	87	4.429	123	3
EHEC-Erkrankung	3.442	3.109	801	26	3.434	5	0
Keuchhusten	3.428	2.953	182	6	3.425	1	0
Kryptosporidiose	2.663	2.201	260	12	2.658	0	0
Giardiasis	2.355	1.971	312	16	2.346	0	0
Legionellose	2.162	2.125	2.033	96	2.140	113	5
Yersiniose	1.941	1.579	435	28	1.938	0	0
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	1.737	1.666	1.571	94	1.702	88	5
<i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf	1.651	1.607	1.527	95	1.622	338	21
MRSA, invasive Infektion	1.114	1.025	992	97	1.088	64	6
Shigellose	1.100	1.003	181	18	1.100	0	0
Denguefieber	953	843	270	32	952	0	0
Adenovirus-Konjunktivitis	905	588	77	13	903	0	0
Hepatitis A	859	824	538	65	854	1	0
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	750	685	612	89	743	6	1
Listeriose	692	648	611	94	668	58	9
FSME (Frühsommermeningoenzephalitis)	474	464	395	85	473	3	1
Hantavirus-Erkrankung	335	322	246	76	335	0	0
Mumps	329	288	60	21	326	0	0
Meningokokken, invasive Erkrankung	254	250	243	97	253	34	13
Leptospirose	235	227	177	78	234	1	0
CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	158	154	145	94	154	100	65
Diphtherie	135	125	54	43	135	1	1
Hepatitis D	129	96	16	17	129	0	0
Mpox	123	113	2	2	123	0	0
Tularämie	103	91	53	58	103	2	2

Influenza (16.167), Rotavirus-Gastroenteritis (11.188) und *Campylobacter*-Enteritis (8.095) beobachtet. Bei der Interpretation des Anteils der Hospitalisierten sollte berücksichtigt werden, dass weniger schwer verlaufende Erkrankungen im Meldesystem weniger gut erfasst werden, weswegen in den Meldedaten die Gesamtzahl der Fälle unterschätzt, der Anteil schwerer Verlaufsformen aber überschätzt wird.

Todesfälle

Angaben zum Tod zählen zu den melde- und übermittlungspflichtigen Inhalten. Es wird jedoch bei der Ermittlung von Todesfällen und der Bewertung der entsprechenden Informationen in den Gesundheitsämtern unterschiedlich vorgegangen. So kann z. B. nicht immer eindeutig bestimmt werden, ob die gemeldete Infektion oder eine bestehende Vorerkrankung zum Tod geführt hat. Außerdem kann bei einigen Krankheiten eine lange Zeitspanne zwischen Erkrankungsbeginn und Tod liegen, sodass 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, als leichte Krankheitsverläufe gemeldet werden. 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 97 % der übermittelten Fälle vor. In Tab. 4.3.1 sind Anzahl und Anteil der Todesfälle der namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2023 dargestellt. Krankheiten, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden, wie HIV-Infektion und Syphilis, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen im Verlauf nicht erhoben werden kann, ob die Person verstorben ist. Der höchste Anteil Verstorbenen wurde für CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit) (65 %), schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung (21 %), invasive Meningokokken-Erkrankung (13 %), Listeriose (9 %) und invasive MRSA-Infektion (6 %) übermittelt. Bei den zuletzt genannten Krankheiten werden gemäß Meldepflicht bzw. Falldefinition nur die schweren Verläufe im Meldesystem erfasst. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei COVID-19 (8.385) beobachtet, gefolgt von schwer verlaufender *Clostridioides-difficile*-Erkrankung (338), invasiver Pneumokokken-Infektion (337) und Influenza (219).

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. Dies zeigt ihre Zugehörigkeit zu einem Ausbruch an. Zusätzlich können in der Übermittlungssoftware auch Ausbrüche miteinander verknüpft und zusammengefasst werden. So ist es z. B. möglich, dass 2 Ausbrüche, die in verschiedenen Gesundheitsämtern eines Bundeslandes angelegt wurden, auf Landesebene zusammengefasst werden. Diese können dann auf Bundesebene auch mit weiteren Ausbrüchen in anderen Bundesländern verknüpft werden.

Die in diesem Jahrbuch dargestellten Ausbrüche fassen jeweils Fälle zusammen, für die 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, die die Referenzdefinition erfüllen, 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. 6.48) 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 6.48 dargestellt.

5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche

In Tab. 5.1.1 sind jeweils für die unterschiedlichen Krankheiten die Anzahl der übermittelten Ausbrüche, die Gesamtzahl der einem Ausbruch zugehörig übermittelten Fälle, die mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch sowie die maximale einem Ausbruch zugeordnete Fallzahl dargestellt.

Die Krankheiten mit den meisten Fällen verursachten weitestgehend auch 2023 die meisten Ausbrüche. COVID-19-Ausbrüche waren wie im Vorjahr die am häufigsten übermittelten Ausbrüche. Im Vergleich zum Vorjahr wurden vor dem Hintergrund der insgesamt deutlich geringeren COVID-19-Fallzahl auch deutlich weniger COVID-19-Ausbruchsgeschehen mit deutlich geringerer Gesamtfallzahl übermittelt (2023: 7.537 Ausbrüche mit 41.018 darin enthaltenen Fällen; 2022: 105.895 Ausbrüche mit 586.525 darin enthaltenen Fällen).

Die Anzahl der übermittelten Krankheitsausbrüche durch andere Infektionskrankheiten fiel teilweise im Vergleich zum Vorjahr ab und blieb auch in diesem Jahr weiter unter dem Vorpandemieniveau, z. B. Ausbrüche von Influenza

(780 Ausbrüche mit 2.410 Fällen), Rotavirus-Gastroenteritiden (661 Ausbrüche mit 4.610 Fällen) und Ausbrüche von *Campylobacter*-Enteritis (145 Ausbrüche mit 331 Fällen). Für einige Krankheiten stieg die Anzahl der übermittelten Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr an, erreichte aber nicht das Vorpandemieniveau, z. B. Windpocken (1.160 mit 4.787 Fällen) (s. Tab. 5.1.1). Die 2023 übermittelten

COVID-19-Ausbrüche enthielten im Mittel 5 Fälle und waren damit bzgl. der Ausbruchgröße vergleichbar mit Ausbrüchen z. B. durch Legionellen, Shigellen oder Salmonellen (s. Tab. 5.1.1).

Unter Berücksichtigung, dass eine Meldepflicht für RSV-Infektionen erst seit Juli 2023 besteht und somit der Meldezeitraum im Vergleich zu anderen Krankheiten

Tab. 5.1.1:
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere und maximale Anzahl von Fällen in Ausbrüchen für meldepflichtige Krankheiten, Deutschland, 2023

	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Mittlere Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch
COVID-19	7.537	41.018	5	154
Windpocken	1.160	4.787	4	90
Influenza	780	2.410	3	38
Rotavirus-Gastroenteritis	661	4.610	7	82
RSV-Infektion	222	576	3	15
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	145	331	2	6
Salmonellose	132	714	5	47
Keuchhusten	126	416	3	25
Tuberkulose	76	189	2	6
Kryptosporidiose	47	123	3	4
EHEC-Erkrankungen (mit HUS)	46	118	3	9
Hepatitis A	26	90	3	12
Legionellose	18	90	5	37
Shigellose	17	80	5	23
Listeriose	16	54	3	20
Adenovirus-Konjunktivitis	15	40	3	6
Giardiasis	12	33	3	4
Mpox	10	30	3	6
Mumps	10	30	3	6
Masern	9	36	4	15
Yersiniose	8	19	2	4
Diphtherie	6	28	5	8
Botulismus	5	52	10	30
Hepatitis B	4	9	2	3
Hepatitis E	4	8	2	2
Typhus abdominalis	4	11	3	5
Hepatitis C	3	6	2	2
Leptospirose	2	4	2	2
Cholera	2	8	4	5
Pneumokokken	2	4	2	2
Brucellose	1	2	2	2
Meningokokken, invasive Infektion	1	2	2	2
Paratyphus	1	2	2	2
<i>Candida auris</i> , invasive Infektion	1	2	2	2
Summe	11.109	55.932		

deutlich kürzer ist, ist die vergleichsweise hohe Anzahl von übermittelten Ausbrüchen einer RSV-Infektion mit vergleichsweise hoher Gesamtzahl von Fällen, die einem Ausbruch zugeordnet sind (222 Ausbrüche mit 576 enthaltenen Fällen) bemerkenswert. Ausbruchsgeschehen von RSV-Infektionen waren die am fünfthäufigsten übermittelten Ausbruchsgeschehen 2023.

Die hohe Anzahl Fälle im Ausbruch bei Botulismus (5 Ausbrüche mit 52 enthaltenen Fällen) ist auf ein internationales Ausbruchsgeschehen durch iatrogenen Botulismus mit 30 Fällen in Deutschland zurückzuführen. (s. Kap. 6.05).

Durch die integrierte genomisch Surveillance können vermehrt auch Fälle, die über einen längeren Zeitraum auftreten, leichter einem protrahierten Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden, was sich sowohl auf die Größe als auch die Dauer von Ausbruchsgeschehen auswirkt. So konnte wie bereits im Vorjahr ein großes überregionales Salmonellose-Ausbruchsgeschehen mit 47 Fällen erkannt werden (s. Kap. 6.58).

Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer (Median) berechnet. Die Ausbruchsdauer wurde dabei als Zeitdifferenz zwischen dem Erkrankungs- bzw. Diagnosezeitpunkt (bzw. wenn beides nicht vorlag, dem Meldedatum) des frühesten und des spätesten Falls, bei dem ein solches Datum vorlag, definiert und erfasst für Infektionskrankheiten mit den meisten Ausbrüchen mit 5 oder mehr Fällen. Hepatitis A- und Salmonellose-Ausbrüche erstreckten sich im Jahr 2023 dabei über die längsten Zeiträume von im Median 80 Tagen (Hepatitis A) und 79 Tagen (Salmonellose).

5.2 Gruppen von Ausbrüchen

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

Lebensmittelbedingte Ausbrüche

Seit 2004 werden im Rahmen der integrierten Ausbrucherfassung 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 darmpathogene *Yersinia* spp. Im Folgenden werden Ausbrüche durch diese Erreger als **potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche** bezeichnet. Ausbrüche durch darmpathogene Stämme von *E. coli*, die nicht zu EHEC gehören (übermittelt als »sonstige darmpathogene *E. coli*«), werden nicht mehr in die Datenauswertung einbezogen, da Erkrankungen, die durch diese Erreger verursacht werden, seit dem 01.01.2015 nicht mehr übermittlungspflichtig sind.

Im Jahr 2023 wurden 466 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das entsprach einer Zunahme um 25 % im Vergleich zum Vorjahr ($n=373$). Insgesamt traten im Jahr 2023 im Rahmen dieser Ausbrüche 1.645 Erkrankungen auf (s. Tab. 5.2.1). Bei 145 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche um 4 % abgenommen (2022: 151). Bei 132 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Damit ist die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 9 % gestiegen (2022: 121).

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Von den 466 potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüchen (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) wurden 135 (29%; 2022: 41%) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 738 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Von den 135 explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen waren 65 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (48%) mit 541 Fällen und 39 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (29%) mit 93 Fällen verursacht worden. Erstmals seit 2013 ist der Anteil der Ausbrüche durch *Salmonella* spp. an den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wieder höher als der Anteil der Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. Im Zusammenhang mit explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurden 8 Todesfälle übermittelt. 7 Todesfälle wurden durch Listeriose und ein Todesfall wurde durch Salmonellose verursacht (s. Tab. 5.2.1).

Tab. 5.2.1:

Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2023

Erreger		Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
Bakterien	<i>Campylobacter</i> spp.	145	331	39	93	
	<i>Salmonella</i> spp.	132	714	65	541	1
	EHEC*	46	118	8	22	
	<i>Shigella</i> spp.	17	80			
	<i>Listeria monocytogenes</i>	16	54	4	28	7
	<i>Yersinia enterocolitica</i>	8	19	1	2	
	<i>Clostridium botulinum</i>	5	52			
	<i>Salmonella</i> Typhi	4	11	3	9	
	<i>Vibrio cholerae</i>	2	8	1	3	
	<i>Brucella</i> spp.	1	2			
	<i>Salmonella</i> Paratyphi	1	2	1	2	
Viren	Hepatitis-A-Virus	26	90	6	22	
	Hepatitis-E-Virus	4	8	3	6	
Parasiten	<i>Cryptosporidium</i> spp.	47	123	3	7	
	<i>Giardia lamblia</i>	12	33	1	3	
Gesamt		466	1.645	135	738	8

* EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS

Bei 47 Ausbrüchen (35 %) wurden Angaben zum verdächtigten Lebensmittel übermittelt. Unter den insgesamt 56 Angaben zu einem Infektionsvehikel (Mehrfachnennungen möglich) waren die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (27 Nennungen; 48 %), Milch oder Milchprodukte und Ei oder Eiprodukte (jeweils 8; 14 %) am häufigsten. Bei 2 explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel sicher eingegrenzt werden konnte (s. Tab. 5.2.2).

Bei den Salmonellose-Ausbrüchen mit Angaben zum verdächtigten Lebensmittel (34 Nennungen von Lebensmittelkategorien) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (47 %), Ei oder Eiprodukte (21 %) und Gemüse oder Gemüseprodukte (15 %) angegeben. Bei *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen (15 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (53 %) und Milch oder Milchprodukte (20 %) 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 2023 wurden 11 der insgesamt 2.156 Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (0,5 %) 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 11 explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen wurden insgesamt 83 Fälle zugeordnet. Für 4 Ausbrüche lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 5 Nennungen entfielen 2 auf die Kategorie »Verschiedenes, Suppen, Saucen«. Jeweils einmal wurden die Kategorien »Fisch, Meeresfrüchte und entsprechende Produkte«, »Gemüse oder Gemüseprodukte« und »Obst oder Obstprodukte« genannt.

Nosokomiale Ausbrüche

Das Auftreten von 2 oder mehr nosokomialen Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird, ist dem Gesundheitsamt gemäß

Tab. 5.2.2:
Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2023

Lebensmittel	Gesamt	SAL	CAM	EHC	HAV	LIS	CRY	HEV	STY	GIL	SPA	VCH	YEN
Fleisch, Fleischprodukte	27	16	8			2		1					
Milch, Milchprodukte	8	3	3	1		1							
Ei, Eiprodukte	8	7	1										
Gemüse, Gemüseprodukte	6	5	1										
Fisch, Meeresfrüchte	1		1										
Getränke (nicht-Milch)	0												
Zucker, Zuckerprodukte, Schokoladen, Süßigkeiten	0												
Suppen, Saucen	1		1										
Obst, Obstprodukte	2	1							1				
Getreide, Getreideprodukte	1	1											
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	2	1							1				
Gesamt (Nennungen)*	56	34	15	1	0	3	0	1	2	0	0	0	0
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	47	30	11	1		2		1	2				
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	88	35	28	7	6	2	3	2	1	1	1	1	1
Gesamt (explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche)	135	65	39	8	6	4	3	3	3	1	1	1	1

*Mehrfachnennungen möglich

SAL: *Salmonella* spp.

HAV: Hepatitis-A-Virus

HEV: Hepatitis-E-Virus

SPA: *Salmonella* Paratyphi

CAM: *Campylobacter* spp.

LIS: *Listeria monocytogenes*

STY: *Salmonella* Typhi

VCH: *Vibrio cholerae*

EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)

CRY: *Cryptosporidium* spp.

GIL: *Giardia lamblia*

YEN: *Yersinia enterocolitica*

§ 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 Meldetatabstände 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 2023 erfüllten insgesamt 4.763 nosokomiale Ausbrüche mit 39.964 Fällen die oben genannte Definition. Bei 80 Ausbrüchen (1.009 Fälle) wurden keine Informationen zum Erreger übermittelt.

Insgesamt kam es im Jahr 2023 zu einem Rückgang an Übermittlungen nosokomialer Ausbrüche (Anzahl 6.362 im Jahr 2022). Dieser Rückgang ist zum größten Teil auf den Rückgang von nosokomialen COVID-19-Ausbrüchen zurückzuführen.

COVID-19-Ausbrüche

Von den 4.683 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe für das Jahr 2023 wurden 3.644 (78 %) durch SARS-CoV-2 verursacht. Diesen Ausbrüchen wurden insgesamt 29.051 Fälle zugeordnet, darunter 651 Todesfälle. Von den 3.644 Ausbrüchen traten 2.805 (77 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf sowie 495 (14 %) in Alters- oder Pflegeheimen und 344 (9,4 %) in anderen Settings.

Ausbrüche verursacht durch andere Erreger als SARS-CoV-2

Im Jahr 2023 wurden 1.039 nosokomiale Ausbrüche (22 % der Ausbrüche mit Erregerangabe) durch andere Erreger als SARS-CoV-2 verursacht. Von diesen traten 718 (69 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf, während 157 (15 %) in Alters- oder Pflegeheimen auftraten. Bei 880 (85 %) Ausbrüchen wurden virale Erreger, bei 95 (9,1 %) Ausbrüchen bakterielle Erreger, bei 60 (5,8 %) Ausbrüchen Parasiten und bei 3 Ausbrüchen (0,3 %) Pilze nachgewiesen.

Den 1.039 Ausbrüchen wurden 9.904 Fälle zugeordnet, davon 8.853 (89 %) Fälle in Ausbrüchen mit viralen Erregern, 537 (5,4 %) Fälle in Ausbrüchen mit bakteriellen Erregern, 453 (4,6 %) Fälle in Ausbrüchen mit Parasiten und 48 (0,5 %) Fälle in Ausbrüchen mit Pilzen. Es wurden insgesamt 73 Todesfälle übermittelt, davon 35 (48 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger und 35 (48 %) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern (s. Tab. 5.2.3).

Tab. 5.2.3 (Teil 1):

Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2023 (n=4.763)

Erreger		Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche im Setting Krankenhaus (inkl. Reha-Einrichtungen)	Anzahl Ausbrüche im Setting Alters- und Pflegeheime	Anzahl Fälle	Anzahl Fälle im Setting Krankenhaus (inkl. Reha-Einrichtungen)	Anzahl Fälle im Setting Alters- und Pflegeheime
Viren	Influenzavirus	40	38	0	147	143	0
	Norovirus	736	579	115	8017	4.896	2.746
	Respiratorisches Synzytial-Virus	11	9	1	59	54	2
	Rotavirus	45	28	10	379	175	170
	SARS-CoV-2	3.644	2.805	495	29.051	19.925	6.423
	Varicella-Zoster-Virus	28	0	2	163	0	8
	mehrere/sonstige	20	9	0	88	44	0
	Gesamt	4.524	3.468	623	37.904	25.237	9.349
	Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	880	663	128	8.853	5.312	2.926
Bakterien	<i>Acinetobacter</i> spp.	3	3	0	10	10	0
	<i>Bordetella pertussis</i>	1	0	0	2	0	0
	<i>Clostridioides difficile</i>	13	12	1	63	52	11
	<i>Enterococcus</i> spp.	1	0	0	3	0	0
	<i>Escherichia coli</i>	3	2	0	9	6	0
	<i>Klebsiella</i> spp.	9	9	0	73	73	0
	<i>Mycobacterium</i> spp.	2	0	0	10	0	0
	<i>Pseudomonas</i> spp.	1	1	0	8	8	0
	<i>Salmonella</i> spp.	1	0	0	10	0	0
	<i>Staphylococcus</i> spp.	4	4	0	13	13	0
	<i>Streptococcus pyogenes</i>	40	3	0	207	13	0
	mehrere/sonstige	17	12	0	129	117	0
	Gesamt	95	46	1	537	292	11
Parasiten	<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	7	3	0	26	10	0
	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Scabies)	52	2	28	425	12	311
	mehrere/sonstige	1	1	0	2	2	0
	Gesamt	60	6	28	453	24	311
Pilze	<i>Candida auris</i>	3	3	0	48	48	0
	Gesamt	3	3	0	48	48	0
Bakterien + Viren	mehrere/sonstige	1	0	0	13	0	0
Unbekannt	unklar	80	18	28	1.009	127	523
Alle	Gesamt	4.763	3.541	680	39.964	25.728	10.194
	Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	1.119	736	185	10.913	5.803	3.771

Tab. 5.2.3 (Teil2):
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2023 (n = 4.763)

Erreger	Anzahl der Ausbrüche	Minimale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Setting Krankenhaus (inkl. Reha-Einrichtungen)	Anzahl Todesfälle im Setting Alters- und Pflegeheime
Viren						
Influenzavirus	40	2	8	2	2	0
Norovirus	736	2	92	24	21	3
Respiratorisches Synzytial-Virus	11	2	14	4	2	0
Rotavirus	45	2	33	3	2	1
SARS-CoV-2	3.644	2	155	651	528	97
Varicella-Zoster-Virus	28	2	26	0	0	0
mehrere/sonstige	20	2	10	2	2	0
Gesamt	4.524	2	155	686	557	101
Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	880	2	92	35	29	4
Bakterien						
<i>Acinetobacter</i> spp.	3	2	5	1	1	0
<i>Bordetella pertussis</i>	1	2	2	0	0	0
<i>Clostridioides difficile</i>	13	2	11	4	1	3
<i>Enterococcus</i> spp.	1	3	3	3	0	0
<i>Escherichia coli</i>	3	3	3	0	0	0
<i>Klebsiella</i> spp.	9	2	36	7	7	0
<i>Mycobacterium</i> spp.	2	5	5	0	0	0
<i>Pseudomonas</i> spp.	1	8	8	0	0	0
<i>Salmonella</i> spp.	1	10	10	0	0	0
<i>Staphylococcus</i> spp.	4	2	6	1	1	0
<i>Streptococcus pyogenes</i>	40	2	31	0	0	0
mehrere/sonstige	17	2	36	19	18	0
Gesamt	95	2	36	35	28	3
Parasiten						
<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	7	2	6	0	0	0
<i>Sarcoptes scabiei</i> (Scabies)	52	2	39	1	0	1
mehrere/sonstige	1	2	2	0	0	0
Gesamt	60	2	39	1	0	1
Pilze						
<i>Candida auris</i>	3	2	43	2	2	0
Gesamt	3	2	43	2	2	0
Bakterien + Viren						
mehrere/sonstige	1	13	13	0	0	0
Unbekannt						
unklar	80	2	74	0	0	0
Alle						
Gesamt	4.763	2	155	724	587	105
Gesamt (ohne SARS-CoV-2)	1.119	2	92	73	59	8

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 2023: 750
- Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren
- Männer sind mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen
- Meldepflicht besteht sowohl für Infektion als auch für Kolonisation

Kurzbeschreibung

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

Eine Besiedlung (Kolonisation), z. B. der Haut, ist insbesondere im Krankenhaus häufig. Allerdings können *Acinetobacter* spp. eine Vielzahl von Infektionen verursachen, wie beispielsweise beatmungsassoziierte Pneumonien, Harnwegsinfektionen, Haut- und Weichteilinfektionen und katheterassoziierte Blutstrominfektionen (Sepsis). Bei nosokomialen Infektionen spielen *Acinetobacter* spp. daher eine wichtige Rolle. *Acinetobacter* spp. weisen natürlicherweise eine Resistenz gegen eine Vielzahl von Antibiotika auf (intrinsische Resistenz), z. B. gegen Beta-Laktam-Antibiotika wie Penicilline, Cephalosporine

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

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

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

Falldefinition

Seit 2019 umfasst die Falldefinition nicht mehr nur *Acinetobacter*, die zum *A.-baumannii*-Komplex gehören, sondern alle *Acinetobacter* spp. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (n=750). Diese wurden in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter* (n=750) 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).

Tab. 6.1.1:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	207	25 %	187	25 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	384	46 %	332	44 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	235	28 %	231	31 %
alle	826	100 %	750	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	826	100 %	750	100 %

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 750 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 0,9 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (1,0) leicht gesunken.

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 (2,3 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Auch in Hamburg (1,7), Schleswig-Holstein (1,3), Hessen (1,0) und Nordrhein-Westfalen (0,9) lag die Inzidenz über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde aus dem Saarland übermittelt (0,1 Fälle/100.000 Einw.).

Für 368 (49 %) der übermittelten Fälle lag eine Angabe zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Nach Deutschland mit 232 (63 %) Nennungen, wurde die Türkei bei 24 Fällen (7 %) und die Ukraine bei 20 Fällen (5 %) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter *Acinetobacter*-Infektionen und -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen ist in den Altersgruppen ab 60 Jahren stark erhöht (s. Abb. 6.1.2). Die höchste Inzidenz wird in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (2,4 Fälle/100.000 Einw.)

beobachtet. Bei den 60- bis 69-Jährigen liegt sie bei 1,4 Fällen/100.000 Einwohner und bei den über 79-Jährigen bei 1,8 Fällen/100.000 Einwohner. Männer (1,3 Fälle/100.000 Einw.) sind mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen (0,5 Fälle/100.000 Einw.). Auch in absoluten Zahlen waren Erwachsene ab 60 Jahre die am stärksten betroffene Altersgruppe (59 % aller Fälle).

Klinische Aspekte

Für 499 der übermittelten Fälle (67 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 208 Fälle (42 %) wurden als Infektion und 291 Fälle (58 %) als Kolonisation übermittelt.

Für alle 750 Fälle lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor, insgesamt gab es 872 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen in Screening-Abstrichen (321-mal, 37 % der Nennungen), in Wundabstrichen (232-mal, 27 %) sowie in Trachealabstrichen/bronchoalveolärer Lavage (126-mal, 14 %) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 685 Fälle (91 %) vorhanden, davon waren 612 Fälle (89 %) hospitalisiert. Unter 748 Fällen (99,7 %) mit entsprechender Angabe wurden 37 Todesfälle registriert (5 %). Von diesen wurden 6 Fälle (16 %) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

Abb. 6.1.1: Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=750) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2018 bis 2022)

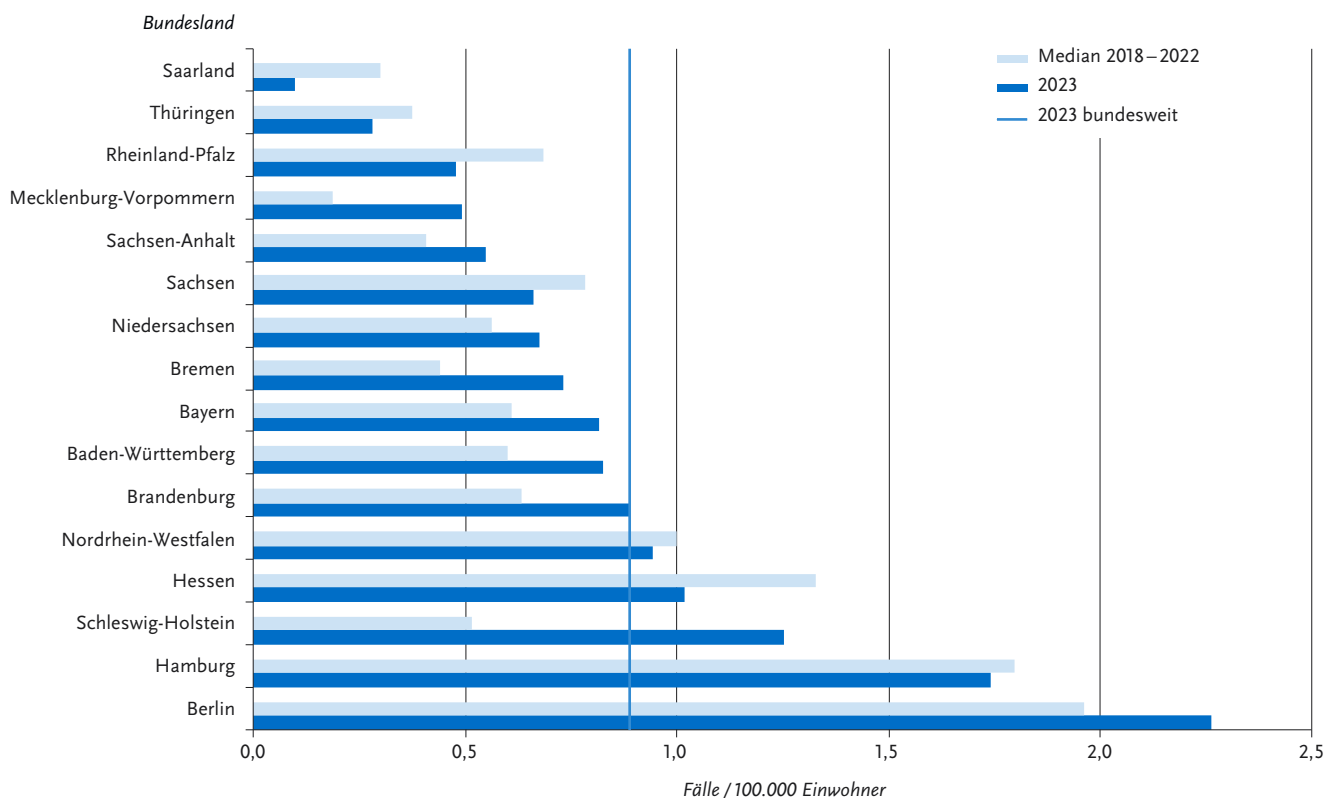
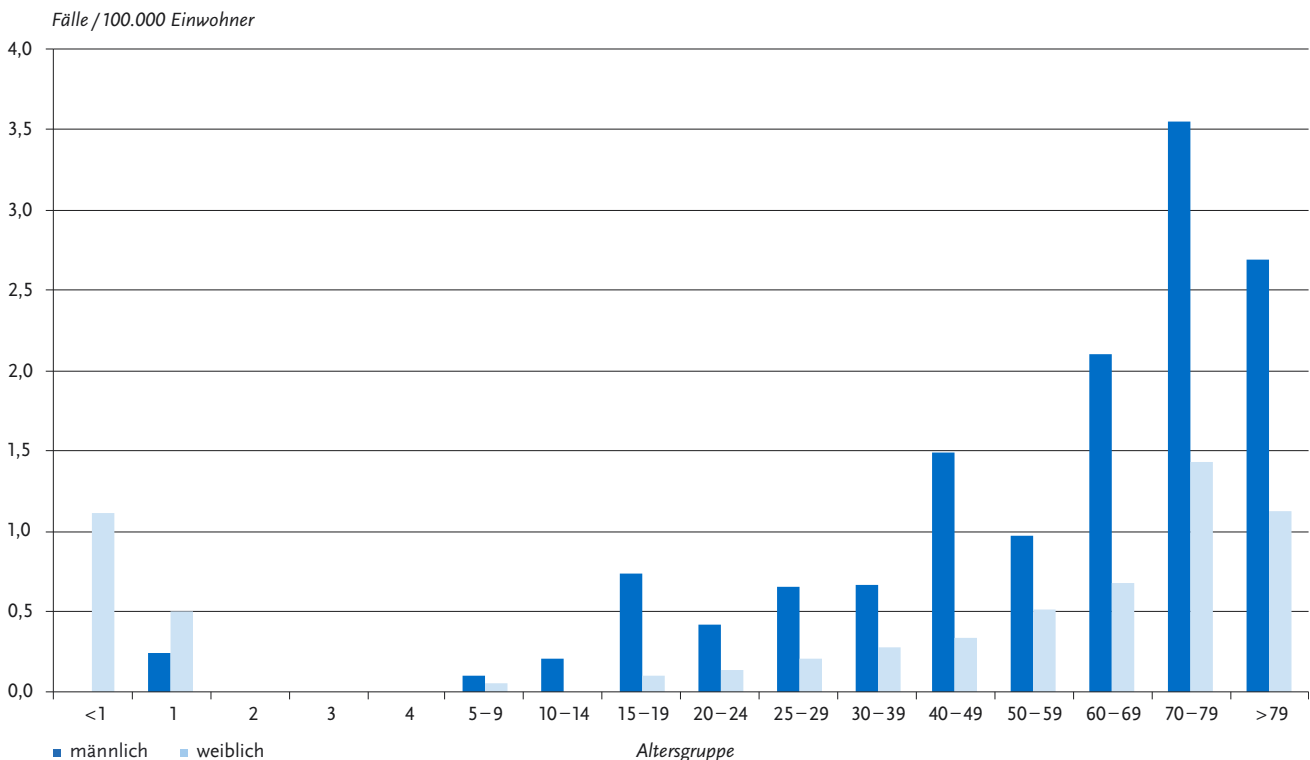


Abb. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 746)



Nachgewiesene Erreger

Für alle 750 (100 %) übermittelten Fälle lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter baumannii* (n = 441; 59 %) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter-baumannii*-Komplex (n = 184; 25 %).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 664 der 750 Fälle (89 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen Ergebnisse der Empfindlichkeitstestung für mindestens ein Carbapenem (Imipenem oder Meropenem) vor. Von 618 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 607 Fälle (98 %) gegen Imipenem und 605 Fälle (98 %) gegen Meropenem vermindert empfindlich. 597 Fälle (97 %) waren gegen beide Carbapeneme vermindert empfindlich.

Tab. 6.1.2:
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Erreger, Deutschland, 2023 (n = 750)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Acinetobacter baumannii</i>	441	58,8 %
<i>Acinetobacter-baumannii</i> -Komplex	184	24,5 %
<i>Acinetobacter</i> spp.	61	8,1 %
<i>Acinetobacter pittii</i>	21	2,8 %
<i>Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus</i> -Komplex	20	2,7 %
<i>Acinetobacter ursingii</i>	9	1,2 %
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	4	0,5 %
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	3	0,4 %
<i>Acinetobacter nosocomialis</i>	2	0,3 %
<i>Acinetobacter dijkshoorniae</i>	2	0,3 %
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	2	0,3 %
<i>Acinetobacter junii</i>	1	0,1 %
Summe	750	100 %

Nachgewiesene Resistenzgene

Für 448 von 750 Fällen (60 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 413 Fällen (92 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) durchgeführt. Mindestens ein Resistenzgen wurde bei 391 Fällen (95 % der getesteten Fälle) nachgewiesen. Die am häufigsten genannten Resistenzgene waren OXA-23 (bei 240 Fällen, 61 %), OXA-72 (60 Fälle, 15 %) und OXA-51 (ISAb1 upstream OXA-51 like) (41 Fälle, 10 %).

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 12 Ausbrüche mit insgesamt 32 Fällen übermittelt. Dem größten Ausbruch wurden 5 Fälle zugeordnet.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2023 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, nahm im Vergleich zum Vorjahr auf 67 % zu. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 60 % 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 fünften 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 2023 zum siebten Mal Daten zu *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante veröffentlicht. Fälle wurden aus allen Bundesländern übermittelt, was für eine gute Akzeptanz der Meldepflicht spricht. Gründe für die regionalen Unterschiede könnten bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein. Nach einem Rückgang in den Jahren 2020 und 2021 übersteigen die Fallzahlen in den Jahren 2022 und 2023 wieder das Niveau der Fallzahlen vor der COVID-19 Pandemie.

Literaturhinweise

- ECDC: *Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) – Annual epidemiological report for 2022*. 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-antimicrobial-resistance-europe-2022>
- Gatermann S, Ziesing S, Einfeld J, et al.: *Entdeckung eines Pseudoausbruchs mit Carbapenem-resistenten Acinetobacter baumannii*. *Epid Bull* 2022;7. <https://doi.org/10.25646/9724>
- Hecht J, Einfeld J, Baum JHJ, et al.: *An Outbreak of Carbapenem-Resistant Acinetobacter baumannii in Multiple Federal States in Germany*. *Dtsch Arztebl Int* 2022;119(29–30). <http://dx.doi.org/10.3238/arztebl.m2022.0196>
- Poku E, Cooper K, Cantrell A, et al.: *Systematic review of time lag between antibiotic use and rise of resistant pathogens among hospitalized adults in Europe*. *JAC-Antimicrob Resist* 2023;5(1). <https://doi.org/10.1093/jacamr/dlad001>
- Rödenbeck M, Ayobami O, Eckmanns T, et al.: *Clinical epidemiology and case fatality due to antimicrobial resistance in Germany: a systematic review and meta-analysis, 1 January 2010 to 31 December 2021*. *Euro Surveill*. 2023;28(20). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.20.2200672>
- 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(1). <https://doi.org/10.1186/s13756-021-00909-8>
- Sandfort M, Hans JB, Fischer MA, et al.: *Increase in NDM-1 and NDM-1/OXA-48-producing Klebsiella pneumoniae in Germany associated with the war in Ukraine, 2022*. *Euro Surveill* 2022;27(50). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.50.2200926>
- Schlosser B, Weikert B, Fucini GB, et al.: *Risk factors for transmission of carbapenem-resistant Acinetobacter baumannii in outbreak situations: results of a case-control study*. *BMC Infect Dis*. 2024;24(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-024-09015-7>
- Pfennigwerth N, Cremanns M, Einfeld J: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger – Zeitraum 1. Januar 2022 bis 31. Dezember 2022*. *Epid Bull* 2023;27. <https://doi.org/10.25646/11589>
- 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;11(1). <https://doi.org/10.1186/s13756-021-01045-z>
- WHO: *Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS) Report: 2022*. 2022. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702>

6.2 Adenovirus-Konjunktivitis



- Fälle nach Referenzdefinition: **905**
- Nach niedrigem Niveau in den Jahren 2020/21 und leichtem Anstieg 2022 deutlicher Anstieg der Erkrankungen und höchste Anzahl seit 2014
- Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und bei Erwachsenen im Alter von 30 bis 39 Jahren

Kurzbeschreibung

Adenoviren verursachen beim Menschen eine Reihe von Krankheitsbildern und lassen sich aus verschiedenen Materialien nachweisen. Die Meldepflicht gemäß IfSG beschränkt sich auf den Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich des Auges. Damit wird die Anzahl der epidemischen Keratokonjunktivitis, einer hoch ansteckenden Augenentzündung, erfasst. Diese wird durch direkten Kontakt und Tröpfcheninfektion von Mensch zu Mensch übertragen, kann aber

auch durch indirekten Kontakt, z. B. über verunreinigte Instrumente in Arztpraxen und Krankenhäusern, übertragen werden. Auch andere, weniger schwere Adenovirus-Konjunktividen (pharyngokonjunktivales Fieber, 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).

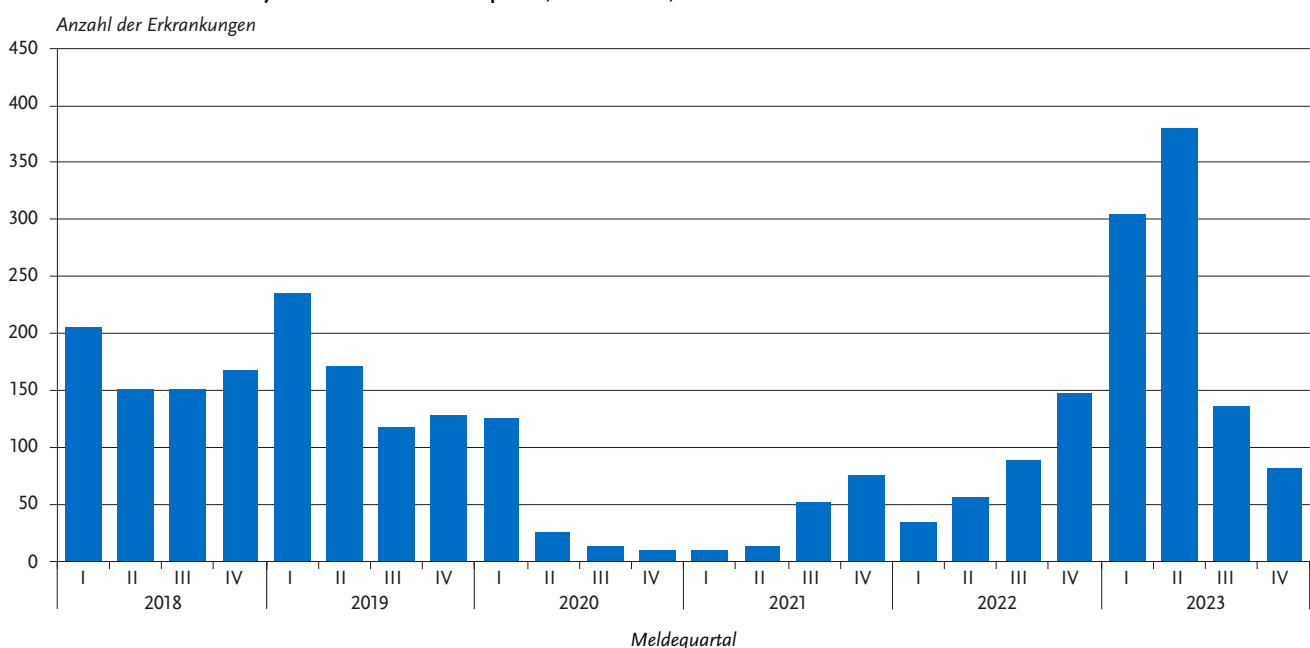
Zeitlicher Verlauf

Mit 905 Erkrankungen ist die Anzahl der dem Robert Koch-Institut übermittelten Adenovirus-Konjunktividen im Jahr 2023 im Vergleich zum Vorjahr deutlich angestiegen. Insbesondere im I. und II. Quartal 2023 war die Anzahl der übermittelten Fälle mit über 300 Fällen sehr hoch, in Quartal III und VI war die Anzahl wieder vergleichbar mit präpandemischen Fallzahlen (s. Abb. 6.2.1). Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Tab. 6.2.1:
Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	1 %	11	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	325	84 %	894	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	14	4 %	31	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	46	12 %	199	18 %
alle	388	100 %	1135	100 %
Referenzdefinition (B+C)	328	85 %	905	80 %

Abb. 6.2.1:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023



Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden im Jahr 2023 aus allen Bundesländern mit Ausnahme von Bremen übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Sachsen (4,6 Erkr./100.000 Einw.) und Sachsen-Anhalt (3,8 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2).

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchste Inzidenz wurde für einjährige Kinder (7,2 Erkr./100.000 Einw.) ermittelt, wobei Jungen ebenso häufig betroffen waren wie Mädchen. Relativ häufig betroffen waren auch Erwachsene im Alter von 30 bis 39 Jahren (s. Abb. 6.2.3).

Abb. 6.2.2:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=905) im Vergleich mit den Vorjahren

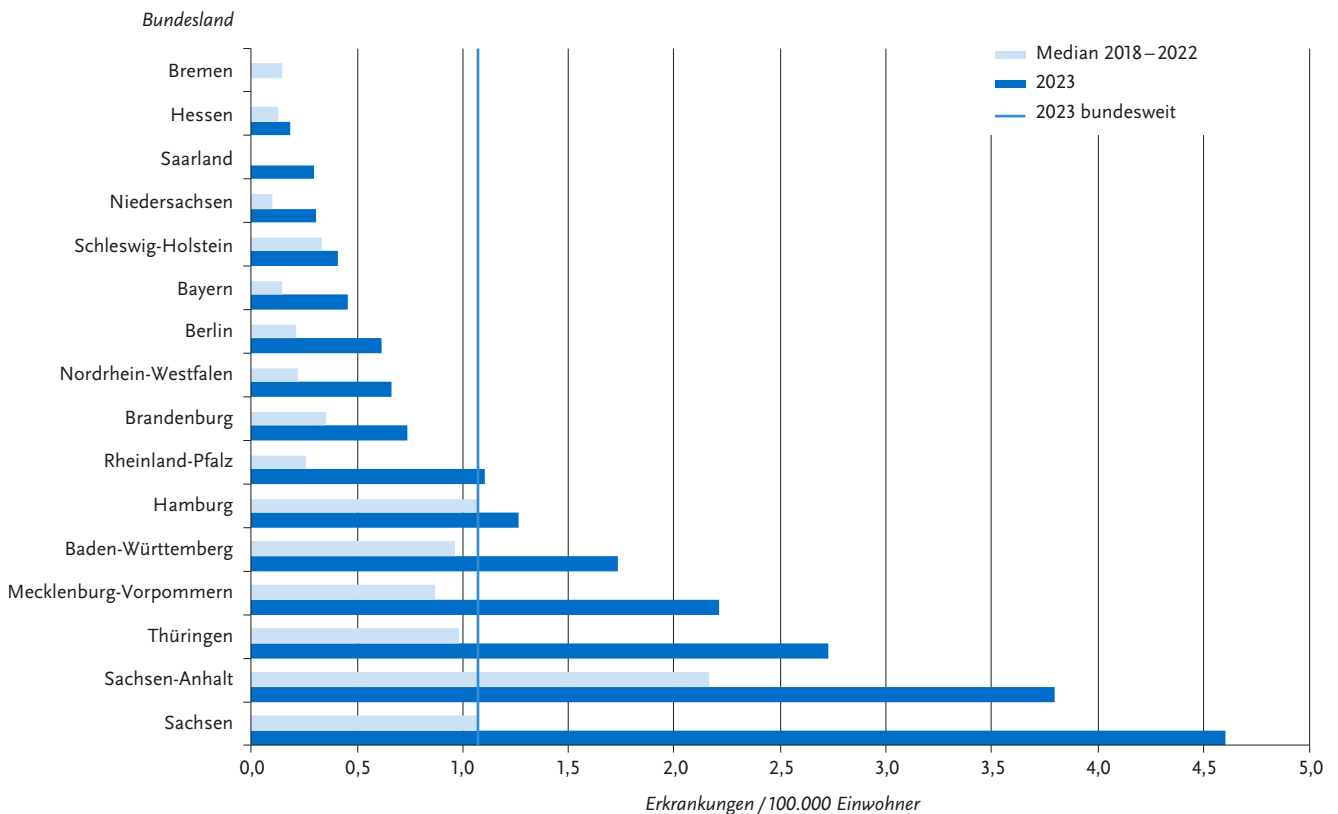
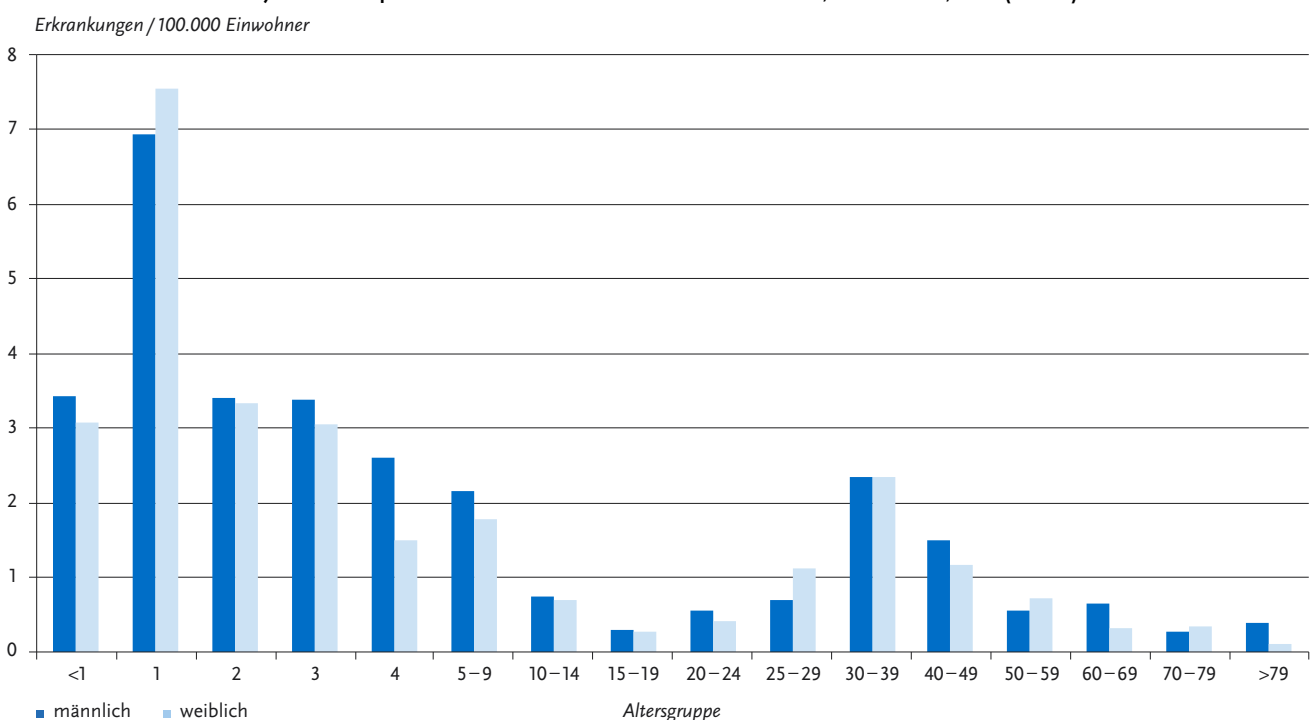


Abb. 6.2.3:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=904)



Tab. 6.2.2:
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktivitiden, Deutschland, 2022 und 2023

	2022		2023	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	7	15	13	29
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	4	32	2	11
Alle Ausbrüche	11	47	15	40

Klinische Aspekte

Adenoviren können eine Vielzahl von Infektionserkrankungen verursachen. Bei 37 Fällen wurden zusätzlich Infektionen des Respirationstraktes oder des Gastrointestinaltraktes angegeben. Für alle übermittelten Fälle wurde Rötung der Bindehaut und für 460 Fälle zusätzlich Schwellung der Bindehaut angegeben.

Nachgewiesene Erreger

Bei 6 Fällen wurde Adenovirus Typ 8, bei 3 Fällen Typ 3 angegeben.

Ausbrüche

Neben den sporadischen Fällen und den Fällen in Ausbrüchen mit weniger als 5 Fällen wurden 2 größere Ausbrüche mit insgesamt nur 11 Fällen ermittelt. (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-Konjunktivitiden auszugehen. Ausbrüche, in denen kein Fall einen labordiagnostischen Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich hat, werden trotz typischen klinischen Bildes (Rötung der Bindehaut) und vermuteten epidemiologischen Zusammenhangs nicht im Jahrbuch und in den wöchentlichen Berichten im Epidemiologischen Bulletin aufgeführt. Bei Ausbrüchen sollte daher die Diagnose für mindestens einen Fall durch eine Laboruntersuchung abgesichert werden. Diese Untersuchungen können auch durch die zuständigen Gesundheitsämter veranlasst werden. Sofern die Zugehörigkeit von Fällen zu einem Ausbruch epidemiologisch nicht eindeutig geklärt ist, kann das Konsiliarlabor für Adenoviren diese Frage durch Typisierung und weitere Charakterisierung der Erreger im Labor prüfen. In begründeten Fällen ist diese Untersuchung für den Einsender kostenfrei.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen stieg im ersten Halbjahr 2023 mit 685 Erkrankungen sehr deutlich an und erreichte im IV. Quartal ein niedrigeres Niveau als vor der COVID-19-Pandemie. Es ist unklar warum es zu solch einem

deutlichen Anstieg, der bereits im Jahr 2022 begann, in der ersten Jahreshälfte kam, evtl. sind dies Entwicklungen, die auf die Pandemie zurückzuführen sind. Niemals zuvor wurden mit Quartal IV in 2022 solch herausragende Quartale gesehen. Erfreulich ist, dass es nach den Meldedaten nicht zu größeren Ausbrüchen gekommen ist. Die weitere Entwicklung muss eng verfolgt werden. Entscheidend bleibt weiterhin, Infektionen frühzeitig zu erkennen und durch Hygienemaßnahmen größere Ausbrüche zu verhindern.

Literaturhinweise

- Gonzalez C, Yawata N, Aoki K, Kitaichi N: *Challenges in management of epidemic keratoconjunctivitis with emerging recombinant human adenoviruses*. J Clin Virol 2019;112. <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;7. <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;108(27). <https://doi.org/10.3238/arztebl.2011.0475>
- Martin C, Löw U, Quintin A, et al.: *Epidemic keratoconjunctivitis: efficacy of outbreak management*. Arch Clin Exp Ophthalmol 2022;260(1). <https://doi.org/10.1007/s00417-021-05344-4>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2010. www.rki.de/ratgeber

6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 2
- ▶ Eine autochthone symptomatische USUV-Infektion
- ▶ Ein Fall von Sandfliegenfieber aus Italien
- ▶ Für häufige Arboviren, siehe deren eigene Kapitel

Kurzbeschreibung

Arboviren (Akronym des englischen »arthropod-borne viruses«) sind Viren, die durch Gliederfüßer wie z. B. Mücken oder Zecken übertragen werden. Seit Mai 2016 sind gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung alle Labornachweise von Arboviren meldepflichtig, wenn ihr Nachweis auf eine akute Infektion beim Menschen hinweisen. Unter den vielen verschiedenen Arboviren gibt es auch zahlreiche humanpathogene. Für Chikungunya-, Dengue-, FSME-, West-Nil- und Zikavirus existieren eigene Übermittlungskategorien, die in den jeweiligen Kapiteln beschrieben werden (s. Kap. 6.8, 6.13, 6.19, 6.68, 6.71). Arbovirus-Erkrankungen mit möglichem hämorrhagischem Verlauf (z. B. Gelbfieber, Krim-Kongo-Fieber, Rift-Valley-Fieber) sind im Kapitel »Virale Hämorrhagische Fieber« (s. Kap. 6.67) untergebracht. In der Kategorie »Arbovirus-Erkrankung« werden alle übrigen übermittelten Erkrankungen beschrieben.

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

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

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

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

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden in Deutschland 2 Infektionen mit sonstigen Arboviren übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Es handelte sich um einen Fall von Sandfliegenfieber (Erreger nicht näher spezifiziert) bei einem Mann nach Aufenthalt in Norditalien, sowie einen Fall von symptomatischer Usutuvirus-Infektion bei einer Frau in Brandenburg.

Nicht die Referenzdefinition erfüllte eine weitere autochthone Usutuvirus-Infektion bei einem asymptomatischen Blutspender (2021: 2 und 2022: 7 asymptomatische Usutuvirus-Infektionen).

Fazit

Meist asymptomatische Infektionen mit dem Usutuvirus werden jedes Jahr aus verschiedenen Regionen Deutschlands und reiseassoziiert berichtet. In den letzten Jahren wurden vereinzelt auch Infektionen mit Sandfliegenfieber-Viren übermittelt, meist nach Italienaufenthalten.

Literaturhinweise

- Dersch R, Sophocleous A, Cadar D, et al.: *Toscana virus encephalitis in Southwest Germany: a retrospective study*. BMC Neurology 2021;21(1). <https://doi.org/10.1186/s12883-021-02528-7>
- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. Epid Bull 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- Sigfrid L, Reusken C, Eckerle I, et al.: *Preparing clinicians for (re-)emerging arbovirus infectious diseases in Europe*. Clin Microbiol Infect 2018;24(3). <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(11). <https://doi.org/10.1007/s00105-018-4251-1>
- Tappe D, Pérez-Girón JV, Gómez-Medina S, et al.: *Increased proinflammatory cytokine levels in prolonged arthralgia in Ross River virus infection*. Emerg Infect Dis 2017;23(4). <https://doi.org/10.3201/eid2304.160466>
- Ziegler U, Bergmann F, Fischer D, et al.: *Spread of West Nile Virus and Usutu Virus in the German bird population, 2019 – 2020*. Microorganisms 2022;10(4). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040807>

6.4 Bornavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023:
 - **BoDV-1:** 6 Fälle, davon einer fälschlich als PCR-bestätigt übermittelt
 - **VSBV-1:** 0 Fälle
- ▶ Bekannte Reservoirtiere Feldspitzmaus (BoDV-1) bzw. exotische Hörnchen (VSBV-1)
- ▶ Direkter Erregernachweis gemäß § 7 IfSG seit 01.03.2020 meldepflichtig
- ▶ Sehr seltene Erkrankung mit klinischem Bild der fulminanten Enzephalitis, sehr hohe Letalität

Kurzbeschreibung

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

BoDV-1 ist schon seit Langem als Erreger von Enzephalitiden vor allem bei Pferden und Schafen bekannt. Im Jahr 2018 wurde das Virus erstmalig als Auslöser von viralen Meningoenzephalitiden beim Menschen nachgewiesen. In der Folge kam es zu weiteren, meist retrospektiven Nachweisen bei Patientinnen und Patienten mit Meningoenzephalitiden in Deutschland. Die Erkrankungsjahre gehen bis 1992 zurück. Eine Infektion mit BoDV-1 verläuft fulminant mit u. a. Fieber, Kopfschmerzen, neurologischen Symptomen und führt innerhalb weniger Tage oder Wochen zum Koma und meistens zum Tod. Eine kausale Therapie ist nicht bekannt. Bereits vor einiger Zeit konnte die Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon*) als Virusreservoir identifiziert werden. Sie scheidet das Virus in Urin, Kot und Speichel aus. Wie sich der Mensch infiziert oder mit den Ausscheidungen der Feldspitzmaus in Kontakt kommt, ist unklar.

Aktuell sind über 50 molekular-bestätigte Fälle in wissenschaftlichen Veröffentlichungen beschrieben oder dem RKI mitgeteilt worden, wobei alle bis auf einen tödlich verliefen. Zudem sind dem RKI vereinzelte, nur durch serologische Diagnose identifizierte Fälle mit dem klinischen Bild einer Enzephalitis bekannt. Die große Mehrheit der Fälle (mit direktem und indirektem Erregernachweis) hatte ihren Wohnort in Bayern, 4 Fälle in Brandenburg, jeweils ein Fall in Sachsen-Anhalt, Niedersachsen, Thüringen und Nordrhein-Westfalen. Bei den bekannten Fällen ist das Geschlechterverhältnis ausgeglichen und es sind alle Altersgruppen ab dem 6. Lebensjahr betroffen. Infektionen erscheinen besonders im Kontext von sehr ländlichen Wohngebieten vorzukommen, weitere Risiken (neben ländlichem Wohnsitz), Infektionswege oder Transmissions-events (wie z. B. Tierbiss) konnten bisher nicht identifiziert werden. Es wird von 5–10 bundesweiten Neuerkrankungen ausgegangen.

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 weiterhin insgesamt 5 PCR-bestätigte, ein serologischer Verdachtsfall und 2 weitere humane Fälle, letztere mit dem klinischen Bild einer Enzephalitis und epidemiologischem Zusammenhang. Drei PCR-bestätigte Fälle aus den Jahren 2012 und 2013 wurden als Meldefall an das RKI übermittelt. Alle Fälle traten in Deutschland auf und sind, mit Ausnahme des Falles mit nur serologischem Nachweis, verstorben. Es wird davon ausgegangen, dass das Virus durch Bisse oder Kratzer vom Hörnchen auf den Menschen übertragen wird. In Hörnchen-Haltungen wurde in der Vergangenheit vermehrt auf VSBV-1 getestet und positiv getestete wurden Tiere entnommen. Nachweise in Tieren kamen im Jahr 2023 nicht vor, 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. Vereinzelt wurden auch schon vor Einführung der gesetzlichen Meldepflicht Fälle von BoDV-1 und VSBV-1 an das RKI übermittelt. Aufgrund aktiver Fallsuche in Gewebebänken etc. wurden neben aktuellen Fällen auch solche der jüngeren Vergangenheit (retrospektiv) diagnostiziert und gemeldet. Bis zur Einführung einer eigenen Meldekategorie im Laufe des Jahres 2023 wurden die Fälle dem RKI in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheit« oder in der Kategorie »Meningoenzephalitis« übermittelt. Seitdem ist auch die formelle Übermittlungsfalldefinition in Kraft.

BoDV-1

Im Jahr 2023 wurden 6 molekular-bestätigte Fälle an das RKI übermittelt. Für einen der Fälle ist jedoch bekannt, dass die Übermittlung fehlerhaft ist, da nur eine serologische Diagnose vorliegt. Die Fallzahl entspricht den zu erwartenden inzidenten Fällen pro Jahr. Von den 5 PCR-bestätigten Fällen hatten 3 ihren Wohnsitz in Bayern, 2 in Brandenburg.

Es handelte sich um 4 Frauen und einen Mann im Alter von 39 bis 70 Jahren (Median: 60 Jahre); der Erkrankungsbeginn eines Falles lag bereits im Vorjahr. Alle Fälle waren an einer Enzephalitis erkrankt und sind verstorben.

VSBV-1

Im Jahr 2023 wurden, wie auch schon in den Vorjahren, keine Fälle von VSBV-1 übermittelt.

Fazit

Nach Einführung der Meldepflicht im Jahr 2020 kam es in den letzten Jahren vermehrt zu Nachmeldungen bereits erkrankter diagnostizierter BoDV-1 Fälle auf der einen Seite sowie zu retrospektiven Diagnosen aufgrund von aktiver Fallsuche in archiviertem Material auf der anderen Seite. Die Meldejahre entsprachen daher bisher in der Regel nicht den Erkrankungsjahren. Es ist davon auszugehen, dass dieser Effekt in den kommenden Jahren nachlassen wird und 5–10 inzidente BoDV-1 Fälle pro Jahr auftreten, mit einem Schwerpunkt im ländlichen Bayern. VSBV-1 Fälle konnten nicht identifiziert werden. Bornavirus-Infektionen sind daher sehr selten. Von inapparenten oder milde verlaufenden Infektionen ist nicht auszugehen.

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;11(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.2007737>
- 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;20(4). [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(19\)30546-8](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(19)30546-8)
- Pörtner K, Wilking H, Frank C, et al.: *Risk Factors for Borna Disease Virus 1 Encephalitis in Germany – a Case-Control Study*. Emerg Microbes Infect 2023;12(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2023.2174778>
- Pörtner K, Wilking H, Frank C, et al.: *Clinical analysis of Bornavirus Encephalitis cases demonstrates a small time window for Etiological Diagnostics and treatment attempts, a large case series from Germany 1996 – 2022*. Infection 2024. <https://doi.org/10.1007/s15010-024-02337-3>
- Pörtner K, Frank C, Schmidt-Chanasit J, et al.: *Bornavirus-Infektionen: Hohe Letalität durch fulminante Meningoenzephalitiden*. Dtsch Arztebl 2019;50.
- RKI: *Informationen zur Vermeidung von Infektionen mit dem Borna Disease Virus*. 2019. www.rki.de/bornavirus
- 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(14). <https://doi.org/10.1056/NEJMc1803115>
- 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>

6.5 Botulismus



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 37
- ▶ 30 Fälle in Ausbruch von iatrogenem Botulismus nach Behandlungen mit Botulinumneurotoxin in der Türkei
- ▶ 5 Fälle Lebensmittelbotulismus
- ▶ 2 Fälle Säuglingsbotulismus
- ▶ Kein Fall von Wundbotulismus

Kurzbeschreibung

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

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden 37 Botulismus-Erkrankungen übermittelt (2022: eine Erkrankung, 2021: 6 Erkrankungen, 2020: 3 Erkrankungen, 2019: 8 Erkrankungen) (s. Abb. 6.5.1). Bei der Mehrzahl handelte es sich um 30 Fälle von iatrogenem Botulismus in Folge von intragastrischen Behandlungen mit Botulinum-Neurotoxin (gegen Übergewicht) in der Türkei – Bestandteil eines internationalen Ausbruchsgeschehens. Iatrogen Botulismus wurde 2023 erstmalig in Deutschland gemeldet und labordiagnostisch bestätigt. In Deutschland betroffen waren 21 Frauen und 9 Männer im Alter von 20 bis 52 Jahren (Median 36,5 Jahre).

Es gab 5 Fälle von Lebensmittelbotulismus (3 Männer und 2 Frauen, 2 Fälle mit Toxintyp E assoziiert mit Verzehr von jeweils überlagerten kommerziellen Fischprodukten, 3 Fälle gemäß Toxintyp B vermutlich mit Fleischprodukten, einer der Fälle war reiseassoziiert ebenfalls nach Aufenthalt in der Türkei) und 2 Fälle von Säuglingsbotulismus (beide Toxintyp B, Expositionen unklar).

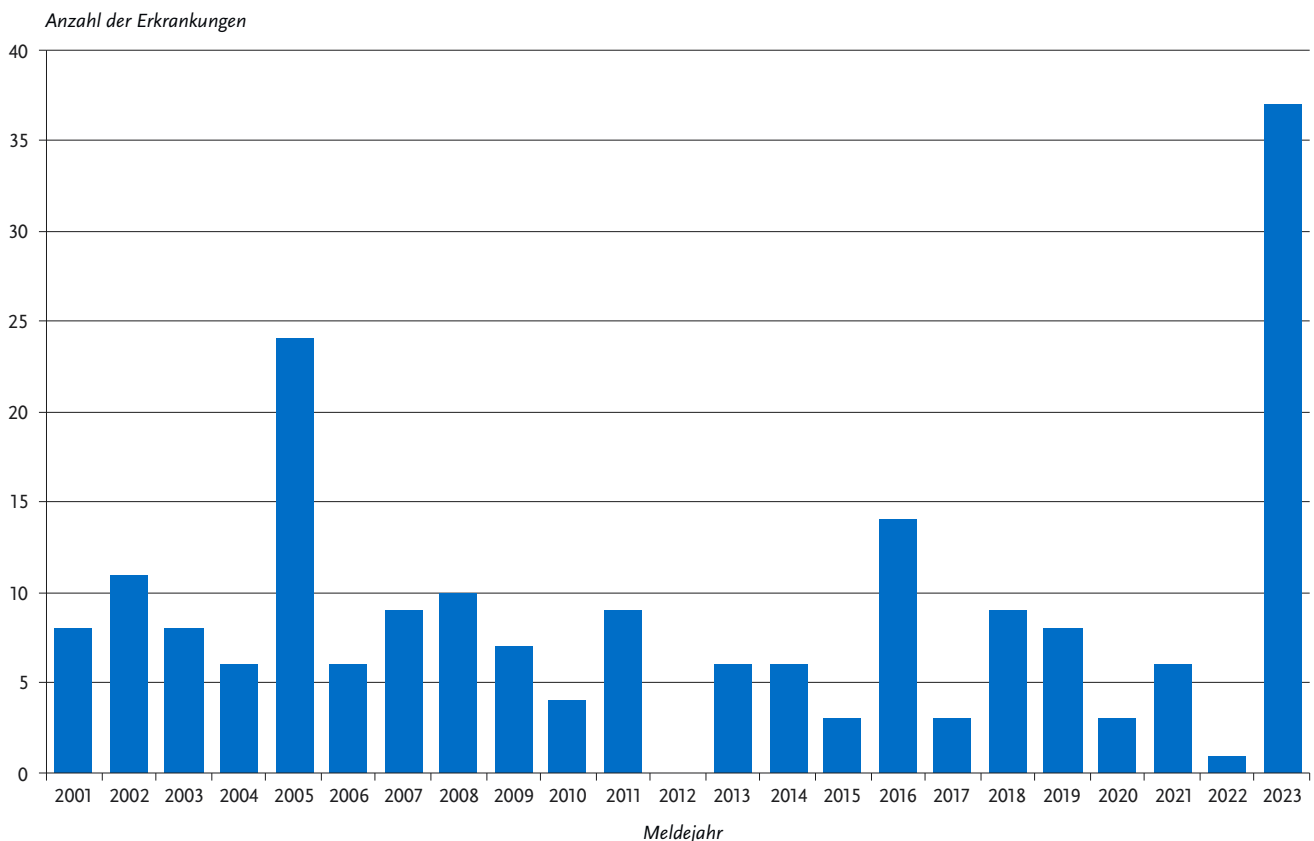
Keine der Personen sind als verstorben übermittelt.

Zieht man den ungewöhnlichen Ausbruch mit intragastrischen Behandlungen ab, liegen die 7 Fälle Lebensmittel- und Säuglingsbotulismus im Rahmen der Vorjahre (1 bis 14 Fälle in den 10 Vorjahren, im Median 6).

Fazit

Botulismus bleibt eine seltene Erkrankung in Deutschland. Neben Lebensmittel-, Säuglings- und gelegentlich Wundbotulismus werden seit 2023 auch Fälle von iatrogenem Botulismus gemeldet und können teilweise trotz der extrem kleinen Toxindosen labordiagnostisch gesichert werden.

Abb. 6.5.1:
Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



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(4). <https://doi.org/10.1111/jpc.13496>
- Dorner MB, Wilking H, Skiba M, Wilk L, Steinberg M, Worbs S, et al. *A large travel-associated outbreak of iatrogenic botulism in four European countries following intragastric botulinum neurotoxin injections for weight reduction, Türkiye, February to March 2023*. Euro Surveill. 2023;28(23). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.23.2300203>
- ECDC/EFSA: *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
- Hendrickx D, Varela Martínez C, Contzen M, et al.: *First cross-border outbreak of foodborne botulism in the European Union associated with the consumption of commercial dried roach (Rutilus rutilus)*. Front Public Health 2023;10. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.1039770>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2021. www.rki.de/ratgeber

6.6 Brucellose

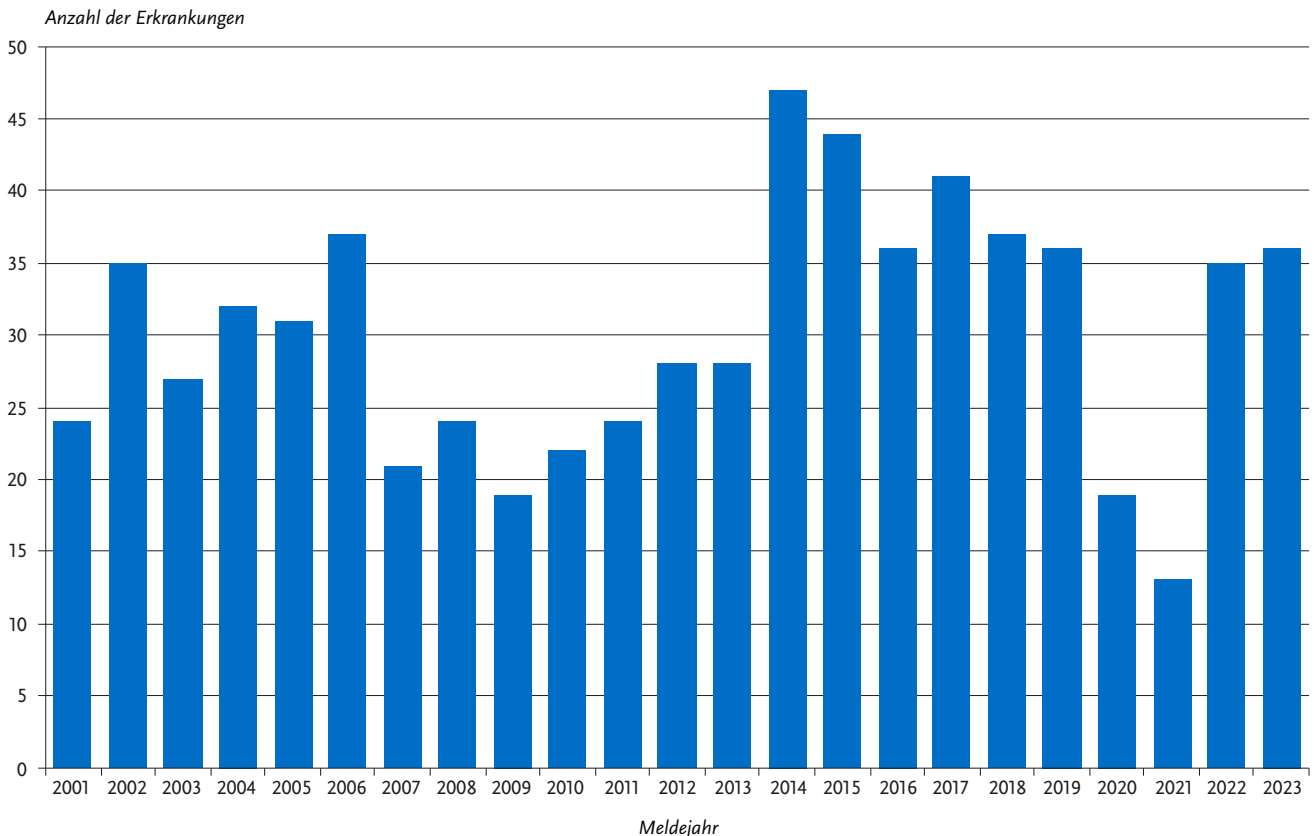


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 36
- ▶ Fallzahl auf Vorjahresniveau
- ▶ Geschlechterverhältnis Männer: Frauen: 2:1
- ▶ Medianes Alter 53 Jahre (Spanne: 12 – 93)

Kurzbeschreibung

Die Brucellose ist eine zoonotische Erkrankung, die nach der von ihr verursachten Bakteriengattung *Brucella* benannt ist. Die wichtigsten Erreger sind *B. abortus*, *B. melitensis* und *B. suis*. Die Brucellose kann nach Verzehr von kontaminierten Tierprodukten oder nach Kontakt mit infizierten Tieren auftreten. Nutzvieh (Rinder, Ziegen und Schafe) stellt das für den Menschen relevante Reservoir dar. Beim Menschen verläuft die Infektion in der Regel als akute, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten auch chronische Formen mit Befall von Leber, Lunge, Herz und weiteren inneren Organen auf. Chronische Verläufe werden vom Meldesystem nicht erfasst, da eine Meldepflicht nur für akute Infektionen besteht. Die Falldefinition schließt explizit Fälle aus, bei denen Symptome bereits länger als 12 Monate bestehen.

Abb. 6.6.1:
Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden 36 Brucellose-Erkrankungen übermittelt, eine mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.6.1).

Es erkrankten 24 Männer und 12 Frauen im Alter von 12 bis 93 Jahren (Median: 53 Jahre). Erkrankungen wurden aus den 12 Bundesländern übermittelt: Nordrhein-Westfalen (9), Baden-Württemberg und Bayern (je 5), Schleswig-Holstein und Hessen (je 3), Saarland, Thüringen, Berlin und Rheinland-Pfalz (je 2) sowie Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und Niedersachsen (je eine).

Für 28 Erkrankungen wurden 31 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Die häufigsten genannten wahrscheinlichen Infektionsländer außerhalb Deutschlands (12) waren die Türkei und Ägypten (je 4), sowie Spanien (3). Für 10 Erkrankungen (36 %) mit Angaben wurde Deutschland als einziges Infektionsland genannt.

Bei 14 Erkrankungen mit Angaben zur Erregerdifferenzierung wurde für 13 *B. melitensis* und für eine *B. canis* als Erreger angegeben. Im Jahr 2023 wurde ein Ausbruch mit 2 Personen und keine Todesfälle aufgrund von Brucellose übermittelt.

Fazit

In Deutschland ist Brucellose eine relativ seltene übermittelte Erkrankung. Im Jahr 2023 war die Anzahl der übermittelten Erkrankungen vergleichbar hoch wie im Vorjahr 2022.

Literaturhinweise

- Enkelmann J, Stark K, Faber M: *Epidemiological trends of notified human brucellosis in Germany, 2006 – 2018*. Int J Infect Dis 2020;93. <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(14). <https://doi.org/10.1055/s-0042-101723>
- 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;21(31). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.31.30311>
- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. Epid Bull 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2015. www.rki.de/ratgeber

6.7 Campylobacter-Enteritis



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: **40.179**
- Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Durchfallerkrankung
- Inzidenz um 18 % niedriger als der Median der 5 Vorjahre
- Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- Meist sporadische Erkrankungen

Kurzbeschreibung

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

Falldefinition

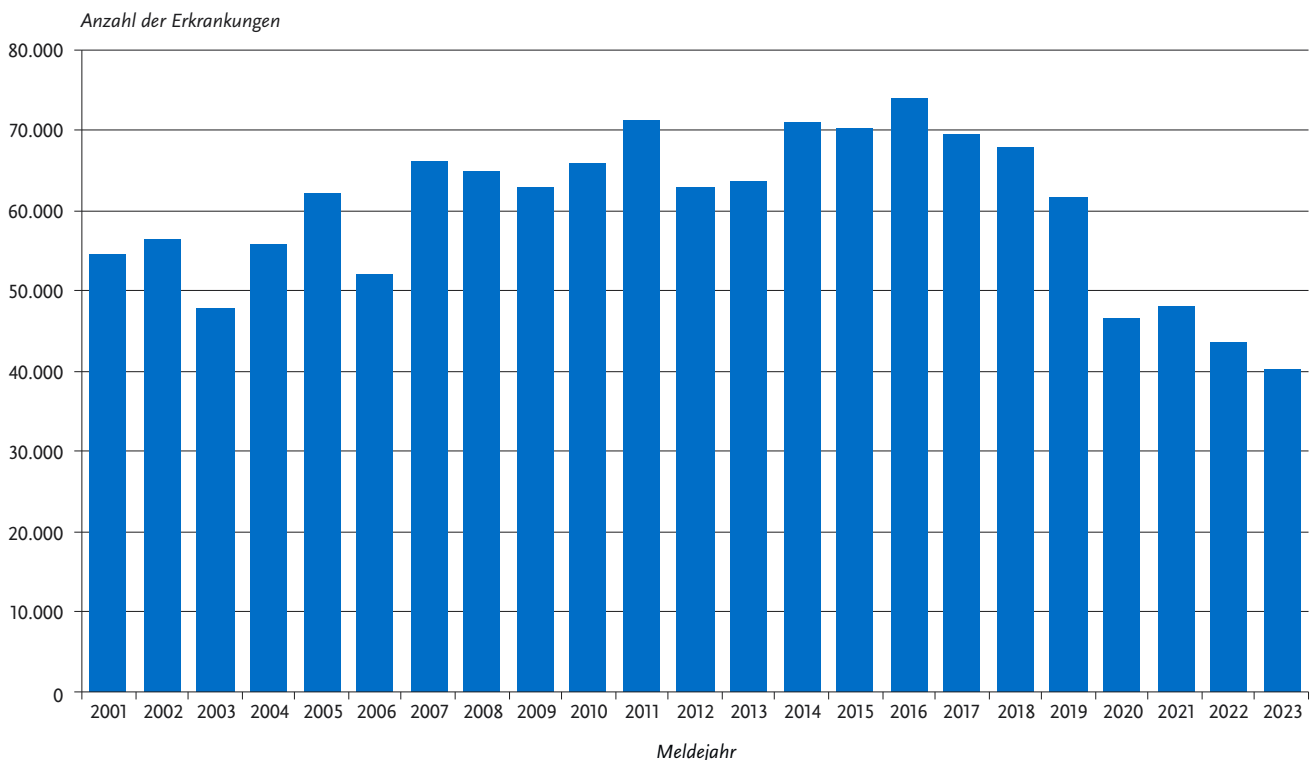
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.7.1). Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 gilt auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. mittels PCR, als direkter labor-diagnostischer Nachweis einer *Campylobacter*-Enteritis.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 40.179 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 48 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2023 um 8 % niedriger als im Vorjahr. Damit setzt sich der seit 2016 anhaltende abnehmende Trend bei übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden weiter fort (s. Abb. 6.7.1). Die *Campylobacter*-Enteritis war die häufigste an das RKI übermittelte meldepflichtige Durchfallerkrankung des Jahres 2023.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juni bis September. Auffällig ist ein jährlich wiederkehrender kurzzeitiger Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresanfang, der nicht nur auf Nachmeldungen von den vorausgegangenen Feiertagen zurückzuführen ist, sondern auch auf eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januartagen (s. Abb. 6.7.2).

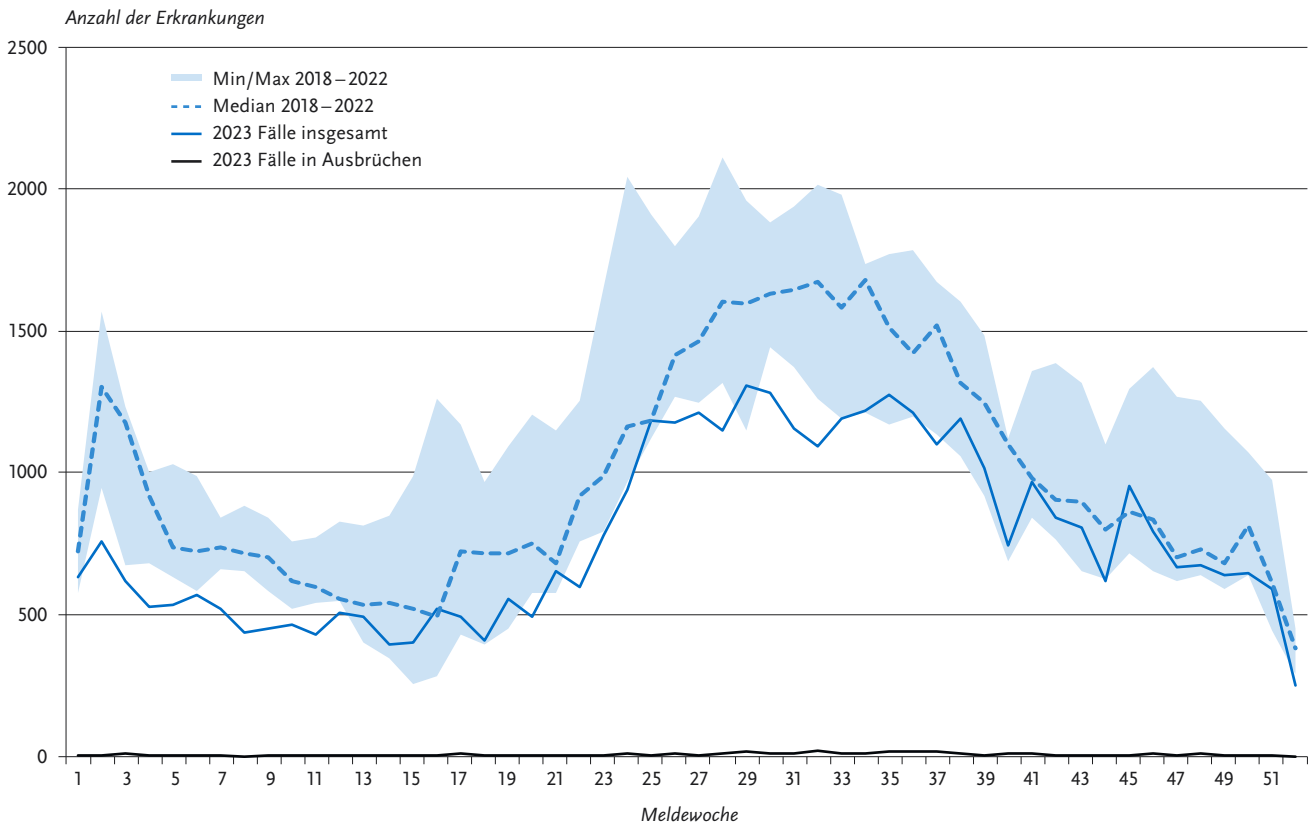
Abb. 6.7.1:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Tab. 6.7.1:
Übermittelte Fälle von *Campylobacter*-Enteritis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	130	0 %	125	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	43.527	81 %	40.054	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	657	1 %	592	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	9.360	17 %	8.805	18 %
alle	53.674	100 %	49.576	100 %
Referenzdefinition (B+C)	43.657	81 %	40.179	81 %

Abb. 6.7.2:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2023 (n=40.179) im Vergleich mit den Vorjahren



Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (85 Erkr./100.000 Einw.), im Saarland (79) und in Mecklenburg-Vorpommern (69) registriert. In allen Bundesländern, mit Ausnahme von Berlin, lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der Jahre 2018 bis 2022 (s. Abb. 6.7.3). Der Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Median der 5 Vorjahre war in Mecklenburg-Vorpommern (–37 %), Sachsen-Anhalt (–31 %) und Niedersachsen (–25 %) am stärksten. In Berlin wurde im Jahr 2023 eine leichte Zunahme (+2 %) der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet.

Für 24.452 (61 %) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (24.820 Nennungen; Mehrfachnennung möglich). Dabei entfielen 83 % der Nennungen (20.541) auf Deutschland. Am häufigsten genannte andere Infektionsländer waren Spanien (557 Nennungen), Türkei (385), Indonesien (276), Italien (249), und Thailand (222).

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war wie in den Vorjahren zweigipfelig mit den höchsten Werten bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen. Bei den einjährigen Kindern lag die Inzidenz bei 68 Erkr./100.000 Einw. Unter den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (63) und den 25- bis 29-Jährigen (59) am höchsten. Jungen und Männer

(53) waren in allen Altersgruppen häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (42). Anders als in den Vorjahren war auch die Inzidenz bei Männern in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen (59) höher als die Inzidenz bei den gleichaltrigen Frauen (58) (s. Abb. 6.7.4).

Klinische Aspekte

Für 40.177 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (84.797 Nennungen, Mehrfachangaben möglich). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (98 % der Erkrankungen mit Angaben zu Symptomen), gefolgt von Bauchschmerzen (67 %), Fieber (31 %) und Erbrechen (15 %). Im Jahr 2023 wurden 7 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um 4 Frauen und 3 Männer im Alter von 70 bis 90 Jahren.

Nachgewiesene Erreger

Zu 23.013 (57 %) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 62 % auf *C. jejuni*, 8 % auf *C. coli* und 19 % auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies z. B. *C. fetus*, *C. lari* und *C. upsaliensis* entfielen jeweils etwa 0,4 % der Angaben oder weniger. Bei 15.514 (39 %) der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden wurde lediglich die Gattung, *Campylobacter* spp., angegeben.

Abb. 6.7.3:

Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=40.179) im Vergleich mit den Vorjahren

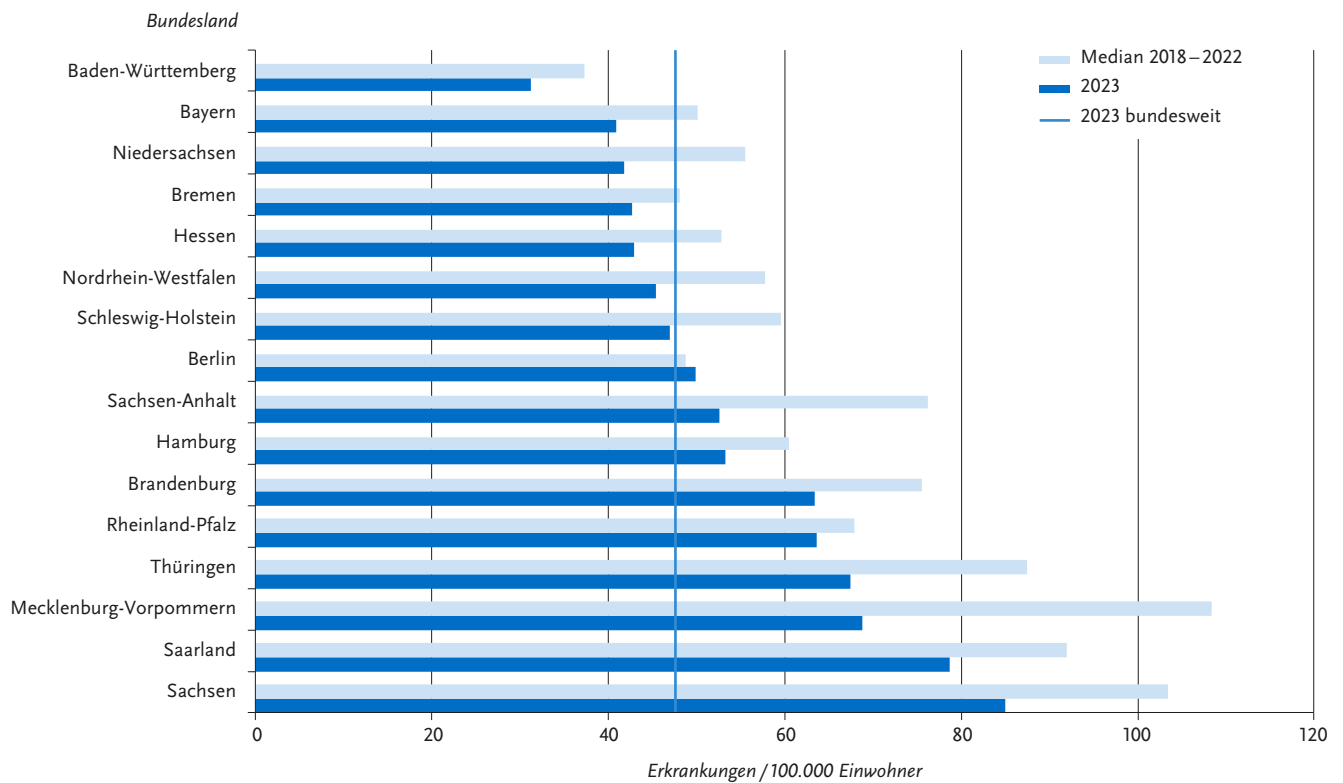
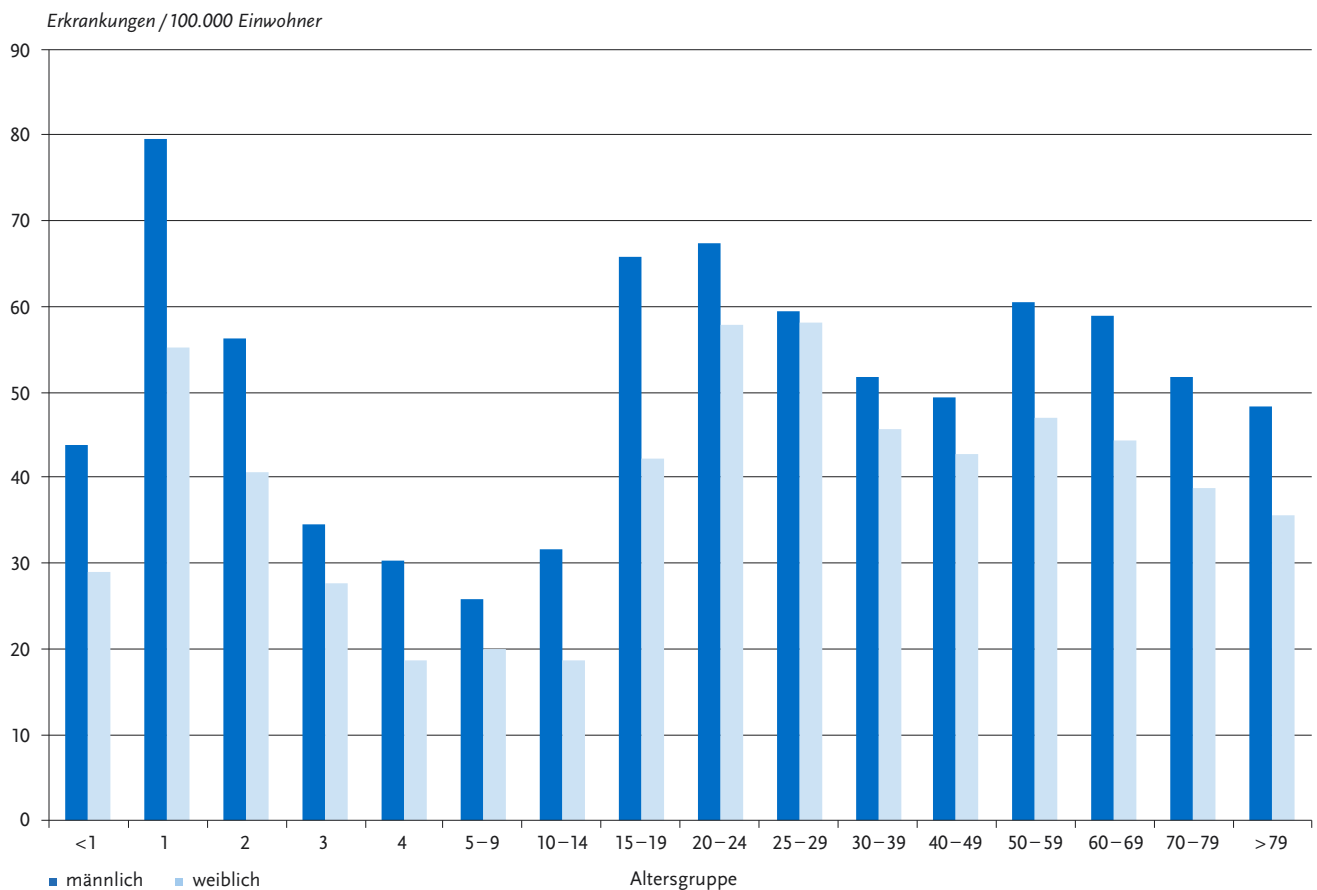


Abb. 6.7.4:

Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=40.115)



Ausbrüche

Es wurden 145 Ausbrüche mit insgesamt 331 Erkrankungen übermittelt; das entspricht einer leichten Abnahme der Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 5 %. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug knapp ein Prozent. Es wurden 142 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 315 Erkrankungen) und 3 Ausbrüche mit insgesamt 16 Erkrankungen übermittelt. Der größte Ausbruch umfasste 6 Erkrankungen, stand im Zusammenhang mit dem Infektionsumfeld »Alten-, Pflegeheim« und wurde aus Sachsen-Anhalt übermittelt. Ob es sich dabei um einen lebensmittelbedingten Ausbruch handelte, ist nicht bekannt, da keine weiteren Angaben zum Ausbruch übermittelt wurden.

Datenqualität

Der Anteil der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden, bei denen keine Erregerspezies, sondern nur die Gattung *Campylobacter* spp. angegeben ist, betrug 39 % und war damit etwas höher als im Vorjahr (2022: 37 %). Im Jahr 2023 wurde die RKI-Falldefinition für *Campylobacter*-Enteritiden und andere gastrointestinale Infektionen erweitert, so dass auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. mittels PCR, als ein direkter labor diagnostischer Erregernachweis gilt. Der Anteil von übermittelten Fällen mit kulturellem labor diagnostischen Nachweis hat seit etwa Mitte 2023 abgenommen, während zeitgleich der Anteil von Fällen, bei denen als labor diagnostische Methode ein PCR-Nachweis angegeben war, zugenommen hat. Dies könnte auch mit der Zunahme der Anwendung von sogenannten Multiplex-PCR-Panels für gastrointestinale Infektionen in Primärlaboren in Zusammenhang stehen.

Fazit

Die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden lag im Jahr 2023 mit 40.179 um 8 % unter dem Niveau des Vorjahres 2022 (43.657). Der abnehmende Trend bei den übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden seit 2016 setzte sich damit weiterhin fort. Auch nach den Pandemie jahren 2020 bis 2022 hat die Zahl der übermittelten Erkrankungen weiter abgenommen.

Literaturhinweise

- Banerji S, Fruth A, Flieger A: *Intensivierte genombasierte Surveillance von Campylobacter-Isolaten humaner Erkrankungsfälle in Deutschland*. *Epid Bull* 2021;33. <https://doi.org/10.25646/8838>
- Gölz 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(7). <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2014.08.015>
- Rosner BM, Gassowski M, Albrecht S, Stark K: *Investigating the Campylobacter enteritis winter peak in Germany, 2018/2019*. *Sci Rep* 2021;11(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-02423-8>

Rosner BM, Schielke A, Didelot X, et al.: *A combined case-control and molecular source attribution study of human Campylobacter infections in Germany, 2011–2014*. *Sci Rep* 2017;7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05227-x>

Rosner B: *Campylobacter-Enteritis – Risikofaktoren und Infektionsquellen in Deutschland*. *Epid Bull* 2017;44. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-060>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2018. www.rki.de/ratgeber

Schielke A, Rosner B, Stark K: *Epidemiology of campylobacteriosis in Germany – insights from 10 years of surveillance*. *BMC Infect Dis* 2014;14(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2334-14-30>

6.8 Chikungunyavirus-Erkrankung



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 44
- Wiederanstieg der Fallzahlen nach den durch die Reiseeinschränkungen der COVID-19-Pandemie geprägten Jahren 2020 bis 2022
- Weiterhin keine autochthonen Übertragungen
- Infektionsländer in Asien, Südamerika und Afrika

Kurzbeschreibung

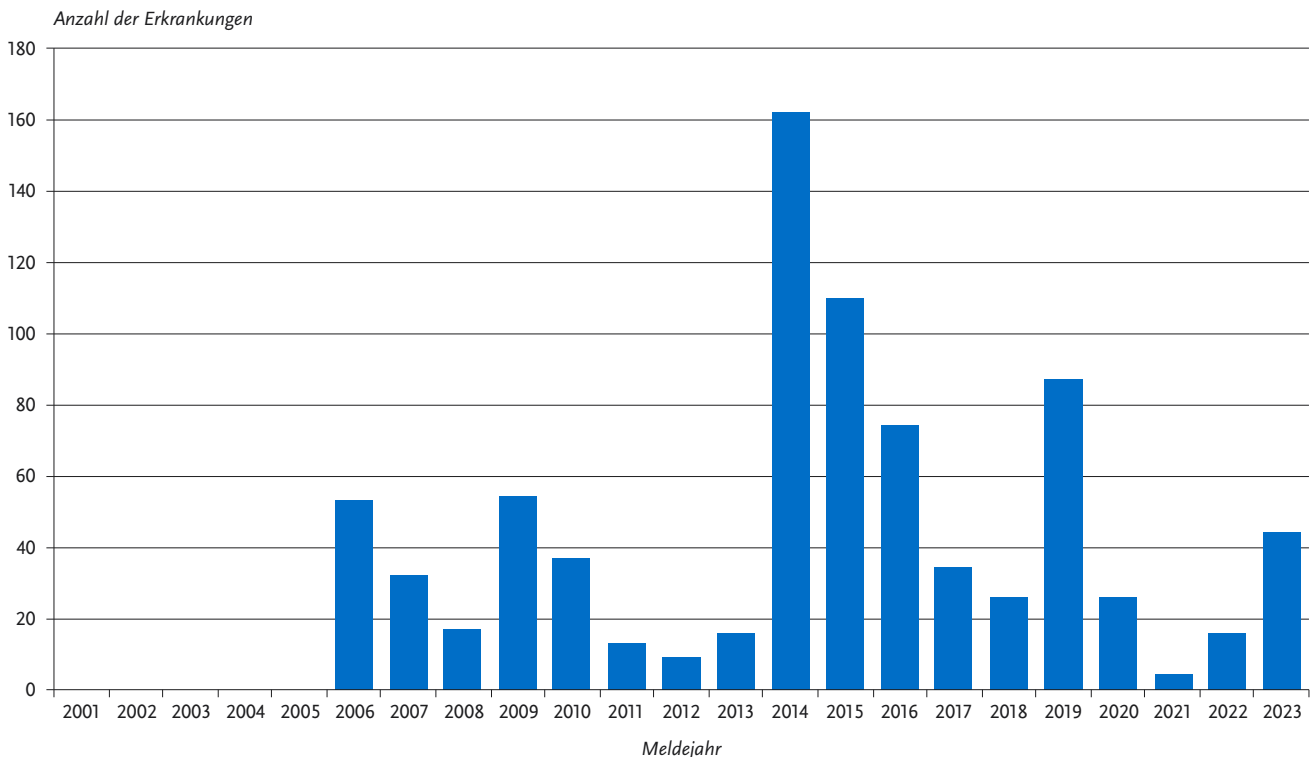
Das Chikungunyavirus aus der Familie der Togaviren kommt in zahlreichen afrikanischen Ländern, im Süden und Südosten Asiens sowie seit Ende 2013 auch in Mittel- und Südamerika vor. Zudem wurden auch in Südeuropa schon lokal erworbene Infektionen und Ausbrüche beschrieben. Das Chikungunyavirus kann große, z. T. über Jahre anhaltende Epidemien verursachen. Primaten und andere Affen sowie vermutlich Nagetiere bilden das Reservoir. Die Übertragung auf Menschen 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. Seit 2024 sind Impfstoffe in der EU zugelassen. Die Erkrankung verläuft in der Regel selbstlimitierend und sehr selten tödlich. Verläufe, die der WHO-Definition für ein hämorrhagisches Fieber entsprechen würden, sind nicht bekannt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden in Deutschland 44 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (2022: 16 Fälle, 2021: 4 Fälle) (s. Abb. 6.8.1).

Außer einem infizierten Kind im Alter von 10–14 Jahren waren alle Fälle zwischen 20 und 79 Jahre alt. Es erkrankten 26 weibliche und 18 männliche Personen – in den meisten Jahren werden etwas mehr Fälle bei weiblichen als bei männlichen Patienten diagnostiziert, vor allem unter jungen

Abb. 6.8.1:
Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Erwachsenen. Todesfälle wurden nicht übermittelt. Zu den insgesamt 44 Fällen lagen 45 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor: Indien (12), Paraguay (10), Indonesien (7), Thailand (4) und Brasilien (3) wurden mehrfach genannt, Gambia, die Philippinen, Sri Lanka, Kamerun, Kenia, Demokratische Republik Kongo, Laos, Nepal und Nigeria je ein mal.

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 der Reisendenzahlen abhängig. Für die relativ niedrigen Fallzahlen in 2020 bis 2022 ist mit hoher Wahrscheinlichkeit der beträchtliche Rückgang bei den Fernreisen im Zusammenhang mit der COVID-19-Pandemie verantwortlich. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren (*Aedes albopictus*) vor. Autochthone durch Mücken übertragene Chikungunyavirus-Infektionen wurden bisher noch nicht in Deutschland registriert.

Literaturhinweise

- de la Calle-Prieto F, Barriga JJ, Arsuaga M, et al.: *Clinical profile and management of a Spanish single-center retrospective cohort of patients with post-chikungunya associated complications*. Travel Med Infect Dis. 2024;60. <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2024.102726>
- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023;28(7). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Gossner CM, Fournet N, Dias J, et al.: *Risks related to Chikungunya infections among European Union travelers, 2012–2018*. Emerg Infect Dis 2020;26(6). <https://doi.org/10.3201/eid2606.190490>
- 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;23(19). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.29.1800033>
- 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;15(6). <https://doi.org/10.3390/ijerph15061270>
- RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. Epid Bull 2019;27.
- 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;25(13). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.13.1900438>

6.9 Cholera



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 9
- ▶ Reiseassoziierte Erkrankung, keine autochthonen Übertragungen seit mindestens 2001
- ▶ Weltweite Cholera-Situation beeinflusst Inzidenz in Deutschland

Kurzbeschreibung

Cholera wird durch toxinbildende Stämme des Bakteriums *Vibrio cholerae* (typischerweise der Serogruppen O1 und O139) verursacht, das hauptsächlich über verunreinigte Nahrung oder verunreinigtes Wasser übertragen wird. Eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung ist selten. Die schwere Durchfallerkrankung kann aufgrund des ausgeprägten Flüssigkeitsverlusts unbehandelt lebensbedrohlich verlaufen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden 9 Cholera-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.9.1). Sechs Erkrankte waren weiblich (3 Kinder und 3 Erwachsene) und 3 männlich (ein Kind und 2 Erwachsene). Die Erkrankungen betrafen Baden-Württemberg (5 Erkrankungen in einer Familiengruppe) sowie Berlin (2 Erkrankungen), Brandenburg und Schleswig-Holstein (jeweils eine Erkrankung). Die Infektion wurde bei 2 Erkrankten durch *Vibrio cholerae* Serogruppe O1 verursacht; bei den

anderen Erkrankungen wurde keine Serogruppe übermittelt. Als Infektionsland für die 5 Fälle in Baden-Württemberg wurde Pakistan genannt, die Berliner Fälle und der Brandenburger Fall infizierten sich in Kamerun, und der übrige Fall im Irak. Die Patienten waren alle ungeimpft. Keiner der Erkrankten ist verstorben.

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

Fazit

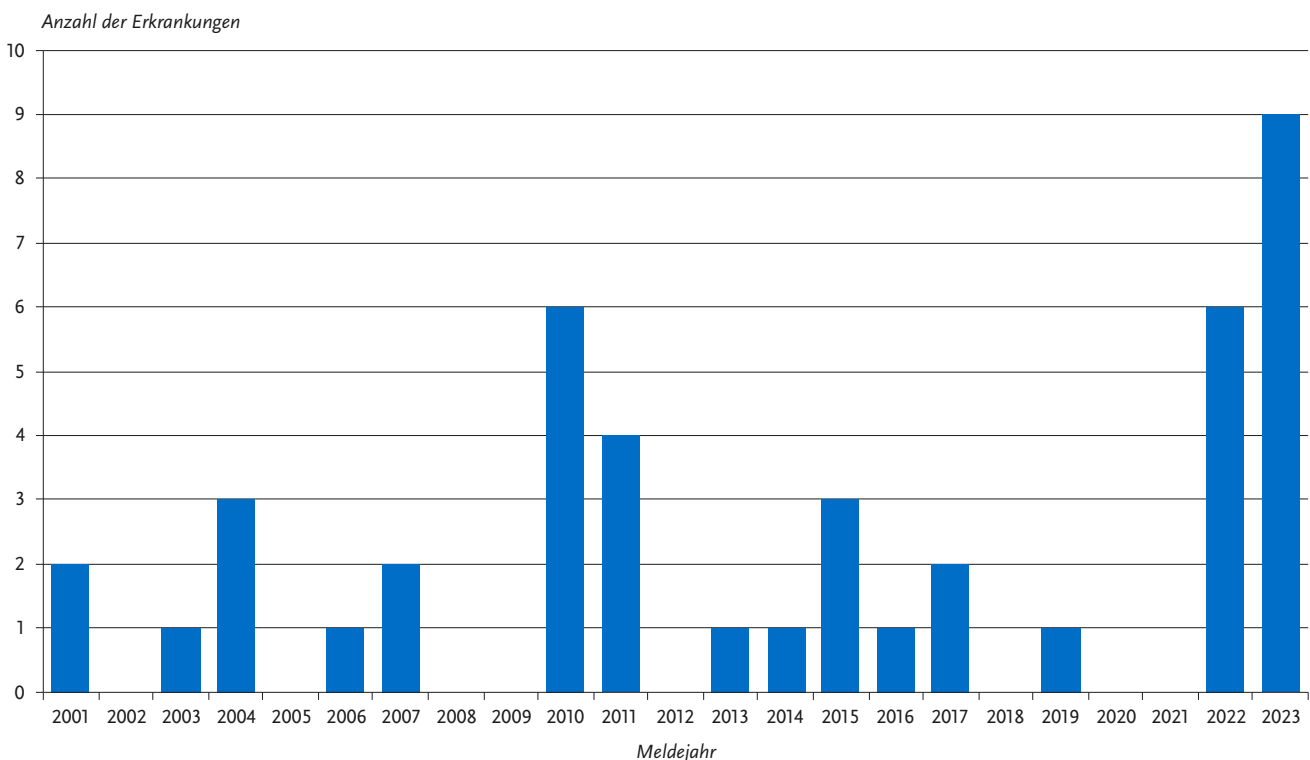
Die Häufigkeit reiseassoziierten Cholera-Fälle in Deutschland ist abhängig von der Cholera-Situation in der Welt. Laut WHO gab es vor allem 2022 und 2023 in vielen Ländern eine Rückkehr großer Cholera-Ausbrüche, in deren Kontext sich vereinzelt auch Reisende aus Deutschland infizierten.

Literaturhinweise

Nürnberg M, Equihua Martinez G, Jacob D, et al. *Two cases of imported cholera in Germany after short business travel to Yaoundé, Cameroon.* J Travel Med. 2023;30(5). <https://doi.org/10.1093/jtm/taad098>

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 2024;14. <https://doi.org/10.25646/12006.4>

Abb. 6.9.1:
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



6.10 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 158
- Fallzahl im Jahr 2023 deutlich über Vorjahresniveau
- Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen
- Ausschließlich sporadische CJK-Fälle übermittelt

Kurzbeschreibung

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

Humane spongiforme Enzephalopathien können sporadisch auftreten. Ursache und Risikofaktoren der Erkrankung sind unbekannt. Es gibt jedoch auch Formen, die übertragen (z. B. iatrogene CJK, variante CJK, Kuru) oder vererbt (genetische Prionerkrankungen) werden können. 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 (iatrogene CJK). 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. Diese Übertragungen treten jedoch sehr selten auf.

Im Vergleich zur sporadischen CJK betrifft die ebenfalls seltene variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK) deutlich jüngere Menschen und verläuft insgesamt langsamer. Die 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. Bisher ist in Deutschland kein Fall der vCJK aufgetreten.

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

Falldefinition

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

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden dem RKI 158 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.10.1). Im Vergleich zum Jahr 2022 ist somit die Anzahl der übermittelten Fälle deutlich größer (s. Abb. 6.10.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,2 Fällen pro 100.000 Einwohner der weltweit beobachteten Inzidenz, der Anstieg auf 0,2 Fälle pro 100.000 Einwohner ergibt sich aus dem Einsatz der RT-QuIC-Methode. (siehe auch unter Abschnitt »Datenqualität«). Aus allen Bundesländern mit Ausnahme von Bremen wurden im Jahr 2023 Fälle übermittelt. Die meisten Fälle wurden aus Nordrhein-Westfalen (32), Bayern (24) und Baden-Württemberg (21) übermittelt. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor (s. Abb. 6.10.2).

Demografische Verteilung

Der überwiegende Teil der übermittelten Fälle betraf Personen im Alter über 50 Jahre, 2 Fälle traten in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen sowie ein Fall in der Gruppe der 30- bis 39-Jährigen auf. Die Inzidenz war mit 0,8 Fällen/100.000 Einw. in der Altersgruppe der 70- bis 79-jährigen Männer am höchsten. Bei Frauen dieser Altersgruppe betrug die Inzidenz 0,5. Insgesamt waren Männer im Jahr 2023 mit 84 Fällen häufiger betroffen als Frauen mit 74 Fällen (s. Abb. 6.10.3).

Tab. 6.10.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	105	93 %	134	85 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	8	7 %	22	14 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	0	0 %	2	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	113	100 %	158	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	113	100 %	158	100 %

Abb. 6.10.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

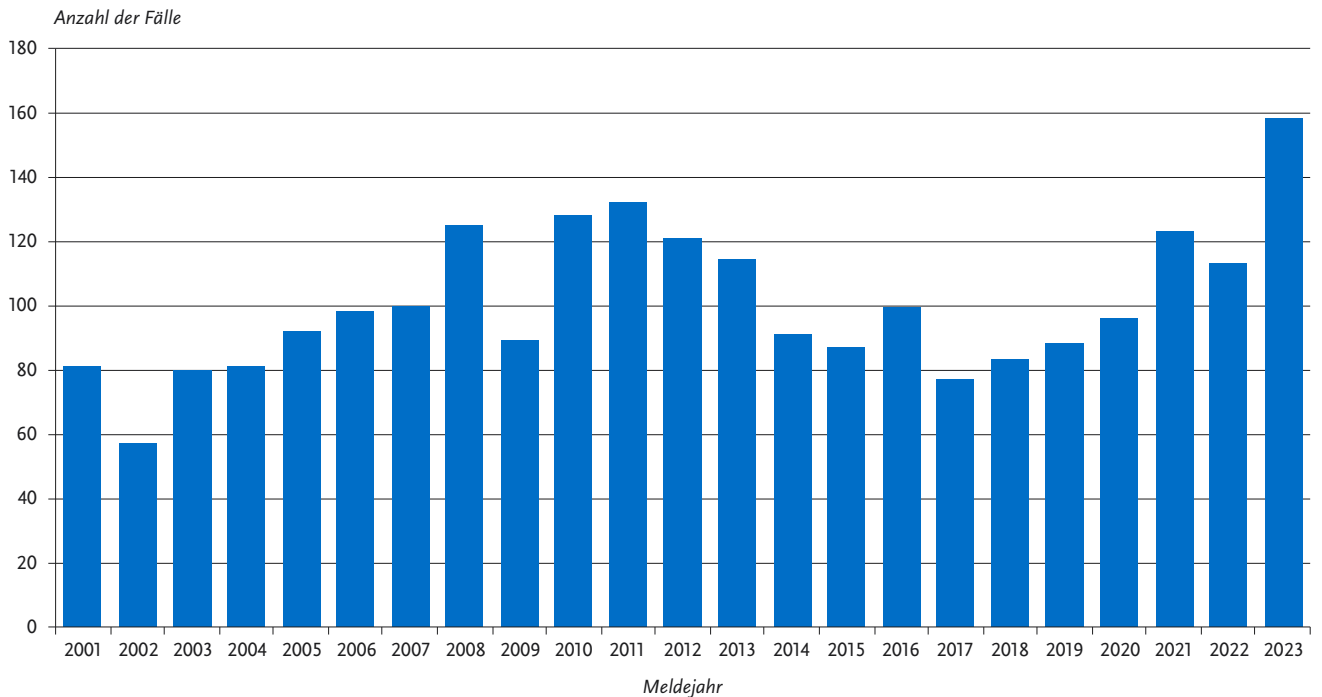
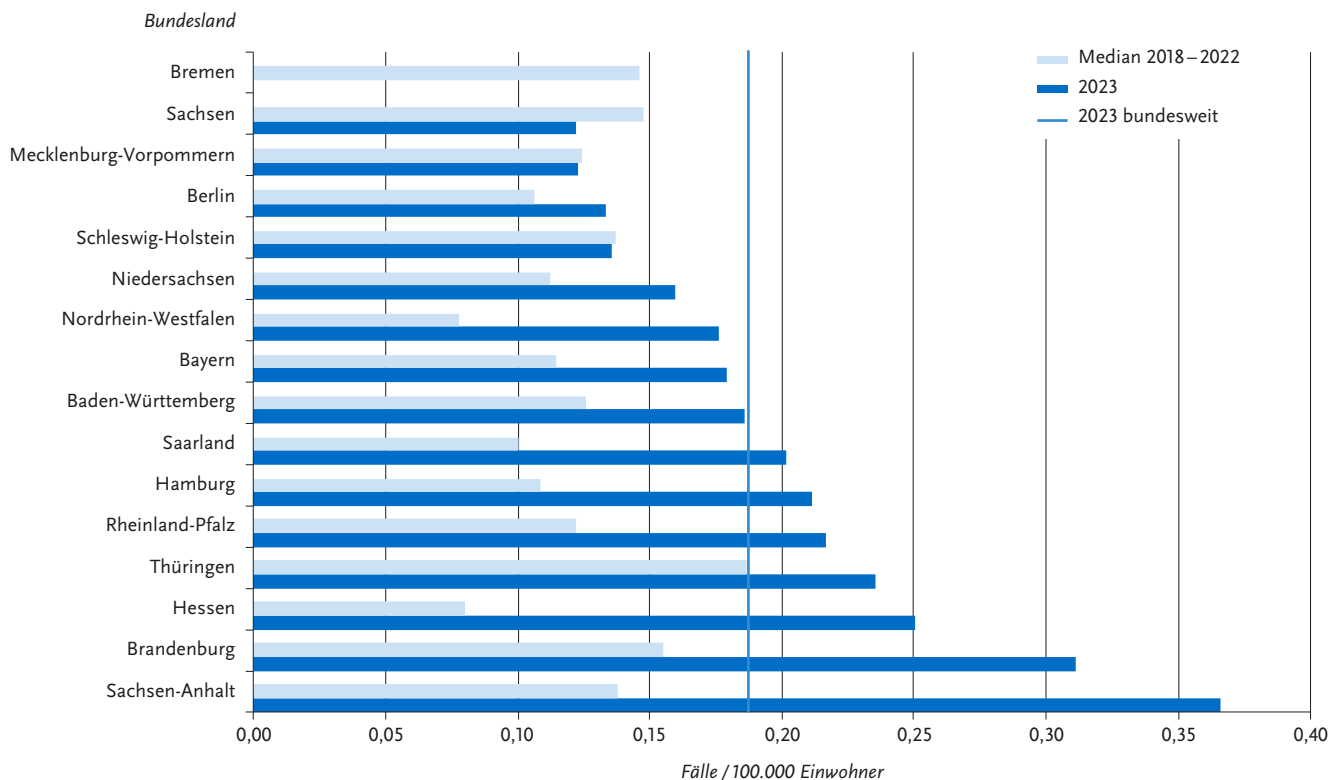


Abb. 6.10.2:
Übermittelte CJK- pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=158) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2018 bis 2022)



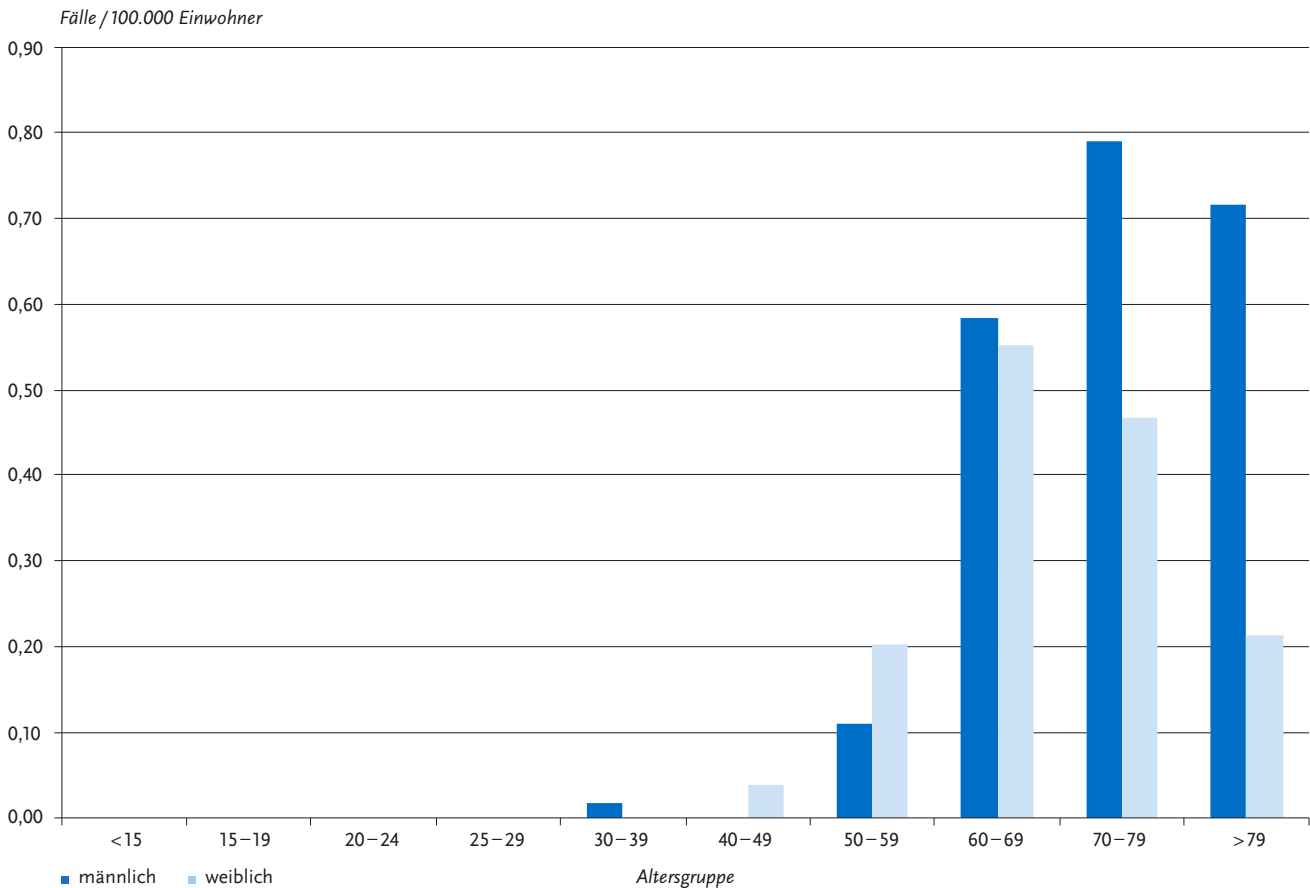
Klinische Aspekte

Bei 110 der 158 Fälle wurde übermittelt, dass sie verstorben sind, wobei 100 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind. Bei 7 Fällen wurde eine andere Todesursache übermittelt, bei 3 Fällen war die Todesursache unbekannt. Alle Fälle wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet.

Ausbrüche

Im berichteten Zeitraum sind Ausbrüche nicht vorgekommen. Bei allen übermittelten Fällen handelt es sich um nicht übertragbare sporadische CJK-Erkrankungen.

Abb. 6.10.3:
Übermittelte CJK-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 158)



Datenqualität

Im Jahr 2023 wurde der weitaus größte Anteil der Fälle als klinisch bestätigt übermittelt (134; 85 %). Dies erfolgte entsprechend der fachlichen Beurteilung durch das NRZ. Der Anteil der klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Fälle lag im Jahr 2023 bei 14 % (22 Fälle). Zusätzlich gab es noch 11 übermittelte CJK-Fälle, bei denen das NRZ eine genetische Ursache nicht sicher ausschließen konnte. Gemäß Falldefinition erscheinen die hereditären Krankheitsfälle nicht in der Statistik des RKI.

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

Fazit

Die CJK-Fallzahlen erreichten im Jahr 2011 ein erstes Maximum; in den folgenden Jahren sank die Anzahl der übermittelten CJK-Fälle. Sie stieg im Jahr 2021 an, die Fallzahl erreichte fast den gleichen Wert wie im Jahr 2011. Im Jahr 2023 wurden die bislang höchsten Fallzahlen verzeichnet (158), die wie oben beschrieben, durch die verbesserten diagnos-

tischen Möglichkeiten mittels hochspezifischer RT-QuIC-Methode zu erklären sein könnten. Die Inzidenz in Deutschland blieb jedoch auch 2023 mit 0,2 Fällen/100.000 Einw. wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt.

Literaturhinweise

- Da Silva Correia SM, Schmitz M, Fischer A, Hermann P, Zerr I: *Role of different recombinant PrP substrates in the diagnostic accuracy of the CSF RT-QuIC assay in Creutzfeldt-Jakob disease*. Cell Tissue Res. 2023;392(1). <https://doi.org/10.1007/s00441-022-03715-9>
- Goebel S, Hermann P, Zerr I.: *Neue Variante der Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK)*. Z Gastroenterol 2023;61(10). <https://doi.org/10.1055/a-2133-9979>
- Hermann P, Schmitz M, Cramm M, et al.: *Application of real-time quaking-induced conversion in Creutzfeldt-Jakob disease surveillance*. J Neurol. 2023;270(4). <https://doi.org/10.1007/s00415-022-11549-2>
- Hermann P, Goebel S, Zerr I: *Klinik und Diagnostik humaner spongiformer Enzephalopathien: ein Update*. Nervenarzt. 2024;95(4). <https://doi.org/10.1007/s00115-024-01644-2>
- Schmitz M, Silva Correia S, Hermann P, et al.: *Detection of Prion Protein Seeding Activity in Tear Fluids*. N Engl J Med.;388(19). <https://doi.org/10.1056/NEJMc2214647>

6.11 *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, schwere Verlaufsform



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 1.651
- Inzidenz von 2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Anstieg im Vergleich zu den Vorjahren)
- Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-Jährigen

Kurzbeschreibung

Clostridioides C. difficile (früher *Clostridium difficile*) ist ein anaerobes, sporenbildendes, grampositives Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Menschen und Tieren 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 *C.-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 (s. Abb. 6.11.1). Die weiteren Kriterien umfassen: Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation aufgrund einer *C.-difficile*-Erkrankung oder ihrer Komplikationen; Durchführung eines chirurgischen Eingriffs (z. B. Kolektomie) aufgrund eines Megakolons, einer Darmperforation oder einer Therapie-refraktären Kolitis; Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer *C.-difficile*-Erkrankung und Wertung der *C.-difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung.

Zeitlicher Verlauf

Insgesamt wurden 1.651 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankung erfüllten. Die bundesweite Inzidenz

lag damit im Jahr 2023 bei 2,0 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und ist im Vergleich zu den Jahren 2020 (1,9), 2021 (1,9) und 2022 (1,6) zunehmend.

Insgesamt wurden 1.021 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 2022 nahm die Anzahl der allein auf Kriterium 1. neu zurückzuführenden Übermittlungen wieder zu. Insgesamt erfüllten 630 Erkrankungen Kriterien, die durch die Änderung der Falldefinition nicht beeinflusst wurden. Hier zeigte sich im Vergleich zu den drei Vorjahren ein Anstieg der übermittelten Erkrankungen (s. Abb. 6.11.1).

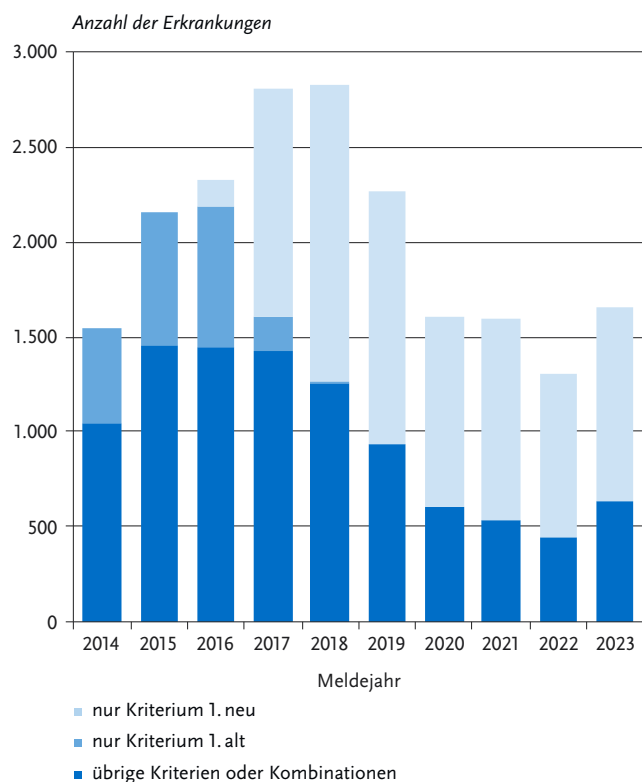
Geografische Verteilung

Die regionale Inzidenz der *C.-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf lag zwischen 0,9 Erkr./100.000 Einw. im Saarland und 4,3 in Sachsen-Anhalt (s. Abb. 6.11.2).

Demografische Verteilung

C.-difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. Insgesamt 1.079 Erkrankte (65 %) waren 70 Jahre und älter. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,6 Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen auf 1,0, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 2,2 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 4,7.

Abb. 6.11.1: Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf nach Kriterium der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2023



Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 11,9 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.11.3) beobachtet. Insgesamt lag die Inzidenz bei Männern bei 1,7 (2022: 1,5 Erkr./100.000 Einw.) und bei Frauen bei 2,2 Erkr./100.000 Einw. (2022: 1,6 Erkr./100.000 Einw.).

Klinische Aspekte

Das Kriterium (1. neu) ›Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung‹ war 1.203-mal (62 %) erfüllt (Mehrfachnennungen möglich). Das Kriterium ›Aufnahme oder Verlegung

Abb. 6.11.2:

Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 1.651)

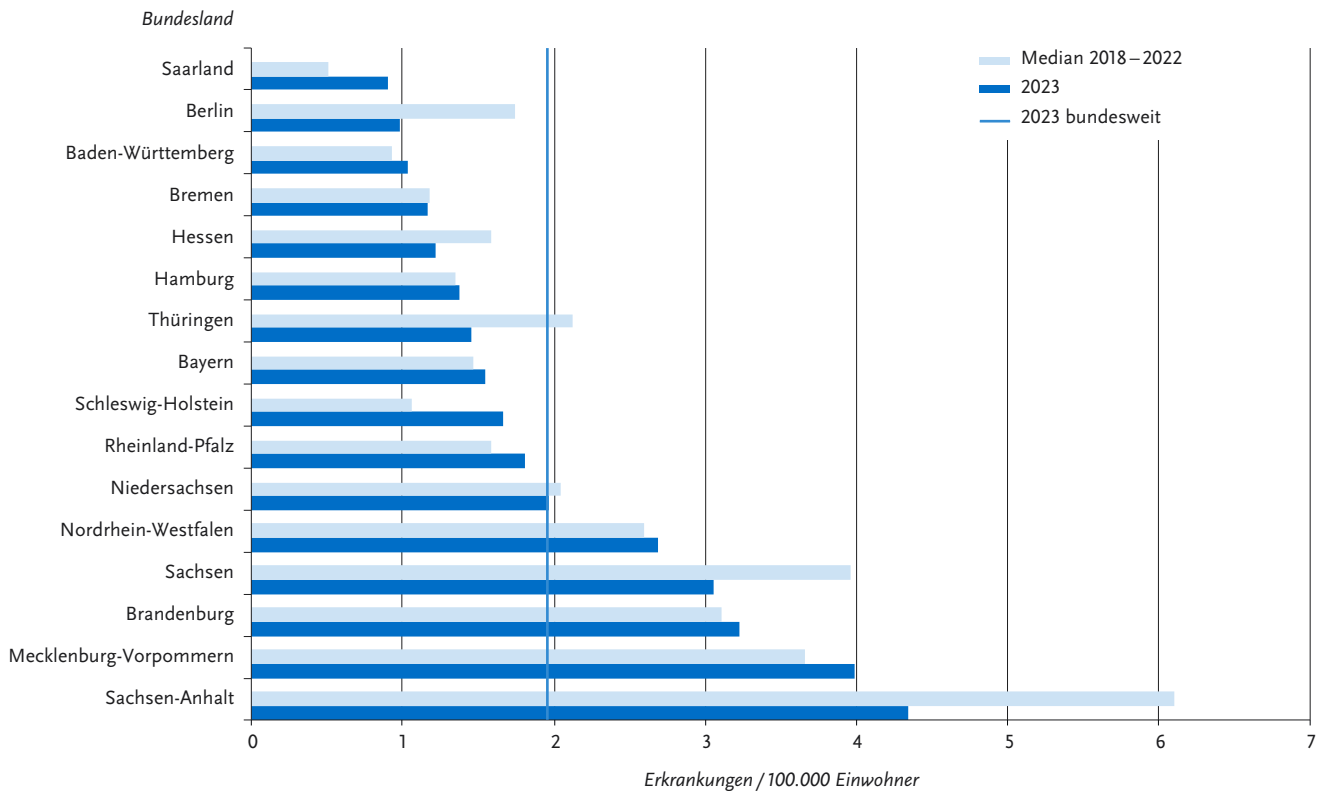
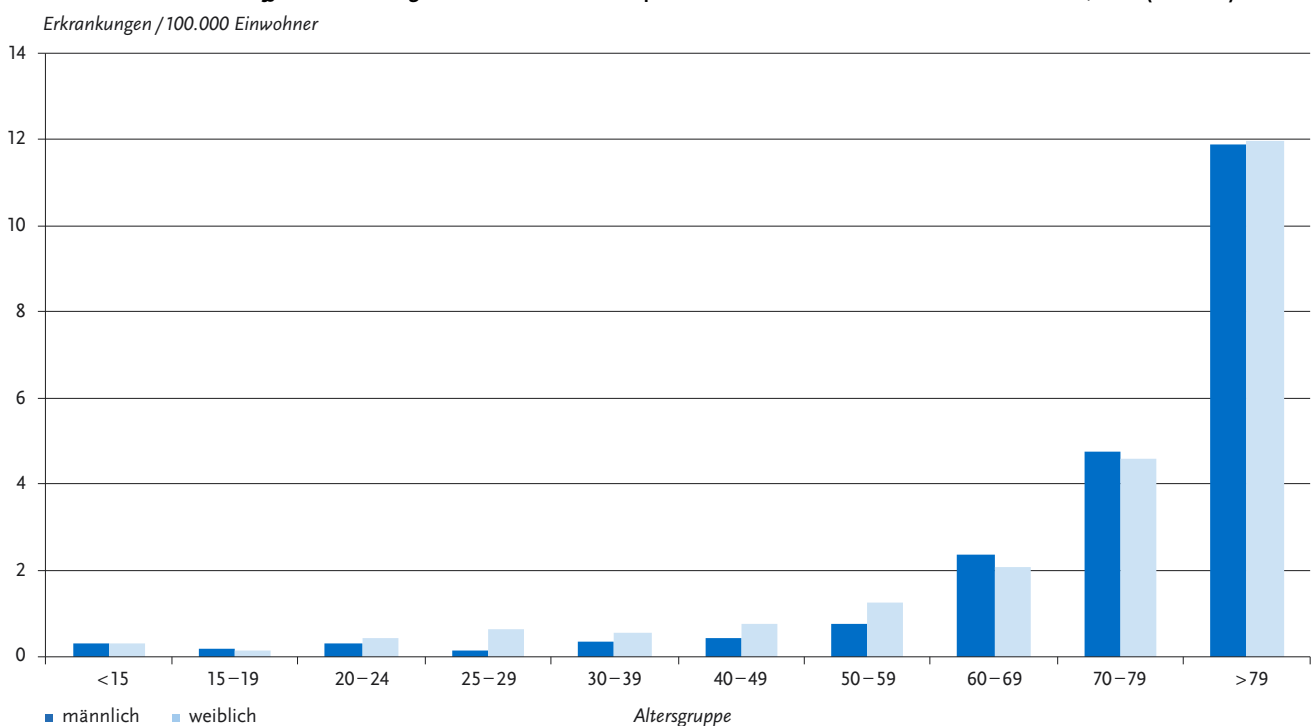


Abb. 6.11.3:

Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, 2023 (n = 1.650)



auf eine Intensivstation« wurde bei 246 Erkrankungen (13 %) angegeben. Ein »chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis« wurde bei 44 Erkrankungen (2 %) genannt.

Bei 454 Erkrankungen (23 %) 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.

Ausbrüche

In Kapitel 5 sind Ausbrüche, die *C.-difficile* einschließen, aufgeführt.

Datenqualität

Über die Meldepflicht für schwere *C.-difficile*-Erkrankungen werden sowohl nosokomial als auch ambulant erworbene schwere *C.-difficile*-Erkrankungen erfasst. Zwar sind nur schwere Krankheitsverläufe meldepflichtig und es ist von einer Untererfassung auszugehen, da die Ärztinnen und Ärzte die Meldekriterien genau kennen müssen. Dennoch ermöglicht die Meldepflicht, zeitliche Verläufe der Erkrankung darzustellen und Analysen auf Basis demografischer und klinischer Daten durchzuführen. Da die Meldekriterien seit 2016 unverändert bestehen, sind auch Vergleiche über längere Zeiträume möglich.

Bei 100 % der übermittelten schweren *C.-difficile*-Erkrankungen wurde das Alter der erkrankten Person angegeben. Bei nur einer Übermittlung von 1.651 wurde kein Geschlecht angegeben. Bei 8 von 1.651 gemeldeten schweren *C.-difficile*-Erkrankungen wurde der Ribotyp angegeben.

Fazit

Die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C.-difficile*-Erkrankungen ist mit 2,0 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2022 steigend, aber bei Betrachtung des Medians der 6 Vorjahre gleichbleibend. Eine Ursache für den Anstieg 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;77. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2022.102548>
- 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;311(4). <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2021.151507>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2019.102093>
- Berger FK, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: *Ausbruchsuntersuchungen bei Clostridium (Clostridioides) difficile*. Epid Bull 2018;14. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-017>
- Berger FK, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: *Aktuelle molekulare Epidemiologie und Antibiotikaresistenzen von Clostridioides difficile in Deutschland im Jahr 2022*. Epid Bull 2023;15. <https://doi.org/10.25646/11194>
- 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;13(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1002150>
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): *Hygienemaßnahmen bei Clostridioides difficile-Infektion (CDI)*. Bundesgesundheitsbl 2019;62.
- Heudorf U, Berres M, Dogan O, Steul KS: *Meldepflicht für schwere Clostridioides difficile – Infektionen – Daten aus Frankfurt am Main, 2014 – 2018. Bestandsaufnahme und Diskussion*. Gesundheitswesen. 2022;84(4). <https://doi.org/10.1055/a-1330-8293>
- Johnson S, Lavergne V, Skinner AM, et al.: *Clinical Practice Guideline by the Infectious Diseases Society of America (IDSA) and Society for Healthcare Epidemiology of America (SHEA): 2021 Focused update guidelines on management of clostridioides difficile Infection in adults*. Clin Infect Dis 2021;73(5). <https://doi.org/10.1093/cid/ciab718>
- Nationales Referenzzentrum für Nosokomiale Infektionen: *CDAD-KISS Referenzdaten 2021*. https://www.nrz-hygiene.de/files/Referenzdaten/CDI/202101_202112_CDAD_Ref_v2.pdf
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2019. www.rki.de/ratgeber
- Tschudin-Sutter S, Kuijper EJ, Durovic A, et al.: *Guidance document for prevention of Clostridium difficile infection in acute healthcare settings*. Clin Microbiol Infect 2018;24(10). <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2018.02.020>
- 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;27 (Suppl 2). <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2021.09.038>

6.12 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 1.374.364
- Im Jahr 2023 ging die COVID-19-Pandemie allmählich in ein endemisches Geschehen über
- Höchste Inzidenz bei Personen ab 80 Jahren
- 7.537 Ausbrüche mit 41.018 Fällen v.a. in Krankenhäusern

Kurzbeschreibung

Die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) verursacht hauptsächlich eine akute respiratorische Erkrankung 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 (Teilchen), die beim Atmen, Sprechen, Husten und Niesen infektiöser Personen entstehen. Schwere Verlaufsformen und Komplikationen können in jedem Lebensalter auftreten, betreffen jedoch vorwiegend ältere Menschen (> 60 Jahre) und solche mit chronischen Grunderkrankungen. COVID-19 kann sich in vielfältiger Weise und nicht nur in der Lunge manifestieren, sondern auch in anderen Organsystemen. In der Regel treten Atemwegsinfektionen auf, die in der Mehrzahl der Fälle mild verlaufen. In manchen Fällen kann nach einer SARS-CoV-2-Infektion ein länger anhaltender Zustand mit unterschiedlichen Krankheitssymptomen bestehen bleiben, der als Long-COVID bzw. Post-COVID bezeichnet wird. COVID-19 zeichnete sich in den ersten beiden Pandemie-jahren durch einen hohen Anteil schwerer Verläufe mit intensivmedizinischer Behandlung aus. Das dritte Pandemiejahr war insbesondere durch das hohe Transmissionsgeschehen aufgrund der dominierenden Zirkulation der Omikron-Variante geprägt. Im Jahr 2023 ging die Pandemie allmählich in ein endemisches Geschehen über, da sich durch die z. T. mehrfachen Antigenkontakte allmählich eine Grundimmunität in der Bevölkerung gebildet hat. Am 05.05.2023 hob die Weltgesundheitsorganisation die Gesundheitliche Notlage von internationaler Tragweite für COVID-19 auf.

Falldefinition

Im Jahr 2023 wurden 1.459.057 Fälle übermittelt. Davon entsprachen 1.374.364 Fälle der Referenzdefinition (s. Abb. 6.12.1). Der Verdacht, die Erkrankung, einschließlich Hospitalisierung, und der Tod in Bezug auf COVID-19 sind gemäß § 6 IfSG sowie der Nachweis von SARS-CoV-2 gemäß § 7 IfSG meldepflichtig. Das Gesundheitsamt übermittelt gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und das RKI nur Erkrankungs- oder Todesfälle und Erregernachweise, die der Falldefinition gemäß § 11 Abs. 2 IfSG entsprechen. Dies sind alle laborbestätigten Fälle unabhängig von klinischen Symptomen sowie klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle (Falldefinitions-kategorien B, C, D, E). Im Folgenden werden Fälle berichtet, die der Referenzdefinition (nur mittels Nukleinsäurenachweis oder Erregerisolierung labordiagnostisch bestätigte Fälle) entsprechen. Mit Antigennachweis labor-

diagnostisch bestätigte Fälle werden an das RKI übermittelt, erfüllen jedoch nicht die Referenzdefinition und werden in den folgenden Darstellungen nicht berücksichtigt.

Zeitlicher Verlauf

In den ersten zwei Monaten des Jahres 2023 kam es zu einer vergleichsweise kleineren Erkrankungswelle mit durchschnittlich etwa 92.000 übermittelten Fällen pro Woche. Gegen Ende der Erkrankungswelle wurde die Dominanz der Omikron-Variante BA.5 durch eine Vielzahl zirkulierender Rekombinanten abgelöst. Nachdem Anfang März 2023 alle kostenlosen Testungen wegfielen, ging die Zahl der übermittelten Fälle stark zurück und blieb im Sommer für einige Wochen auf niedrigem Niveau bei unter 3.000 Fällen pro Woche. Ab Mitte August nahmen die Fallzahlen wieder kontinuierlich zu und erreichten in der 50. Meldewoche einen Höchstwert von rund 32.700 übermittelten Fällen (s. Abb. 6.12.1). Während dieser Zeit wurde die Dominanz der rekombinanten Varianten wieder durch die zunehmende Zirkulation von Omikron BA.2 abgelöst. Die Höhe der Erkrankungswelle zum Jahresende 2023 fiel in den Meldedaten im Vergleich zur Welle zu Beginn des Jahres deutlich niedriger aus. In anderen Surveillance-systemen des RKI, die nicht nur auf laborbestätigten Tests basieren, und damit nicht so stark von der jeweiligen Teststrategie und -finanzierung abhängig sind, fiel hingegen die zweite Welle im Jahr 2023 deutlich stärker aus.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für das Jahr 2023 lag bei 1.629 Fällen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 35.766). Dabei lag die Inzidenz in 7 Bundesländern über dem bundesweiten Wert, insbesondere im Saarland (2.015), in Nordrhein-Westfalen (1.921) und in Niedersachsen (1.896). Die niedrigste Inzidenz wurde in Hamburg (1.179) und Thüringen (1.191) beobachtet.

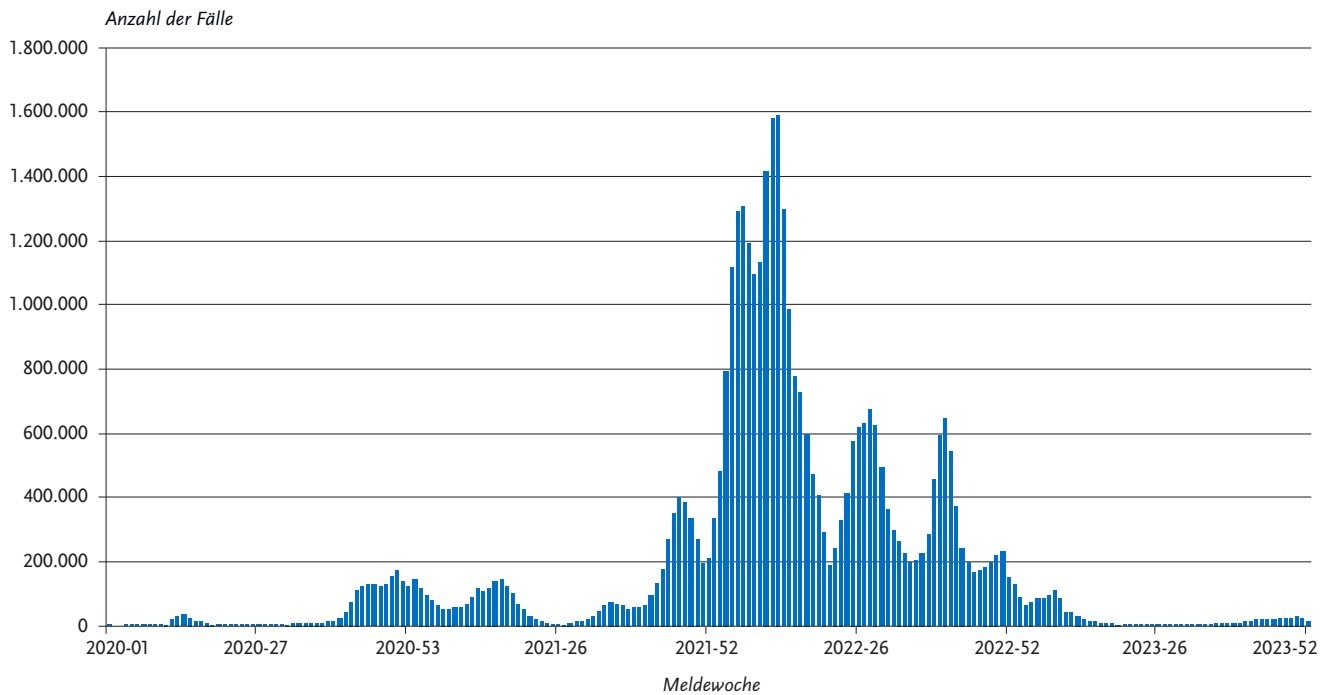
Für 340.823 Fälle (25 %) war ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Unter diesen wurde für nahezu alle Fälle eine Exposition in Deutschland übermittelt, für 0,3 % der Fälle wurde eine Exposition nur im Ausland angegeben. Damit spielten importierte Fälle für das Infektionsgeschehen in Deutschland keine Rolle.

Tab. 6.12.1:
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	13.459	0 %	12.958	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	4.805.528	16 %	249.914	17 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.736.479	6 %	135.975	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	23.631.625	78 %	1.060.210	73 %
alle	30.187.091	100 %	1.459.057	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)*	30.171.992	100 %	1.374.364	94 %

*Fälle der Kategorien C, D und E, die ausschließlich über einen Antigen-Test nachgewiesen wurden, gehen nicht mit in die Referenzdefinition ein.

Abb. 6.12.1:
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2020 bis 2023



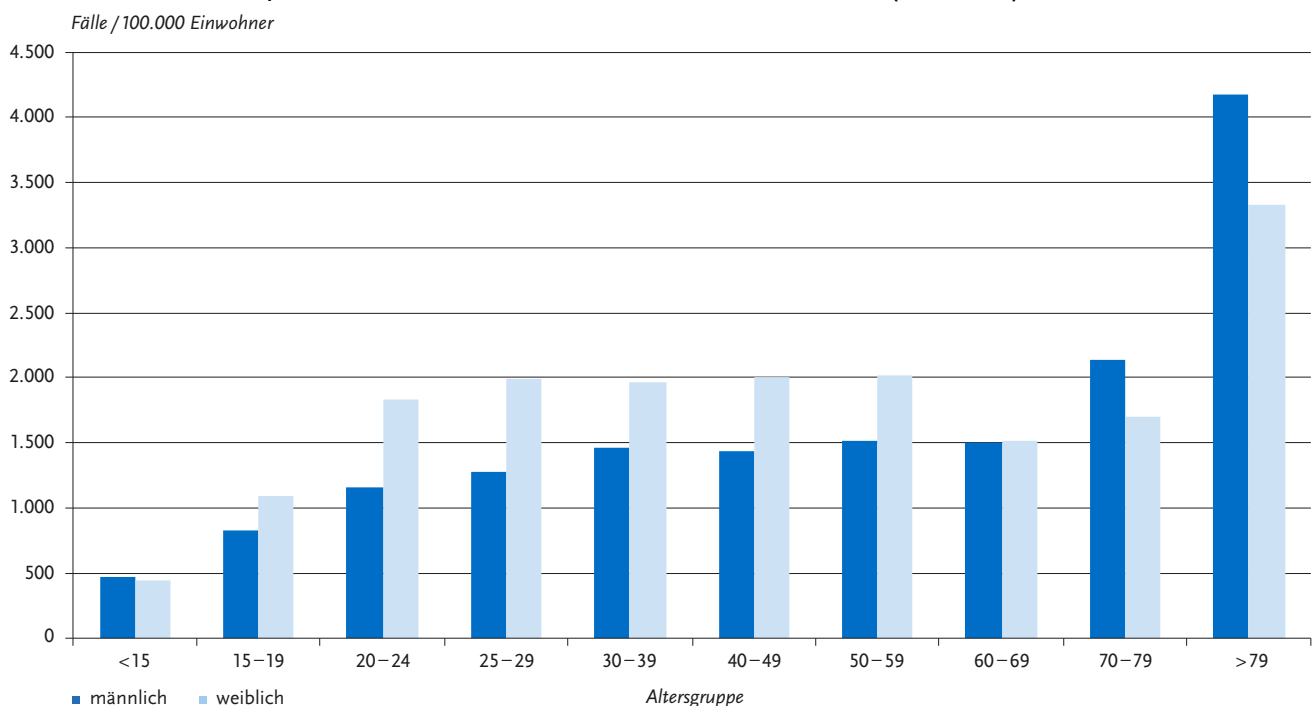
Demografische Verteilung

Für 1.367.570 Fälle (99,5 %) lag eine Angabe zu Alter und Geschlecht vor. Anders als im Vorjahr, in dem Personen im Alter von 10 bis 19 Jahren – auch bedingt durch die damals hohe Testfrequenz in dieser Altersgruppe – die höchsten altersspezifischen Inzidenzen hatten, wurde im Jahr 2023 bei Personen ab 80 Jahren die höchste Inzidenz (3.671 Fällen pro 100.000 Einw.) registriert, gefolgt von Personen im Alter von 70 bis 79 Jahren (1.901). Auch hier liegt nahe, dass die hohen Werte der Meldeinzidenz bei den höheren Alters-

gruppen durch weiterhin bestehende Empfehlungen zum Test in Alters- und Pflegeheimen erzielt wurden. Kinder und Jugendliche unter 15 Jahren hatten hingegen die niedrigsten Inzidenzen (s. Abb. 6.12.2). Der Altersmedian stieg im Vergleich zum Vorjahr von 38 Jahren auf 53 Jahre an.

Die Inzidenz aller COVID-19-Fälle war im Jahr 2023 bei Frauen (1.762 Fällen pro 100.000 Einw.) höher als bei Männern (1.478), wobei nur in den Altersgruppen der 15- bis 59-Jährigen die Inzidenz bei den Frauen höher lag, bei den ab 70-Jährigen die der Männer.

Abb. 6.12.2:
Übermittelte COVID-19-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=1.367.570)



Klinische Aspekte

Für 19 % aller Fälle ($n=260.997$) wurden Symptome übermittelt. Bei der Mehrheit der Fälle traten Erkältungssymptome wie Husten (59 %), allgemeine Krankheitszeichen (54 %) und Schnupfen (49 %) auf, gefolgt von Fieber (36 %) und Halsschmerzen/-entzündung (33 %) (Mehrfachnennungen möglich). Ähnlich zum Vorjahr blieb der Anteil an Fällen mit Geruchs- bzw. Geschmacksverlust niedrig und lag bei 5 % bzw. 7 %.

Unter allen Fällen lag für 716.037 (52 %) eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Davon wurden 230.841 COVID-19-Fälle (32 %) stationär aufgenommen. Der Anteil hospitalisierter Fälle ist im Vergleich zum Vorjahr (3 %) deutlich höher. Ein Grund dafür ist, dass außerhalb des Krankenhauses mit Auslaufen der kostenlosen Tests deutlich weniger getestet wurde. Dies zeigt sich auch an den sehr viel niedrigeren Fallzahlen im Jahr 2023 im Vergleich zu 2022 (Tab. 6.12.1). Im Jahr 2023 wurde mit ca. zwei Dritteln der höchste Anteil an hospitalisierten Fällen bei Personen ab 80 Jahren (69 %) und Personen im Alter von 70 bis 79 Jahren (60 %) beobachtet. Bei Kindern unter 5 Jahren war die Hälfte (50 %) hospitalisiert. Der niedrigste Anteil (8 %) lag bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen zwischen 15 und 29 Jahren. Unter den hospitalisierten Fällen waren 51 % weiblich und 49 % männlich.

Für das Jahr 2023 lag für 1.334.313 Fälle (97 %) eine Angabe zum Verstorbenenstatus vor. Unter diesen wurden 14.637 COVID-19-Todesfälle übermittelt. Dies entspricht einem Fall-Verstorbenen-Anteil von 1,1 %. Für 8.385 Fälle (57 %) wurde angegeben, dass COVID-19 ursächlich zum Tod beigetragen habe. Mit 66 % nahmen Personen ab 80 Jahren den größten Anteil unter den Verstorbenen ein, gefolgt von Personen im Alter von 70 bis 79 Jahren (21 %). Insgesamt 58 % der Todesfälle waren männlich.

Impfstatus

Die Meldung aller durchgeführten COVID-19-Impfungen an das RKI war bis zum 07.04.2023 in § 4 der Coronavirus-Impfverordnung und seit dem 08.04.2023 in § 3 der COVID-19-Vorsorgeverordnung für alle Leistungserbringer gesetzlich vorgeschrieben. Die ersten Impfstoffe standen Ende 2020 zur Verfügung und wurden zu Beginn aufgrund begrenzter Verfügbarkeit gemäß einer festgelegten Priorisierung in der Bevölkerung verabreicht. Bis Februar 2022 waren etwa drei Viertel der Bevölkerung grundimmunisiert. Im Jahr 2023 empfahl die STIKO allen Personen ab 18 Jahren eine Basisimmunität bestehend aus drei Antigenkontakten (Impfung oder Infektion, aber mit mind. zwei Impfstoffdosen). Zudem wurden weitere Auffrischimpfungen für Personen mit erhöhtem Risiko für schwere COVID-19-Verläufe (≥ 60 Jahre; ≥ 6 Monate mit relevanten Grundkrankheiten; Bewohnende in Pflegeeinrichtungen), einem erhöhten arbeitsbedingten Infektionsrisiko (medizinisches oder pflegerisches Personal) sowie Familienangehörigen und engen Kontaktpersonen von Personen unter immunsuppressiver Therapie empfohlen.

Daten zu COVID-19-Impfungen und Impfquoten wurden im Rahmen des Digitalen Impfmonitorings (DIM) erfasst. Ende des Jahres 2023 hatten etwa 78 % der Bevölkerung eine Impfdosis, 76 % 2 Impfdosen, etwa zwei Drittel der Bevölkerung (63 %) eine Auffrischimpfung und 16 % eine zweite Auffrischimpfung erhalten (Stand 02.01.2024).

Anpassungen der Empfehlungen erfolgen entsprechend der wachsenden Erkenntnisse über den Erreger und der Impfwirksamkeit. Für detaillierte und aktuelle Angaben wird auf die entsprechenden Informationen auf den Webseiten des RKI hingewiesen.

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. Die Varianten unterscheiden sich in ihren Erregereigenschaften wie der Übertragbarkeit, der Virulenz oder der Suszeptibilität gegenüber der Immunantwort von genesenen oder geimpften Personen vom ursprünglichen Wildtyp von SARS-CoV-2. Ab dem Frühjahr 2021 war die Alpha-Variante die dominierende Variante in Deutschland und ab der zweiten Jahreshälfte die Delta-Variante. Zum Jahresende 2021 wurde sie durch die Omikron-Variante abgelöst, wobei im Frühjahr insbesondere die Omikron-Subvariante BA.1 zirkulierte, gefolgt von der Subvariante BA.2 im Frühsommer und Omikron BA.5 in der zweiten Jahreshälfte. Das Jahr 2023 war vom Frühjahr bis Herbst hauptsächlich durch die Zirkulation verschiedener rekombinanter Varianten geprägt. Diese wurden zum Jahresende 2023 wieder durch die Sublinien der Omikron-Variante BA.2 abgelöst.

Für das Jahr 2023 wurde bei der Mehrheit der Fälle mit Angabe zur Virusvariante die Omikron-Variante ($n=32.360$) oder eine Rekombinante ($n=12.577$) nachgewiesen. Bei der Mehrzahl der übermittelten Fälle lagen jedoch keine weitergehenden Informationen zu spezifischen Varianten vor. Nach dem Auftreten von Omikron Anfang 2022 wurden aber keine neuen Varianten mehr detektiert, die nachweislich eine im Vergleich zu Omikron erhöhte klinische Krankheitsschwere verursachen.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 7.537 Ausbrüche mit insgesamt 41.018 COVID-19-Fällen übermittelt. Durchschnittlich wurden pro Ausbruch 5 Fälle übermittelt. Der Altersmedian von Fällen in Ausbrüchen lag bei 75 Jahren, Personen unter 30 Jahren nahmen einen Anteil von 7 % ein.

Etwa zwei Drittel (70 %) der Ausbruchsfälle gehörte zu größeren Ausbruchsgeschehen mit mindestens 5 Fällen (insgesamt 2.903 Ausbrüche; 39 % aller Ausbrüche). Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen wurden hauptsächlich in Krankenhäusern (62 % der Ausbrüche mit mindestens

5 Fällen) verzeichnet sowie in Alten- und Pflegeheimen (21 %). Der Anteil an Ausbrüchen in Krankenhäusern stieg dabei im Vergleich zum Vorjahr (9 %) deutlich an, was insbesondere auf die veränderte Teststrategie und einer höheren Erfassungsrate in diesem Setting zurückzuführen ist.

Datenqualität

Die Datenerfassung wurde im Verlauf kontinuierlich an die neuen wissenschaftlichen Erkenntnisse und gesetzlichen Vorgaben angepasst. So wurden z. B. Felder zur Erfassung von weiteren Symptomen wie Geruchs- und Geschmacksverlust implementiert sowie Felder zur Erfassung des Impfstatus und des Nachweises einer Virusvariante oder von Mutationen.

Mit den Meldedaten kann der zeitliche Verlauf der jeweiligen Erkrankungswellen gut wiedergegeben werden. Es ist jedoch nicht möglich, alle Fälle im Meldesystem zu erfassen. Da die Meldung von SARS-CoV-2-Nachweisen bzw. COVID-19 an das medizinische Versorgungssystem und der angewendeten Teststrategie gekoppelt ist und die Referenzdefinition des RKI zudem nur durch PCR oder Virusisolierung erfüllt ist, aber nicht durch Antigennachweise, wurden insbesondere Personen mit einem milden oder asymptomatischen Krankheitsverlauf seltener erfasst. Zudem sind Personengruppen, die systematisch getestet werden (z. B. im Krankenhaus bzw. bei einer Krankenhauseinweisung), einer geringeren Untererfassung unterlegen und somit im Verhältnis zum Infektionsgeschehen in der Gesamtbevölkerung in den Meldedaten überrepräsentiert. Daher wurden neben den Meldedaten im Rahmen der COVID-19- und ARE-Berichterstattung weitere etablierte Surveillance-Systeme wie bspw. die syndromische und virologische Sentinelsurveillance akuter Atemwegserkrankungen einbezogen.

Fazit

Im Jahr 2023 ging die COVID-19-Pandemie in ein endemisches Geschehen über. Die Erkrankungswellen fielen insgesamt schwächer aus, wobei die meisten Fälle insbesondere in der typischen Erkältungszeit im Frühjahr und gegen Jahresende beobachtet wurden.

Bei den altersspezifischen Inzidenzen kam es im Vergleich zum Vorjahr zu einer Verschiebung. Im Jahr 2022 wurden die höchsten altersspezifischen Inzidenzen noch bei den 10- bis 19-Jährigen registriert, auch bedingt durch die damals hohe Testfrequenz in dieser Altersgruppe. Mit dem Ende der kostenlosen Testungen für die Allgemeinbevölkerung Ende 2022/Anfang 2023 traten Altersgruppen, die in bestimmten Einrichtungen weiterhin getestet werden (z. B. Krankenhaus, Alten-/Pflegeheim), in den Fokus. So hatten im Jahr 2023 Personen ab 80 Jahren die höchsten altersspezifischen Inzidenzen. Personen ab 80 Jahren hatten auch häufiger schwere Krankheitsverläufe, was sich im höheren Anteil an hospitalisierten und verstorbenen Fällen in dieser Altersgruppe widerspiegelt. Geschlechtsspezifische Unterschiede zeigten sich zum einen in den altersspezifischen

Inzidenzen, wobei in den Altersgruppen der 15- bis 59-Jährigen die Inzidenz bei den Frauen höher lag und bei den ab 70-Jährigen die der Männer. Unter den tödlich verlaufenden Erkrankungen war der Anteil an Fällen mit männlichem Geschlecht etwas höher.

Die Auswirkungen der veränderten Teststrategie spiegeln sich auch in den Ausbruchsettings wider. Hier ist insbesondere der Anteil an Ausbrüchen im Krankenhaus-Setting gestiegen und war im Jahr 2023 mit 62 % unter Ausbrüchen mit mindestens 5 Fällen das häufigste Infektionsumfeld.

Literaturhinweise

- Loenenbach A, Lehfeld AS, Puetz P, et al.: *Participatory, Virologic, and Wastewater Surveillance Data to Assess Underestimation of COVID-19 Incidence, Germany, 2020–2024*. Emerg Infect Dis. 2024;30(9). <https://doi.org/10.3201/eid3009.240640>
- Lehfeld AS, Buda S, Haas W, et al.: *Änderung des COVID-Symptomprofils während der Coronapandemie – Analyse der deutschen Meldedaten*. Dtsch Arztebl Int 2023;120(24). <https://doi.org/10.3238/arztebl.m2023.0018>
- RKI: *RKI-Ratgeber zu COVID-19*. 2024. <https://www.rki.de/ratgeber>
- RKI: *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zu akuten Atemwegserkrankungen und COVID-19*. 2025. <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQs/DE/COVID-19/FAQ-gesamt.html>
- RKI: *COVID-19 und Impfen: Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ)*. 2025. <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQs/DE/Impfen/COVID-19/gesamt.html>
- RKI: *Dashboard zu SARS-CoV-2-Varianten in Deutschland (Integrierte Genomische Surveillance)*. 2024. https://public.data.rki.de/t/public/views/IGS_Dashboard/DashboardVOC
- RKI: *Management von COVID-19-Ausbrüchen im Gesundheitswesen*. 2023. https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/C/COVID-19/Management_Ausbruch_Gesundheitswesen.html
- Schilling J, Lehfeld AS, Cai W, Diercke W, Buda S: *Ausbrüche und Ausbruchsfälle mit COVID-19, Influenza und RSV-Infektion – ein Rückblick auf die Saison 2023/24*. Epid Bull 2024;39. <https://doi.org/10.25646/12855>
- STIKO: *STIKO-Empfehlung zur COVID-19-Impfung, wissenschaftliche Begründungen und frühere Aktualisierungen*. 2024. <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Impfen/Impfungen-A-Z/COVID-19/Impfempfehlung-Zusfassung.html>
- Tolksdorf K, Loenenbach A, Buda S: *Dritte Aktualisierung der »Retrospektiven Phaseneinteilung der COVID-19-Pandemie in Deutschland«*. Epid Bull 2022;38. <https://doi.org/10.25646/10598>

6.13 Denguefieber



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: **953**
- Fallzahlen 2023 erstmals nach Reiseeinschränkungen der COVID-19-Pandemie wieder im Bereich der Vorjahre
- Anstieg der Fallzahlen pro Quartal setzt sich in 2024 fort

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 seltenen 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. Weite Teile der Tropen und Teile der Subtropen auf allen Kontinenten sind Endemiegebiete. Auch in Südeuropa und Teilen Deutschlands gibt es die als Vektoren für Denguevirus geeigneten *Aedes albopictus* Stechmücken. In Deutschland wurden jedoch noch keine mückenübertragenen autochthonen Denguevirus-Infektionen verzeichnet.

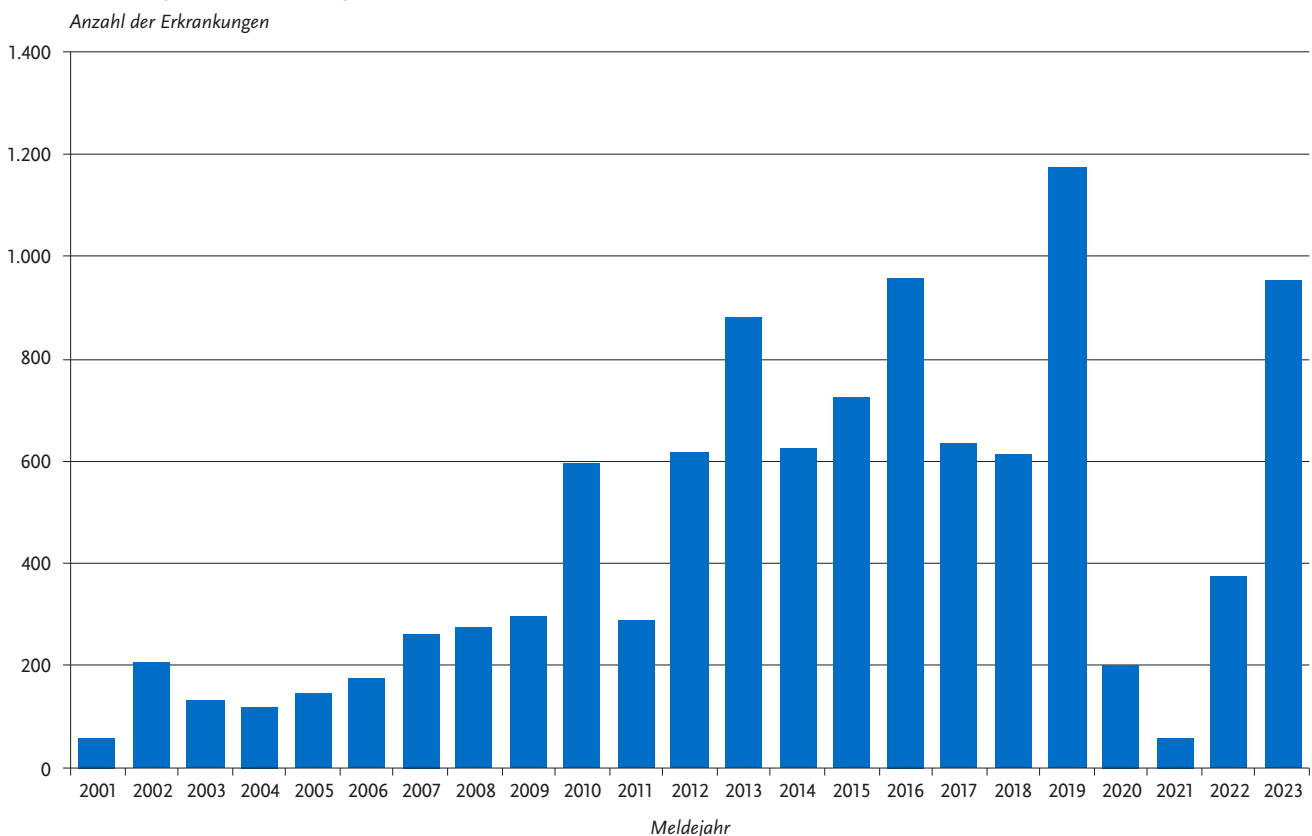
Falldefinition

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

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 953 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt. Diese Fallzahl liegt wieder im Bereich der Fallzahlen der Jahre vor der COVID-19-Pandemie, während der das Fernreiseverhalten verändert war. Die Fallzahl von 2023 liegt unter den 1.175 Fällen des Jahre 2019, aber 31 % höher als der Median der Vorjahre 2015 bis 2019 (s. Abb. 6.13.1). Die Inzidenz betrug im Jahr 2023 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Insgesamt 63 % der Erkrankungen wurden im III. und IV. Quartal 2023 übermittelt.

Abb. 6.13.1:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Tab. 6.13.1:
Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	375	93 %	953	92 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	15	4 %	53	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	13	3 %	33	3 %
alle	403	100 %	1.039	100 %
Referenzdefinition (C)	375	93 %	953	92 %

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich in den Bundesländern Berlin (2,4 Erkr./100.000 Einw.), gefolgt von Hamburg (1,8), Baden-Württemberg (1,7) und Bayern (1,6).

Zu den 953 Erkrankungen lagen 1.009 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.13.2 sind die 10 am häufigsten genannten Infektionsländer aufgeführt. Wie in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie wurde Thailand am häufigsten angegeben (27 % der Nennungen), gefolgt von Indonesien und Mexiko (jeweils 7 %). Im Vergleich zum Vorjahr wurden anteilig wieder mehr Infektionen in Asien erworben (61 % der Nennungen; Vorjahr: 43 %) und weniger in den Amerikas (26 % der Nennungen, Vorjahr 43 %) und Afrika (9 %; Vorjahr: 14 %). Europäische Überseegebiete wurden selten genannt (4 % der Nennungen, Vorjahr < 1 %), Länder in Australien/Ozeanien sehr selten (< 1 % der Nennungen, Vorjahr 0 %).

Als bislang eher ungewöhnliches und in 2023 häufig genanntes Infektionsland trat Ägypten in Erscheinung. Insgesamt 32 in Ägypten erworbene Denguefieberfälle wurden 2023 übermittelt, davon 29 im zweiten Halbjahr. Die meisten hatten sich ausschließlich an der Küste des Roten Meeres aufgehalten. Weitere Fälle folgten zu Jahresbeginn 2024. Während es in den direkten Vorjahren 2022 und 2021 keine Fälle aus Ägypten gab, wurden in den 5 Jahren davor (2016 bis 2020) nur jeweils 0 bis 7 Fälle aus Ägypten übermittelt (Median 4).

Tab. 6.13.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2023 (Mehrfachnennungen möglich, 951 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	275	27 %
Indonesien	72	7 %
Mexiko	66	7 %
Indien	63	6 %
Costa Rica	45	4 %
Malediven	43	4 %
Vietnam	36	4 %
Kuba	35	3 %
Ägypten	32	3 %
Frankreich (Überseegebiete)	31	3 %
Andere	311	31 %
Summe	1.009	100 %

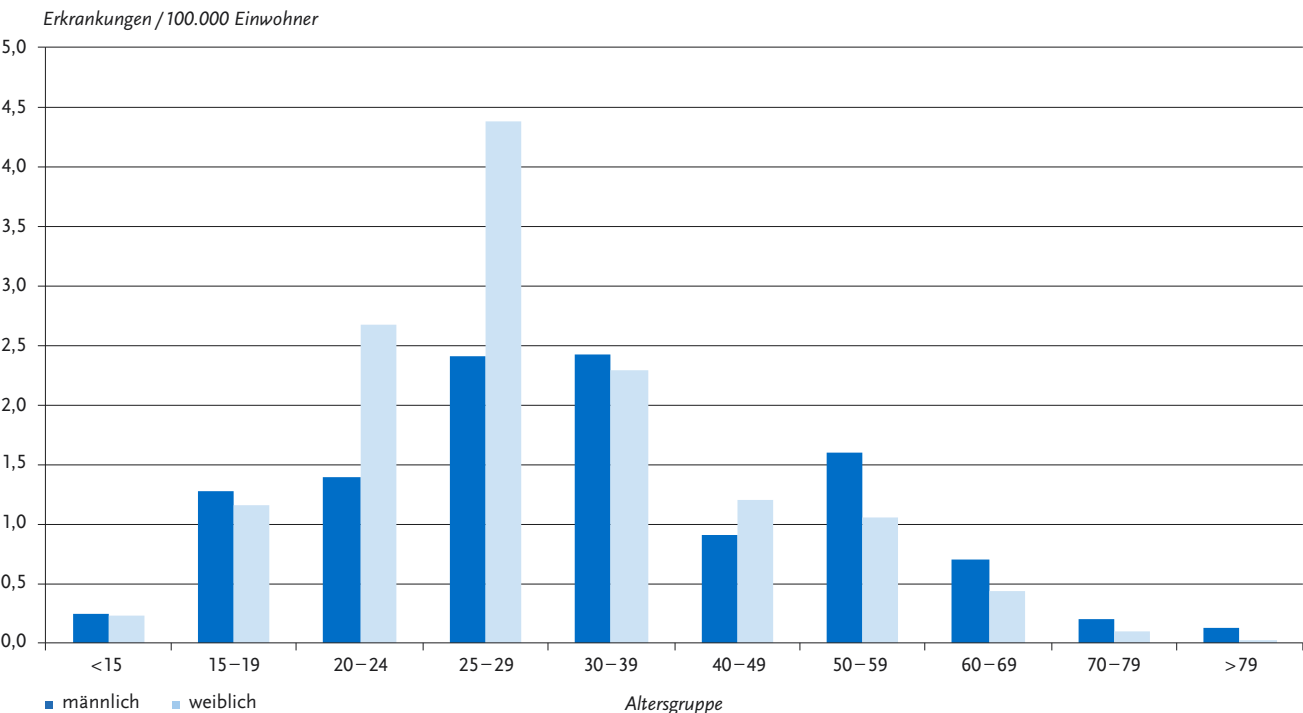
Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen beobachtet. Die wie in den Vorjahren niedrige Inzidenz unter Kindern und Senioren spiegelt vermutlich die Altersverteilung bei Fernreisenden wider (s. Abb. 6.13.2). Von allen erkrankten Personen waren 51 % weiblich.

Klinische Aspekte

Bei zwei erwachsenen Personen wurde die Krankheitsform eines hämorrhagischen Denguefiebers übermittelt (Infektionsländer: Thailand und Bangladesch). Beide wurden

Abb. 6.13.2:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=950)



hospitalisiert, aber überlebten. Fälle, die die Kriterien für ein Dengue-Schock-Syndrom erfüllen sowie Todesfälle an Denguefieber wurden 2023 nicht übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 10 Herde mit jeweils 2 gemeinsam betroffenen zusammen reisenden Personen übermittelt (20 Fälle). Im Vorjahr hatten 3 Herde insgesamt 7 Fälle umfasst.

Datenqualität

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

Unabhängig davon sind weiterhin Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod durch Denguefieber mit hämorrhagischem Verlauf gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG vom behandelnden Arzt zu melden. Da die Meldepflicht nur in Deutschland festgestellte Erkrankungen und nachgewiesene Erreger erfasst, werden die bereits im Reiseland durchgemachten und nur dort diagnostizierten Infektionen nicht berücksichtigt.

Fazit

Die Anzahl der Denguevirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark abhängig von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie Veränderungen der Reiseaktivität. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren vor.

Literaturhinweise

- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. *Epid Bull* 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- Frank C, Lachmann R, Wilking H, Stark K.: *Increase in dengue fever in travellers returning from Egypt, Germany 2023*. *Euro Surveill* 2024;29(5). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.5.2400042>
- García-San-Miguel L, Giménez-Durán J, Saravia-Campelli G, et al.: *Detection of dengue in German tourists returning from Ibiza, Spain, related to an autochthonous outbreak, August to October 2022*. *Euro Surveill* 2024;29(14). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.14.2300296>
- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. *Euro Surveill* 2023. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Gossner CM, Fournet N, Frank C, et al.: *Dengue virus infections among European travellers, 2015 to 2019*. *Euro Surveill* 2022;27(2). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.2.2001937>
- RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. *Epid Bull* 2019;27.

6.14 Diphtherie



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 135
- ▶ Die Anzahl der Fälle war im Jahr zuvor (2022) stark angestiegen (n=172), vor allem aufgrund importierter Diphtherie-Fälle mit *Corynebacterium (C.) diphtheriae* unter neu ankommenden Asylsuchenden (n=144).
- ▶ Im Jahr 2023 gab es 103 Fälle mit *C. diphtheriae*, 26 Fälle mit *C. ulcerans* und 6 Fälle ohne Angabe des genauen Erregers, wahrscheinlich *C. diphtheriae*.
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung schützt vor schwerer Erkrankung.
- ▶ Informationen zum Impfschutz liegen für die Hälfte der Fälle vor (49 %).

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*. Seit der IfSG-Änderung im Jahr 2017 sind alle Diphtherie-Toxin-bildenden Corynebakterien melde- und übermittlungspflichtig. Diphtherie kann sich unterschiedlich manifestieren, z. B. als klassische Tonsillen- oder Rachendiphtherie mit schwerer Rachenentzündung und weiß-gräulichen 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 sowie indirekt über kontaminierte Oberflächen. Bei der durch *C. ulcerans* hervorgerufenen Diphtherie werden die Erreger vorwiegend vom Tier zum Menschen übertragen, insbesondere durch Kontakt mit infizierten oder kolonisierten Katzen, Hunden oder anderen Haustieren sowie Nutztieren. Diphtherie gehört zu den impfpräventablen Erkrankungen. Seit Mitte 2020 empfiehlt die STIKO ein 2+1-Impfschema und für die Grundimmunisierung einen Sechsfach-Impfstoff, der gegen Diphtherie sowie Tetanus, Pertussis, Poliomyelitis, *Haemophilus influenzae* Typ B und Hepatitis B schützt. 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 basiert auf dem Diphtherie-Toxin von *C. diphtheriae*, verhindert toxinbedingte Symptome und beugt somit schwerwiegenden Krankheitsverläufen vor. Die Impfung verhindert jedoch nicht die Kolonisierung mit *Corynebacterium* spp. Die Schutzwirkung gegen andere Diphtherie-Toxin-produzierende Corynebakterien (z. B. *C. ulcerans*) ist bisher nicht ausreichend nachgewiesen; ein Schutz durch kreuzreagierende Antikörper wird allerdings vermutet.

Falldefinition

Die Referenzdefinition umfasst klinisch-labordiagnostisch und klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen. Eine labordiagnostisch bestätigte Erkrankung ist erfüllt, wenn ein positiver Befund bei beiden folgenden Untersuchungsschritten vorliegt: Erregerisolierung in einer Kultur und Nachweis der Toxigenität (z. B. durch Nachweis des Toxins mittels Elek-Tests oder Nukleinsäurenachweis des Diphtherie-Toxin-Gens mittels PCR). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 143 Diphtherie-Fälle übermittelt, von denen 135 (94%) die Referenzdefinition erfüllten (2022: 172 Fälle nach Referenzdefinition). Die bundesweite Inzidenz betrug 0,16 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2022: 0,21 Erkr./100.000 Einw.). In den sechs Vorjahren (2016 bis 2021) schwankte die Zahl der Fälle zwischen 10 und 26, die Inzidenz blieb unter 0,05 Erkr./100.000 Einw.. Obwohl die Fallzahl im Jahr 2023 im Vergleich zu 2022 um 22 % zurückgegangen ist, so ist sie weiterhin hoch, und das Jahr 2023 ist dem Jahr 2022 ähnlicher als den Jahren zuvor. Dies ist vor allem darauf zurückzuführen, dass in Deutschland und Europa ab 2022 ein Anstieg importierter Fälle mit *C. diphtheriae* unter Asylsuchenden beobachtet wurde, welcher im Jahr 2023 weiter anhielt (s. Abb. 6.14.1).

Geografische Verteilung

Die Diphtherie-Fälle wurden aus 13 Bundesländern übermittelt. Mit 46 Fällen (34%) wurde über ein Drittel aller Fälle aus Baden-Württemberg übermittelt. Weitere Fälle wurden aus Hessen (16), Sachsen (13), Rheinland-Pfalz (12), Brandenburg (11), Bayern (10), Nordrhein-Westfalen (9), Hamburg (6), Niedersachsen (5), Sachsen-Anhalt (4) sowie aus Berlin, Schleswig-Holstein und Thüringen (jeweils 1) übermittelt. Es wurden keine Diphtherie-Fälle aus Bremen, Mecklenburg-Vorpommern und Saarland übermittelt.

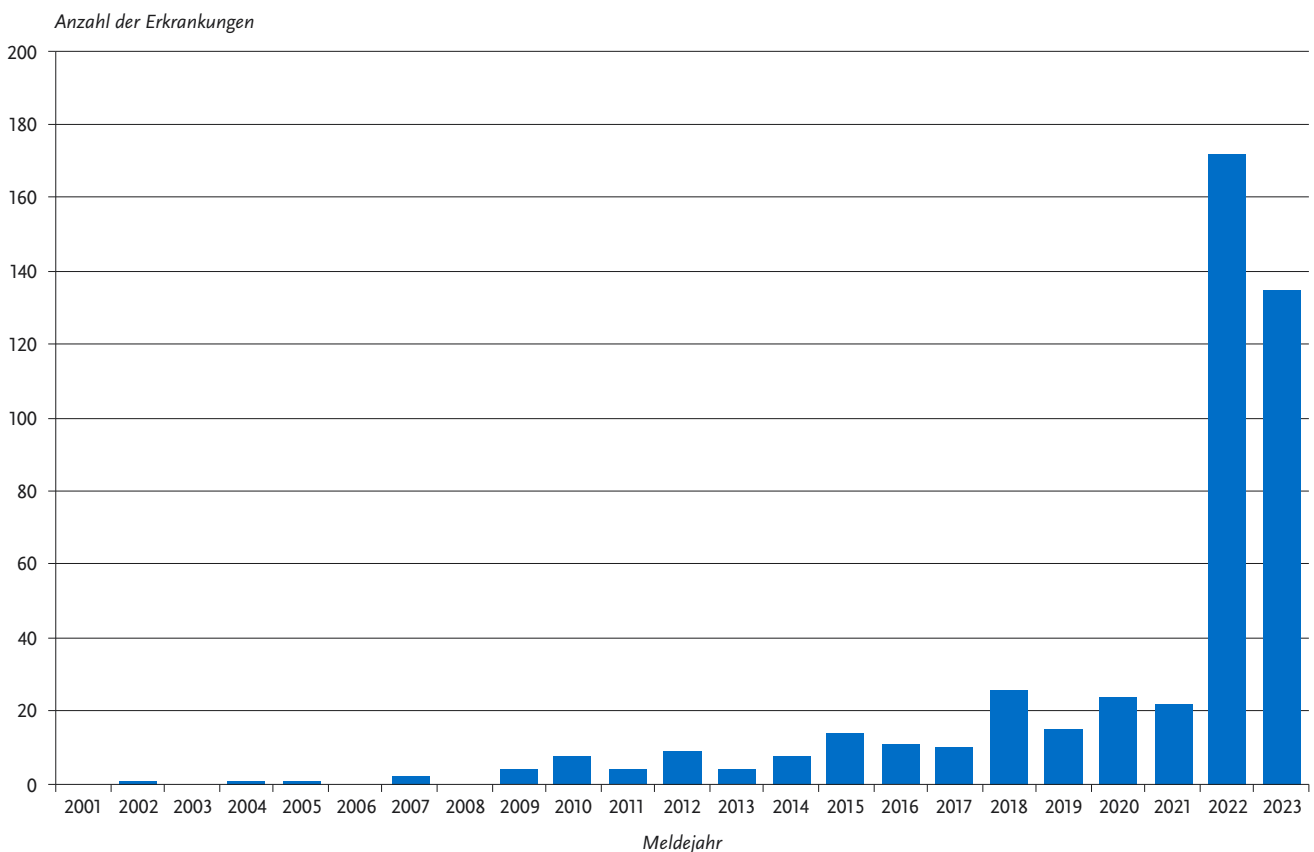
Nachgewiesene Erreger

Von den 135 Diphtherie-Fällen wurden 103 durch *C. diphtheriae* (76 %) und 26 durch *C. ulcerans* (19 %) hervorgerufen. Sechs weitere Fälle (4 %) wurden wahrscheinlich durch *C. diphtheriae* hervorgerufen: Es wurden keine Proben labordiagnostisch untersucht, jedoch gab es einen epidemiologischen Zusammenhang mit einem laborbestätigten Fall von *C. diphtheriae*. Die Verteilung zwischen den Erregern war ähnlich wie 2022, als 149 Fälle mit *C. diphtheriae* (87 %) und 22 Fälle mit *C. ulcerans* (13 %) übermittelt worden waren.

Demografische Verteilung

Von den 135 Diphtherie-Fällen waren 106 (79 %) männlich und 27 (20 %) weiblich; bei 2 (2 %) Fällen mit *C. diphtheriae* wurde das Geschlecht nicht übermittelt. Dieses Ungleichgewicht ist darauf zurückzuführen, dass ein Großteil der Fälle

Abb. 6.14.1:
Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



importierte Diphtherie-Fälle darstellten und von dem vor allem Männer betroffen waren; wobei 92 (89 %) der 103 Fälle mit *C. diphtheriae* männlich waren und 14 (54 %) der 26 Fälle mit *C. ulcerans*. Diese Situation ist ähnlich wie im Jahr 2022, als *C. diphtheriae* ausschließlich bei Männern übermittelt wurde und 59 % der Fälle mit *C. ulcerans* Männer waren.

Es gab einen Fall mit *C. diphtheriae*, der jünger als 5 Jahre war. Die Mehrzahl der Fälle wurde bei 15- bis 29-Jährigen übermittelt 86 (64 %) von 135 Fällen. Ähnlich wie das Ungleichgewicht zwischen den Geschlechtern ist dies darauf zurückzuführen, dass wie im Jahr 2022 Betroffene mit importierter *C. diphtheriae* oft unbegleitete Minderjährige oder junge Erwachsene waren. Unter den 26 Fällen mit *C. ulcerans* wurde bei 19 (73 %) ein Alter 60 Jahre oder älter angegeben.

Klinische Aspekte

Von den 103 Fällen mit Labornachweis für *C. diphtheriae* manifestierten sich 97 (94 %) als Hautdiphtherie und 6 (6 %) als respiratorische Diphtherie, davon 3 als klassische respiratorische Diphtherie. Von den 26 Fällen mit *C. ulcerans* waren 25 (96 %) eine Hautdiphtherie sowie in einem Fall eine respiratorische Diphtherie. Dies entspricht der Verteilung im Vorjahr, als unter Fällen mit *C. diphtheriae* und *C. ulcerans* jeweils 91 % als Hautdiphtherie und 9 % als respiratorische Diphtherie übermittelt wurden. Die 6 Fälle, die ohne Labornachweis, aber mit epidemiologischer Verbindung zu einem Fall mit *C. diphtheriae* stehen, hatten eine Hautdiphtherie. Es wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit einer Diphtherie-Erkrankung übermittelt. Dabei handelte es sich um einen 56-jährigen Menschen in Wohnungslosigkeit mit Hautdiphtherie und labordiagnostischem Nachweis von *C. ulcerans*. Der Mann verstarb an einer Sepsis, die er nach Angaben des zuständigen Gesundheitsamts infolge der Hautdiphtherie entwickelt hatte.

Ausbrüche

Ausbrüche von Diphtherie sind in Deutschland selten. Im Jahr 2023 gab es zwei neue Ausbrüche. Ein Ausbruch betraf eine Familie, die nach einer Auslandsreise in Asien Hautdiphtherie entwickelt hatte. Bei einem der 7 Fälle wurde *C. diphtheriae* labordiagnostisch nachgewiesen, die 6 anderen Fälle wurden als klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle übermittelt. Außerdem wurde 2023 erstmals ein Ausbruch unter Menschen in Wohnungslosigkeit dokumentiert. Hierbei wurden in einer Metropolregion Deutschlands innerhalb von zwei Monaten 5 Fälle von Hautdiphtherie mit toxischem *C. diphtheriae* identifiziert.

Impfstatus

Informationen zum Impfstatus lagen bei 66 (49 %) der 135 Fälle vor, darunter bei 46 % der Fälle mit *C. diphtheriae* und bei 62 % der Fälle mit *C. ulcerans*. Im Jahr 2022 hingegen lagen bei 33 % der Fälle Angaben zum Impfstatus vor, darunter bei 28 % der Fälle mit *C. diphtheriae* und bei 68 % der Fälle mit *C. ulcerans*. Unter den 66 Fällen mit Angaben zum Impfstatus waren 37 (56 %) gegen Diphtherie geimpft

(2022: 57 %) und 29 (44 %) nicht gegen Diphtherie geimpft (2022: 43 %). Von den 37 geimpften Fällen gaben 26 an, eine Impfstoffdosis erhalten zu haben, 2 Personen hatten 2 Impfstoffdosen erhalten, eine Person hatte 5 Impfstoffdosen erhalten. Für 8 Fälle wurde die Anzahl der Dosen nicht angegeben. Bei 16 geimpften Fällen war das Datum der letzten Impfung und das Datum des Krankheitsbeginns bekannt. Bei 6 von ihnen war die jüngste Impfung innerhalb der vorangegangenen 10 Jahre erfolgt, sodass bei ihnen von einem aktuellen Impfschutz ausgegangen werden kann.

Fazit

Mit 135 Diphtherie-Fällen war die Fallzahl im Jahr 2023 niedriger als im Jahr 2022, jedoch weiterhin deutlich höher als in den Vorjahren. Für diesen Anstieg gibt es insbesondere zwei Ursachen: Zum einen ist die erneut hohe Zahl an Fällen mit *C. diphtheriae* im Vergleich zu den Jahren vor 2022 (2021: 9, 2022: 149, 2023: 109) darauf zurückzuführen, dass der im Jahr 2022 beobachtete Anstieg importierter Diphtherie-Fälle auch im Jahr 2023 noch andauerte. Das Europäische Zentrum für die Prävention und Kontrolle von Krankheiten (ECDC) geht auf Basis der vorliegenden Daten nicht von einem erhöhten lokalen Infektionsgeschehen aufgrund der Zunahme der importierten Diphtherie-Fälle aus (Stand: Februar 2024). Zum anderen steht der Anstieg der durch *C. ulcerans* hervorgerufenen Fälle im Einklang mit der Entwicklung in den Vorjahren, in denen vermehrt Hautdiphtherie-Fälle mit *C. ulcerans* übermittelt wurden (2021: 13, 2022: 22, 2023: 26). Diese gehen auch auf den mittlerweile weit verbreiteten Einsatz der MALDI-TOF-Massenspektrometrie zurück, die die Erregerdifferenzierung deutlich vereinfacht und eine schnelle und kostengünstige Identifizierung von Spezies in Mischkulturen ermöglicht.

Die große Mehrheit der Diphtherie-Fälle manifestiert sich als Hautdiphtherie. Der übermittelte Todesfall aufgrund einer Diphtherie-Erkrankung mit *C. ulcerans* unterstreicht, dass es in Einzelfällen zu schweren Komplikationen aufgrund von Hautdiphtherie-Fällen kommen kann. Die durch *C. diphtheriae* und *C. ulcerans* hervorgerufenen Diphtherie-Erkrankungen unterscheiden sich bezüglich der Geschlechts- und Altersverteilung. Im Jahr 2023 wurde erstmals ein Diphtherie-Ausbruch mit toxischem *C. diphtheriae* unter Menschen in Wohnungslosigkeit in einer Metropolregion dokumentiert.

Der beste Schutz gegen schwerwiegende Erkrankungen ist die Schutzimpfung gegen Diphtherie. Da sich die Diphtherie-Impfung gegen das Diphtherie-Toxin richtet und nicht gegen den Diphtherie-Erreger, kann es auch bei Geimpften zu einer Besiedlung oder einem milden Verlauf kommen. Somit ist – besonders bei der Manifestation als Hautdiphtherie – die Unterscheidung zwischen Besiedlung und Infektion oft nicht möglich. Ebenso sind die Daten über den Impfstatus der übermittelten Diphtherie-Fälle, inklusive Anzahl und Zeitpunkt der Impfungen, weiterhin sehr unvollständig und lassen nur eine eingeschränkte Aus- und Bewertung zu.

Literaturhinweise

- Badenschier F, Berger A, Dangel A, et al.: *Outbreak of imported diphtheria with *Corynebacterium diphtheriae* among migrants arriving in Germany*, 2022. Euro Surveill 2022;27(46). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.46.2200849>
- European Centre for Disease Prevention and Control: *Communicable Disease Threat Reports – Week 7, 11–17 Februar 2024*. Stockholm;2024.
- European Centre for Disease Prevention and Control: *Increase of reported diphtheria cases due to *Corynebacterium diphtheriae* among migrants in Europe – 6 October 2022*. Stockholm;2022.
- Muscat M, Gebrie B, Efstratiou A, Datta SS, Daniels D: *Diphtheria in the WHO European Region, 2010 to 2019*. Euro Surveill 2022;27(8). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.8.2100058>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2018. www.rki.de/ratgeber
- Sing A, Badenschier F, Dangel A, et al.: *Häufung von Diphtherie-Fällen bei Geflüchteten, die in Deutschland im Jahr 2022 angekommen sind*. Dtsch Arztebl Int 2023;120(33–34). <https://doi.org/10.3238/arztebl.m2023.0091>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6955.2>
- Truelove SA, Keegan LT, Moss WJ, et al.: *Clinical and Epidemiological Aspects of Diphtheria: A Systematic Review and Pooled Analysis*. Clin Infect Dis. 2020;71(1). <https://doi.org/10.1093/cid/ciz808>
- WHO: *WHO laboratory manual for the diagnosis of diphtheria and other related infections*. 2021. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/352275>

6.15 Echinokokkose



- Fälle 2023:
- 36 alveoläre Echinokokkosen,
 - 113 zystische Echinokokkosen und
 - 22 nicht differenzierte Echinokokkosen

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 113 zystische Echinokokkosen und 36 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 22-mal gemeldet (s. Tab. 6.15.1).

Zystische Echinokokkose

Die 113 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus allen Bundesländern außer dem Saarland gemeldet: Nordrhein-Westfalen (22 Fälle), Bayern (19), Niedersachsen (15), Berlin (14), Baden-Württemberg (11), Hessen (10), Schleswig-Holstein (5), Brandenburg (4), Hamburg (3), Sachsen-Anhalt (3), Rheinland-Pfalz (2), Mecklenburg-Vorpommern (2), Bremen (1), Sachsen (1) und Thüringen (1). Aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, kann jedoch nicht auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Bei 79 Meldungen (70 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 11 Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 13 in Syrien, 11 in der Türkei und weitere 43 in anderen Ländern (s. Tab. 6.15.1).

Es erkrankten 65 männliche Personen und 47 weibliche Personen an zystischer Echinokokkose. Von den Erkrankten waren 88 % über 19 Jahre alt. Allerdings erkrankten auch 9 Jungen und 4 Mädchen bis 19 Jahre an zystischer Echinokokkose. Die Anzahl gemeldeter Fälle zeigt einen langfristig leicht ansteigenden Trend mit einem Median von 81 Fällen pro Jahr (s. Abb. 6.15.1).

Alveoläre Echinokokkose

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 36 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Personen aus 10 Bundesländern: Baden-Württemberg (12 Fälle), Bayern (11), Nordrhein-Westfalen (5), Hessen (2) und jeweils ein Fall aus Berlin, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, Sachsen Schleswig-Holstein und Thüringen. Auch hier kann aus der Angabe

Tab. 6.15.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2023

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	11	24	6	41
Syrien	13		1	14
Türkei	11			11
Bulgarien	9	1		10
Afghanistan	8		1	9
Rumänien	5			5
Ukraine	3		1	4
Irak	2			2
Russische Föderation	2			2
Marokko	1		1	2
Andere	14	1	1	16
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	79	26	11	116
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	34	10	11	55
Summe Fälle	113	36	22	171

Abb. 6.15.1:
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

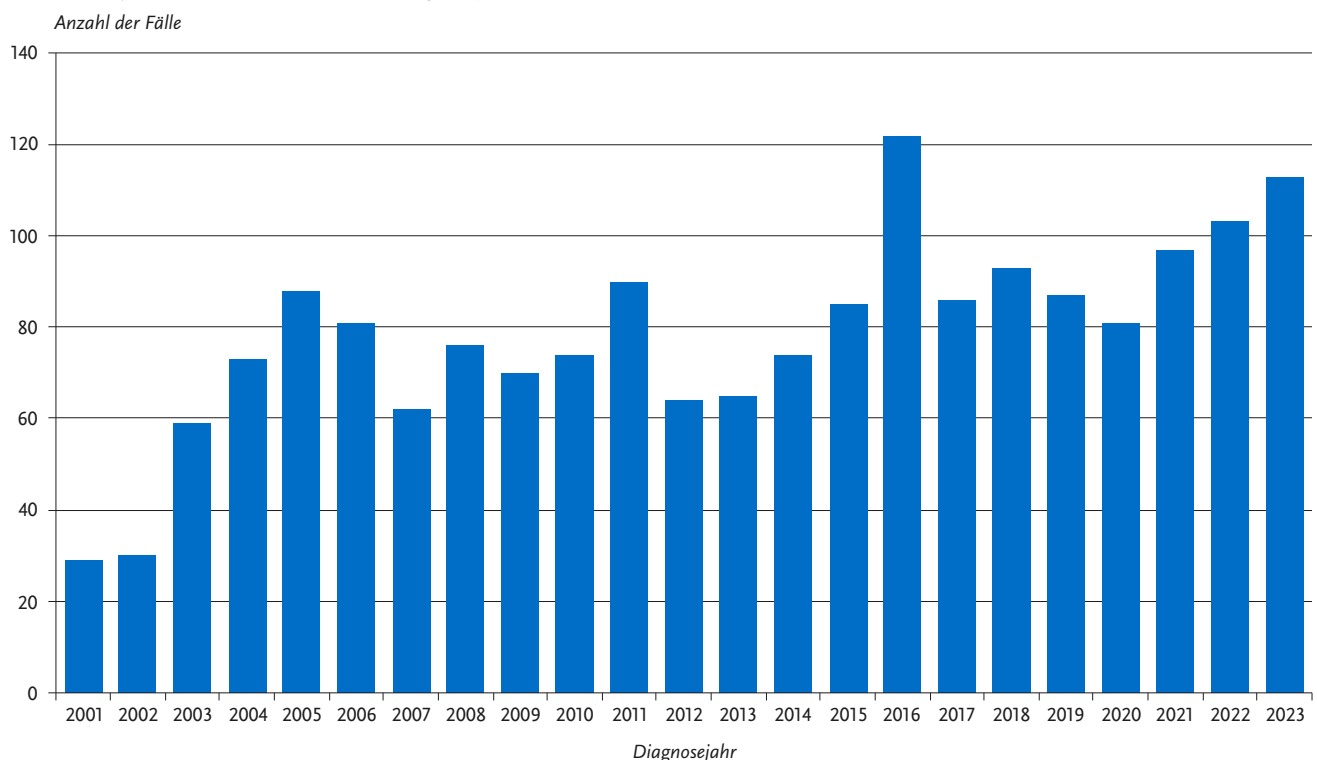
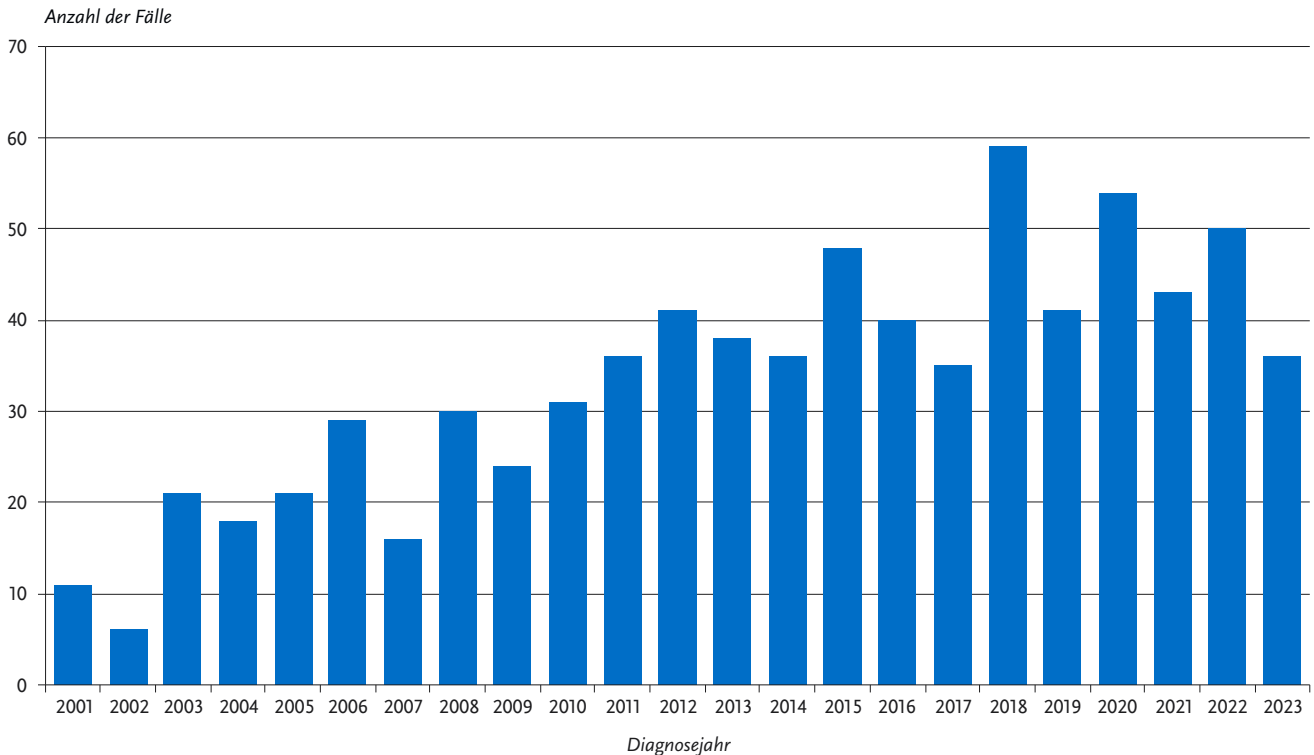


Abb. 6.15.2:
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



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 26 Fälle (72 %) vor, darunter entfielen 24 (92 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.15.1). Es waren 22 männliche und 14 weibliche Personen betroffen. Personen aller Altersgruppen über 20 Jahre waren betroffen. Die Meldezahlen im Jahr 2023 sind etwas niedriger als in den letzten fünf Jahren (s. Abb. 6.15.2).

Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 22 Fälle lag im Jahr 2023 keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 5 Fälle aus Baden-Württemberg, 5 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, 4 Fälle aus Bayern, 4 Fälle aus Hessen, 2 Fälle aus Rheinland-Pfalz und jeweils ein Fall aus Hamburg und Niedersachsen gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 11 Erkrankungen (50 %) vor, darunter entfielen 6 Nennungen auf Deutschland (s. Tab. 6.15.1). Unter den Erkrankten waren 10 männliche Personen und 12 weibliche Personen. Die Betroffenen waren, mit einer Ausnahme, alle älter als 19 Jahre.

Die Anzahl jährlich gemeldeter Echinokokkosen, die als nicht differenziert gemeldet wurden, schwankt seit 2001 zwischen 5 und 29 Fällen (Median 15 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 zum Teil nicht erfüllt sind.

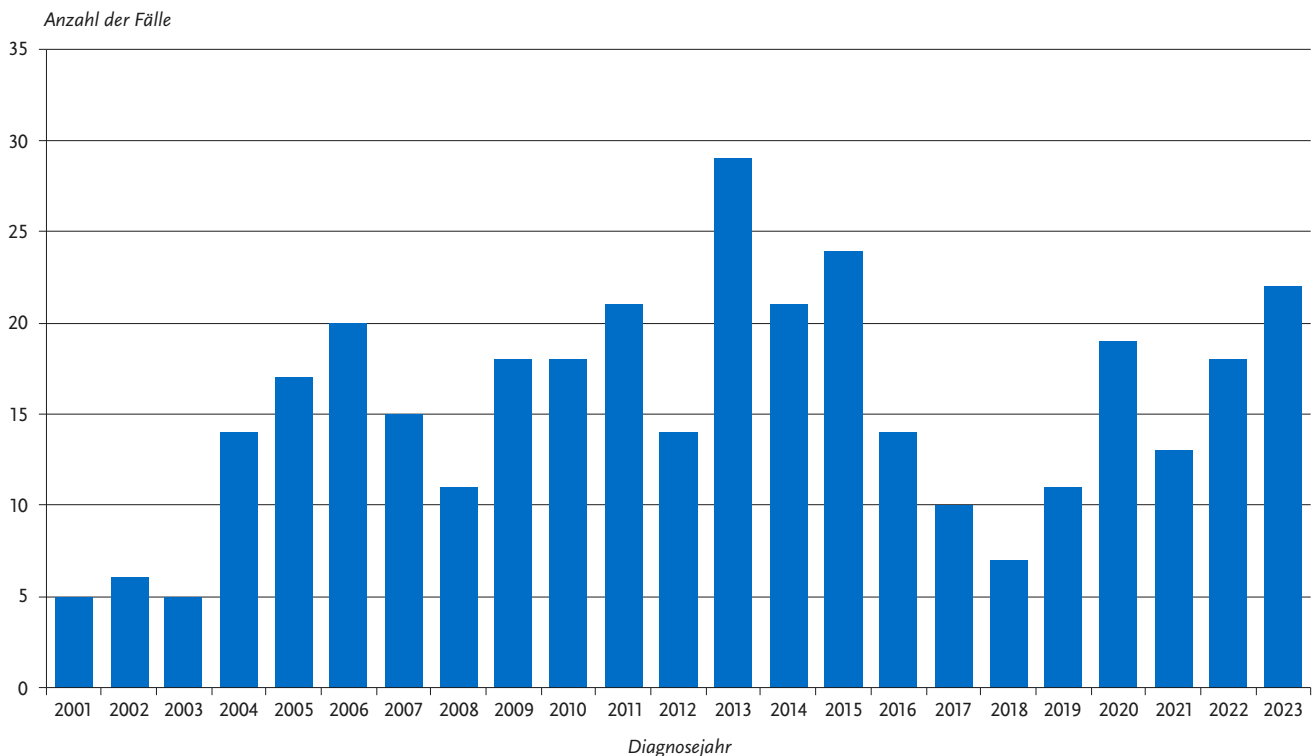
Da die alveoläre Echinokokkose als endemische und die zystische Echinokokkose als vorrangig importierte Infektion unterschiedliche epidemiologische Implikationen haben, sollten Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten.

Fazit

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

Abb. 6.15.3:

Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Literaturhinweise

- Brehm K: Die Echinokokkose – Eine Übersicht und neue Erkenntnisse in der Diagnostik, Therapie und Parasitenbiologie. *Epid Bull* 2017;15. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-019>
- 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;11(7). <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. <https://doi.org/10.1016/bs.apar.2016.09.006>
- Kratzer W, Schmidberger J, Hillenbrand A, et al.: Alveoläre Echinokokkose: Eine Herausforderung für Diagnostik, Therapie und Klinisches Management. *Epid Bull* 2019;41. <https://doi.org/10.25646/6307>
- RKI: RKI-Ratgeber. 2005. www.rki.de/ratgeber
- 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;83(11). <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;46(2). <https://doi.org/10.1007/s15010-017-1094-0>

6.16 EHEC-Erkrankung



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 3.442
- Starker Anstieg der Fallzahl im Vergleich zum Vorjahr vermutlich durch häufigere Anwendung von Multiplex-PCR-Assays
- 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 (E.) 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) 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. 6.30 behandelt wird.

Zeitlicher Verlauf

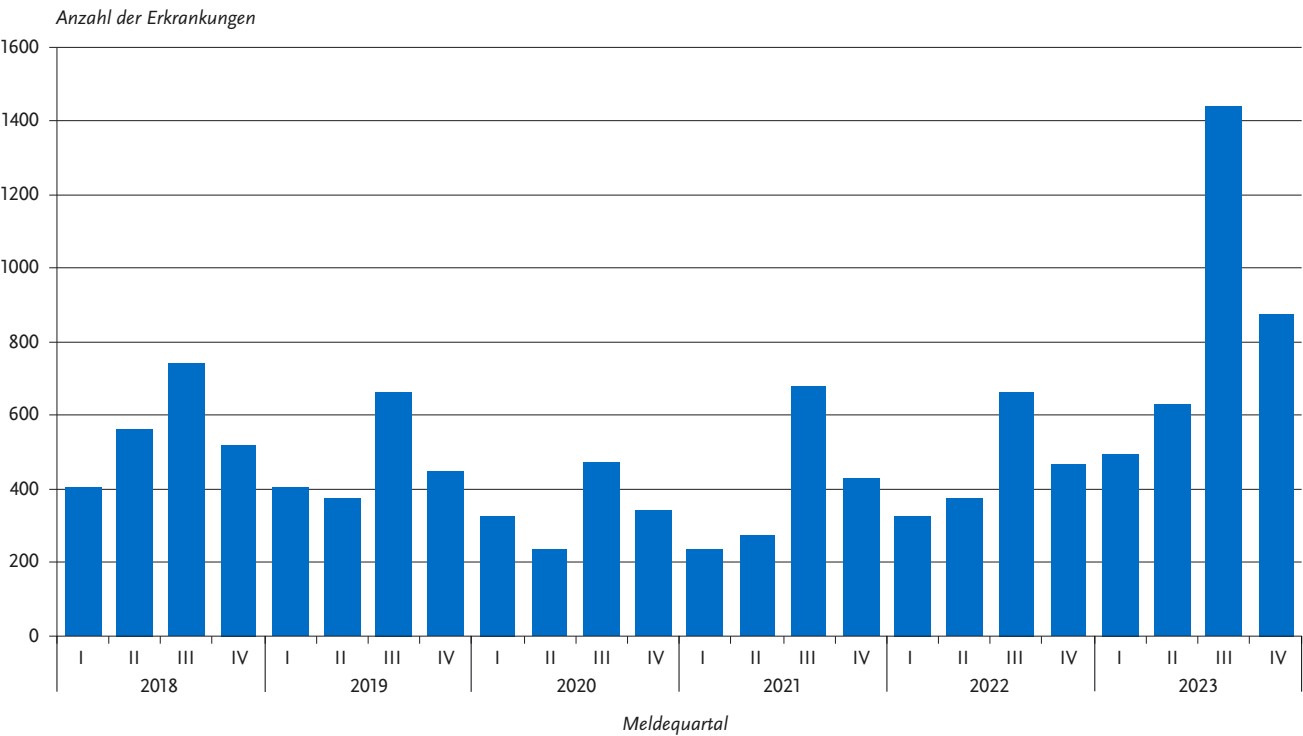
Im Jahr 2023 wurden 3.442 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2022: 1.829; Median 2018 bis 2022: 1.829). Dies ist eine Zunahme um 88 % gegenüber dem Vorjahr. Die meisten Erkrankungen (n=1.441; 42 %) wurden, wie in den Vorjahren, im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.16.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz betrug 4,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2022: 2,2 Erkr./100.000 Einw.). Im Saarland (1,7), in Hessen (1,8), Bayern (1,9) und Thüringen (1,9) waren die Inzidenzen am niedrigsten und in Niedersachsen (7,4), Nordrhein-Westfalen (6,4) und Schleswig-Holstein (5,9) am höchsten. In allen Bundesländern lag die Inzidenz höher als im Median der 5 Vorjahre. Die stärksten relativen Zuwächse zeigten sich in Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen, Bremen und Schleswig-Holstein (s. Abb. 6.16.2).

Bei 2.257 Erkrankungen (66 %, Vorjahr: 61 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (2.297 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 1.860-mal genannt (81 % der Nennungen). Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren Ägypten (94-mal), die Türkei (78-mal) und Spanien (29-mal).

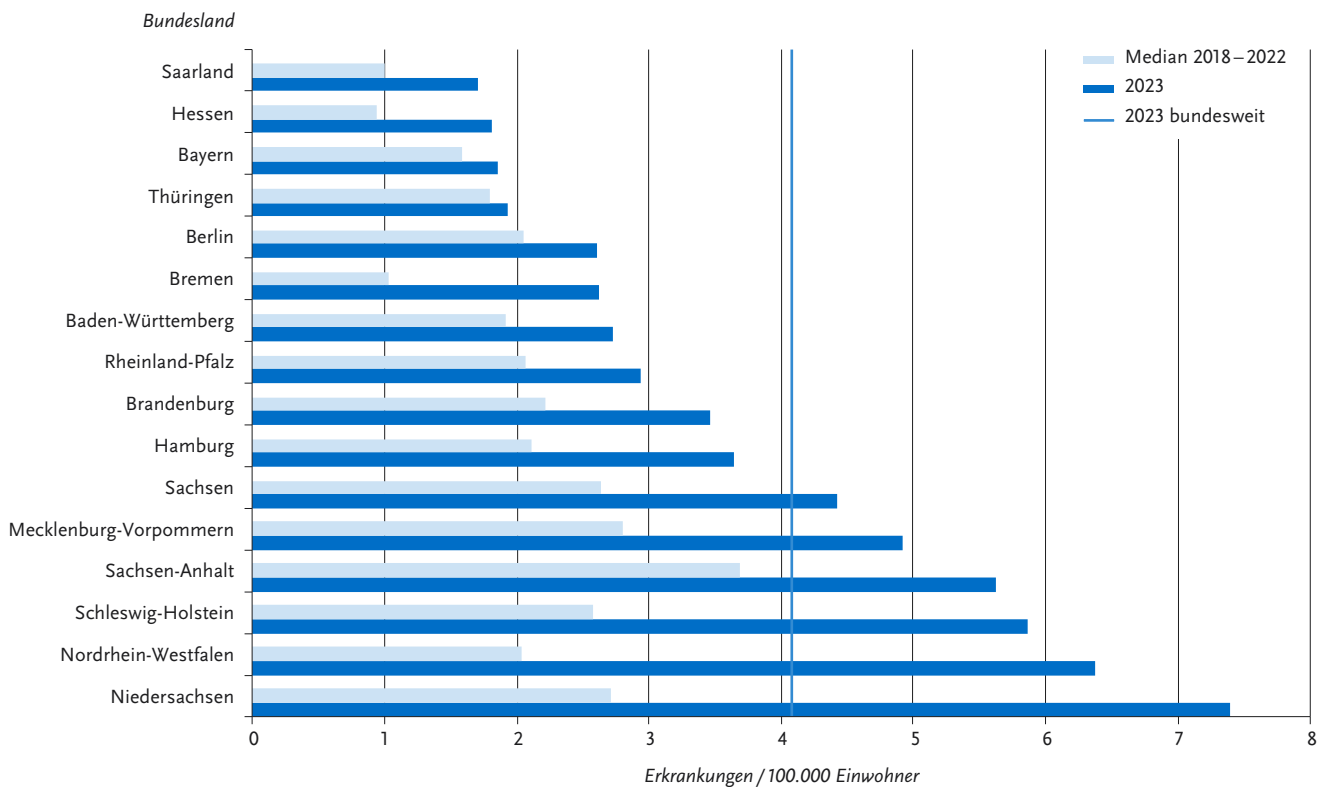
Abb. 6.16.1:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023



Tab. 6.16.1:
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	10	0 %	22	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.819	76 %	3.420	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	247	10 %	439	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	320	13 %	520	12 %
alle	2.396	100 %	4.401	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.829	76 %	3.442	78 %

Abb. 6.16.2:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 3.442)

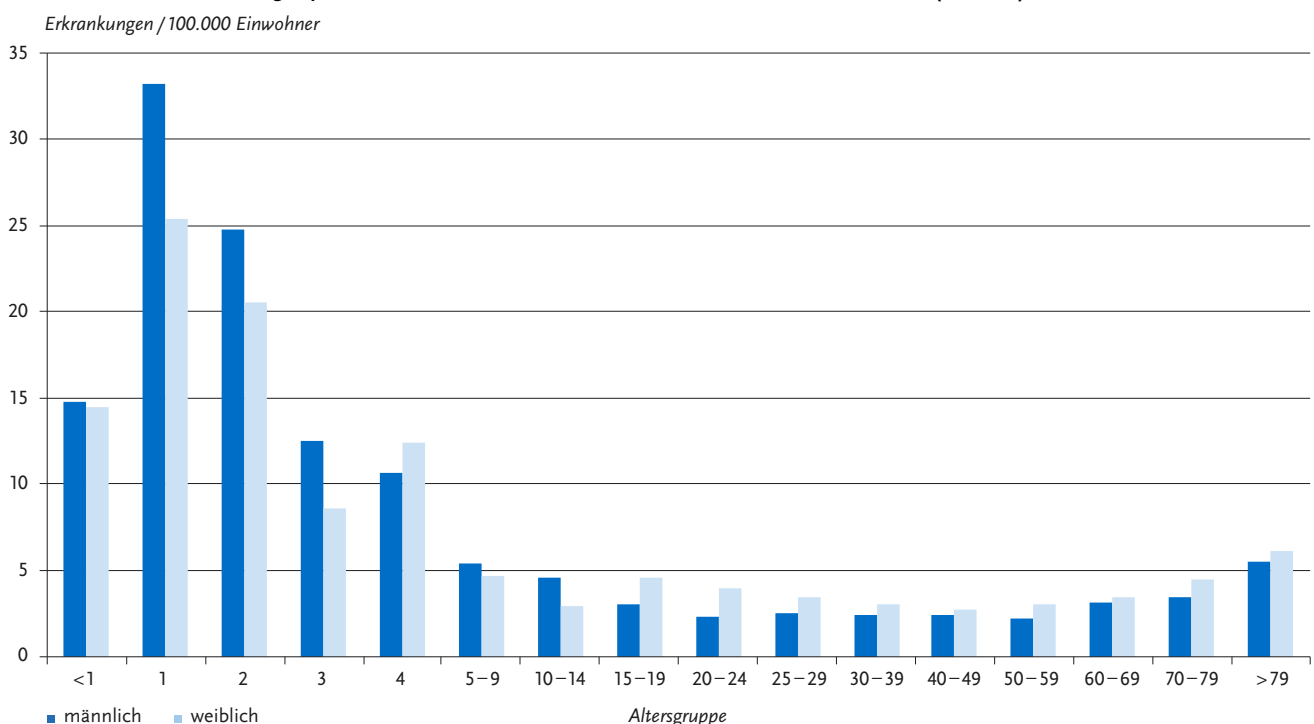


Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (17,9 Erkr./100.000 Einw.) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (3,4) (s. Abb. 6.16.3); 21 % (Vorjahr: 29 %) der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz

(29,7 Erkr./100.000 Einw.) wiesen einjährige Kinder auf. Die Inzidenz lag bei weiblichen Personen etwas höher als bei männlichen Personen (4,3 vs. 3,9). In den jüngeren Altersgruppen, mit Ausnahme der 4-Jährigen, hatten männliche Personen eine höhere Inzidenz, bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen waren weibliche Personen häufiger betroffen.

Abb. 6.16.3:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 3.432)



Klinische Aspekte

Für alle 3.442 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 6.172 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (bei 88 % der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (61 %), Erbrechen (15 %) und Fieber (15 %). Im Jahr 2023 wurden 5 Todesfälle aufgrund einer EHEC-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren 4 Männer und eine Frau im Alter von 70 bis 90 Jahren.

Nachgewiesene Erreger

Für 390 EHEC-Erkrankungen (11 %; 2022: 234 Fälle, 13 %) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab 6.16.2). Die am häufigsten genannte Serogruppe war wie im Vorjahr O157 mit 116 Fällen (2022: 51), gefolgt von »Ont« (= O-Antigen nicht typisierbar) mit 49 Fällen (2022: 25) und O146 mit 25 Fällen (2022: 21). Deutlich häufiger als im Vorjahr wurden neben O157 auch die Serogruppen O103 mit 23 Fällen (2022: 8) und O91 mit 22 Fällen (2022: 9) übermittelt. Die im Jahr 2022 am zweithäufigsten genannte Serogruppe O26 (27-mal) wurde 2023 nur 16-mal genannt.

Tab. 6.16.2:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2023 (n=390)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
O157	116	30 %
Ont (nicht typisierbar)	49	13 %
O146	25	6 %
O103	23	6 %
O91	22	6 %
O145	18	5 %
O26	16	4 %
O128	14	4 %
O63	12	3 %
O111	9	2 %
Andere	86	22 %
Summe	390	100 %

Ausbrüche

Es wurden 43 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 112 Erkrankungen übermittelt (2022: 29 Ausbrüche mit 62 Erkrankungen). Der größte Ausbruch betraf 9 Fälle und ereignete sich in einem Privathaushalt. Eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde als wahrscheinlich angesehen. Der zweitgrößte Ausbruch wurde als lebensmittelbedingt übermittelt und umfasste 8 Fälle. Die übrigen 41 Ausbrüche betrafen jeweils 2 bis 5 Fälle.

EHEC-Ausbrüche, in denen auch HUS-Fälle auftraten, sind in Kap. 6.30 beschrieben.

Datenqualität

Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnos-

tischer Möglichkeiten abhängig. Die Diagnostik dieser Erreger ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt oft nur ein Nachweis des Shigatoxins bzw. Shigatoxin-Gens ohne Erregerisolierung und somit ohne Möglichkeit, die Serogruppe zu bestimmen.

Dies wäre aber für die epidemiologische Beurteilung und für die Erkennung von geografisch diffusen Ausbrüchen erforderlich. Da nur für 11 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine begrenzte Aussagekraft. Bei 520 zusätzlich übermittelten Fällen mit Nachweis von EHEC fehlten Angaben zum klinischen Bild, wodurch die Referenzdefinition nicht erfüllt wurde.

Fazit

Die Zahl der übermittelten EHEC-Erkrankungen ist im Jahr 2023 im Vergleich zu 2022 sprunghaft um 88 % angestiegen. Dieser Anstieg ist vermutlich zu einem großen Teil durch die häufigere Anwendung von Multiplex-PCR-Assays in der Routinediagnostik von Durchfallerkrankungen bedingt. Es wurden 2023 keine größeren Ausbrüche festgestellt.

Der mit nur 11 % sehr geringe und im Vergleich zum Vorjahr erneut leicht gesunkene Anteil der Erkrankungen mit Angabe der Serogruppe erschwert die Erkennung von geografisch diffusen, möglicherweise lebensmittelbedingten Ausbrüchen auf Grundlage der Meldedaten. Allerdings ließ auch die routinemäßige Ganzgenomsequenzierung aller an das NRZ eingesandten EHEC-Isolate keine größeren molekulargenetischen Cluster erkennen.

Literaturhinweise

- Fruth A, Lang C, Grözl T, Garn T, Flieger A: *Genomic surveillance of STEC/EHEC infections in Germany 2020 to 2022 permits insight into virulence gene profiles and novel O-antigen gene clusters.* Int J Med Microbiol 2024;314. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2024.151610>
- Pörtner K, Fruth A, Flieger A, et al.: *Überarbeitung der RKI Empfehlungen für die Wiedenzulassung zu Gemeinschaftseinrichtungen gemäß § 34 IfSG nach EHEC-Infektion.* Epid Bull 2019;47. <https://doi.org/10.25646/6414>
- Projahn M, Lamparter MC, Ganas P, et al.: *Genetic diversity and pathogenic potential of Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) derived from German flour.* Int J Food Microbiol 2021;347. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109197>
- RKI: *RKI-Ratgeber.* 2019. www.rki.de/ratgeber
- Werber D, Scheutz F: *The importance of integrating genetic strain information for managing cases of Shigatoxin-producing E. coli infection.* Epidemiol Infect 2019;147. <https://doi.org/10.1017/S0950268819001602>

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



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 7.799 (sowie 94 in anderen Übermittlungskategorien)
- Höchste Inzidenz bei Kindern < 1 Jahr und bei Erwachsenen ab 60 Jahren, Jungen und Männer stärker betroffen
- Fallzahlen nahmen im Vergleich zum Vorjahr weiterhin zu, und überstiegen das Niveau der Vorjahre deutlich

Kurzbeschreibung

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

Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die u. a. als letzte therapeutische Alternative bei komplizierten Infektionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer verminderten Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase. Carbapenemasen sind Enzyme, die Carbapeneme spalten können. Sie werden durch Gene kodiert, die oft auf Plasmiden lokalisiert sind und damit leicht auf andere Bakterien übertragen werden können. Daher sind Carbapenemase-produzierende Stämme insbesondere im Krankenhaus von großer Bedeutung. Der Anteil der Carbapenemase-Produzenten ist abhängig von der jeweiligen Spezies, so werden beispielsweise bei *Escherichia coli* und *Klebsiella pneumoniae* relativ häufig und zunehmend Carbapenemasen nachgewiesen (69 % und 64 %), bei anderen Spezies wie *Klebsiella aerogenes* seltener (3 %).

Tab. 6.17.1:

Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.133	19 %	1.631	21 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.847	48 %	3.709	48 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.931	33 %	2.459	32 %
alle	5.911	100 %	7.799	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	5.911	100 %	7.799	100 %

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

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen und in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden (s. Tab. 6.17.1). 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.

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. 6.17.2). Zur Familie der Enterobacterales gehören u. a. Salmonellen, Yersinien, Shigellen und *Escherichia coli*, die auch in separaten Übermittlungskategorien erfasst werden (insgesamt 94 Fälle). Die übrigen Gattungen der

Tab. 6.17.2:

Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Übermittlungskategorie, Deutschland 2023

Meldekategorie	Anzahl
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	7.799
Salmonellose	53
EHEC-Erkrankung	10
Yersiniose	17
Shigellose	14
Gesamt	7.893

Enterobacterales wurden in der Übermittlungskategorie Enterobacterales (n=7.794) und bei Nutzung veralteter Software in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« (WBK) (n=5) übermittelt. Beide werden in der ersten Zeile der Tab. 6.17.2 als eine Übermittlungskategorie zusammengefasst dargestellt. Insgesamt wurden 7.893 Fälle von Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante übermittelt.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 7.799 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 9,2 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (7,0) gestiegen.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.17.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Hamburg (19,0 Fälle/100.000 Einw.), Berlin (16,9) und Hessen (13,4) verzeichnet, die geringste Inzidenz in Thüringen (4,0).

Für 3.121 Fälle lagen Informationen zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Nach Deutschland mit 2.673 Nennungen (86 %), wurde die Ukraine mit 147 Fällen (5 %) sowie die Türkei mit 53 Fällen (2 %) angegeben.

Demografische Verteilung

Mehr als drei Viertel der übermittelten Fälle (78 %) 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 (20,3 Fälle/100.000 Einw.) besonders stark betroffen (s. Abb. 6.17.2). Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (25,2) bzw. der über 79-Jährigen (24,0) beobachtet. Jungen und Männer (11,8 Fälle/100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (6,7), besonders in den hohen Altersgruppen.

Klinische Aspekte

Für 5.156 der 7.799 Fälle (66 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 1.822 Fälle (35 %) wurden als Infektion und 3.334 Fälle (65 %) als Kolonisation übermittelt.

Für 7.798 Fälle (99,99 %) lagen Angaben zum Entnahmestort der Probe vor. Am häufigsten erfolgte der Erregernachweis in Screening-Abstrichen (3.569-mal, 43 % der 8.337 Nennungen), im Urin (1.775-mal, 21 %) und in Stuhlproben (1.174-mal, 14 %) (Mehrfachangaben möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 7.024 Fälle (90 %) vorhanden. Demnach waren 6.306 Fälle (90 %) hospitalisiert. Unter 7.752 Fällen (99 %) mit entsprechender Angabe wurden 328 Todesfälle verzeichnet (4 %). Von 328 Todesfällen, für die Angaben zur Todesursache vorlagen, wurden 54 Fälle (16 %) als »an der gemeldeten Krankheit verstorben« übermittelt, darunter 32 Fälle mit *Klebsiella* spp., 8 Fälle mit *Enterobacter* spp., 8 Fälle mit *Escherichia* spp., 5 Fälle mit *Citrobacter* spp. und ein Fall mit *Hafnia* spp.

Abb. 6.17.1: Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=7.799)

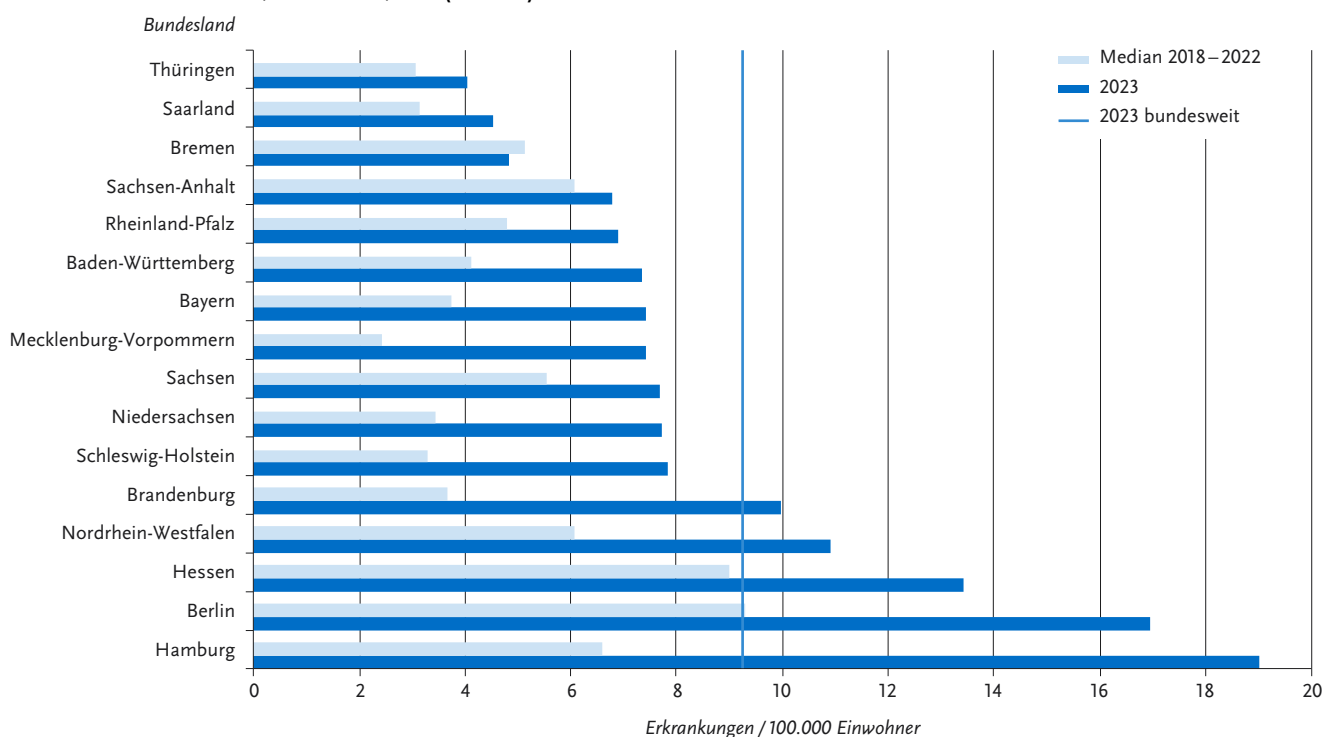
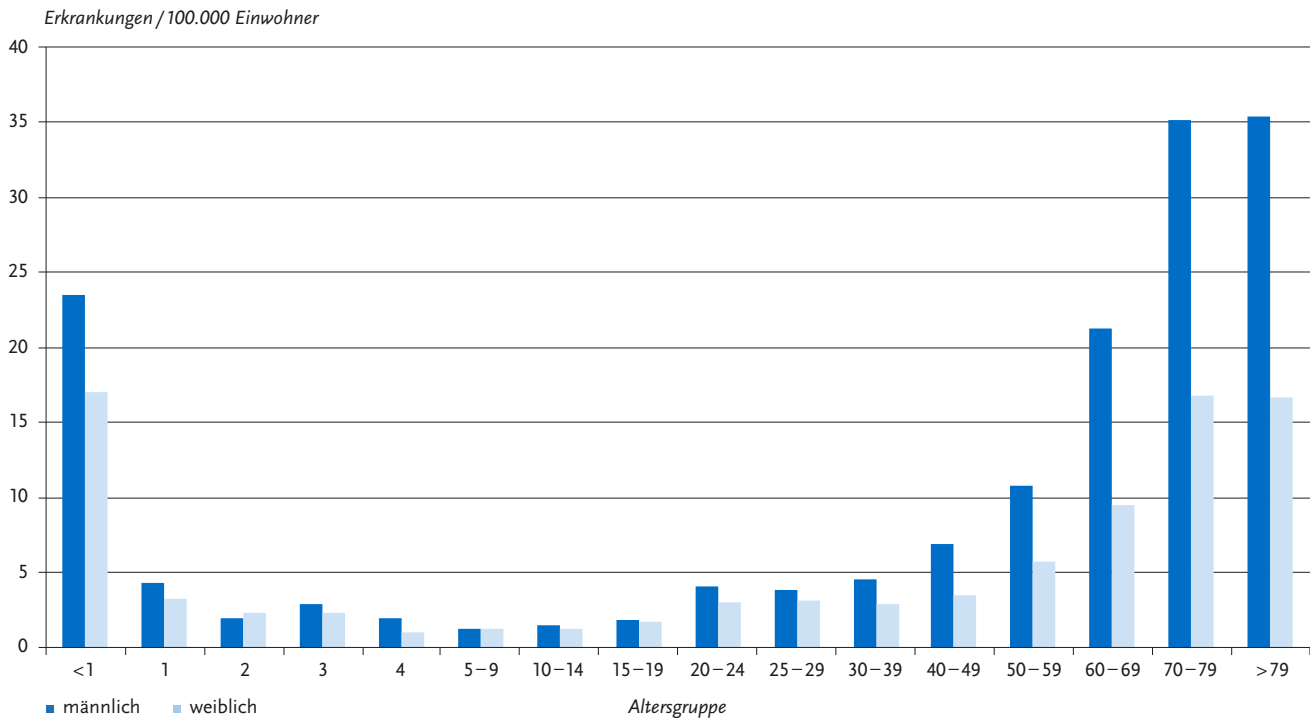


Abb. 6.17.2:

Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=7.783)



Nachgewiesene Erreger

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (2.929 Fälle, 38 % aller Fälle). Es folgten *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *Escherichia coli* (1.663 Fälle, 21 %) und *Enterobacter* spp., darunter am häufigsten *E. cloacae* (815 Fälle, 11 %) (siehe Tab. 6.17.3).

Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 7.794 Fälle war die Angabe zu Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme aufgrund der verwendeten Softwareversion möglich. Für die fünf Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, lagen diese Angaben nicht vor. Bei 6.775 von 7.794 Fällen (87 %), die in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden, lagen weitergehende Informationen zur Empfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder Ertapenem) vor. Von den 4.113 Fällen mit einer Angabe zu allen drei Carbapenemen waren 3.976 Fälle (97 %) vermindert empfindlich gegen Ertapenem, 2.841 Fälle (69 %) gegen Imipenem und 2.730 Fälle (66 %) gegen Meropenem. 2.501 Fälle (61 %) waren vermindert empfindlich gegen alle 3 Carbapeneme.

Nachgewiesene Resistenzgene

Für 5.189 von 7.794 Fällen (66 %) lagen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 4.774 Fällen (92 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 4.060 Fällen (85 % der getesteten Fälle) nachgewiesen,

Tab. 6.17.3:

Übermittelte Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Gattung bzw. Art, Deutschland 2023 (n=7.799)

Erreger	Anzahl	Prozent
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2.929	37,6 %
<i>Escherichia coli</i>	1.663	21,3 %
<i>Enterobacter cloacae</i>	815	10,5 %
<i>Citrobacter freundii</i>	583	7,5 %
<i>Klebsiella aerogenes</i>	462	5,9 %
<i>Klebsiella oxytoca</i>	210	2,7 %
<i>Enterobacter</i> spp., sonstige	187	2,4 %
<i>Serratia marcescens</i>	155	2,0 %
<i>Proteus mirabilis</i>	89	1,1 %
<i>Enterobacter hormaechei</i>	89	1,1 %
<i>Klebsiella</i> spp., sonstige	63	0,8 %
<i>Klebsiella variicola</i>	58	0,7 %
<i>Hafnia alvei</i>	55	0,7 %
<i>Providencia stuartii</i>	54	0,7 %
<i>Morganella morganii</i>	50	0,6 %
Andere	336	4,3 %
Summe (nur unbekannt)	1	
Summe (Gesamt)	7.799	
Summe (ohne unbekannt)	7.798	100 %

am häufigsten Carbapenemasen vom Typ OXA-48-like (inklusive OXA-48, OXA-162, OXA-181, OXA-232 und OXA-244; 1.613 Fälle, 40%).

Bei *Klebsiella* spp. (2.226 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 1.795 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (782 Fälle, 44%), NDM-1 (105 Fälle, 6%), KPC-2 (43 Fälle, 2%) und KPC-3 (42 Fälle, 2%) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (1.179 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 1.090 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48 bzw. OXA-48-like (612 Fälle, 56%), darunter OXA-244 (86 Fälle, 8%), NDM-5 (49 Fälle, 4%) und NDM-1 (20 Fälle, 2%) übermittelt. Bei *Enterobacter* spp. (589 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 481 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (98 Fälle, 20%), VIM-1 (41 Fälle, 9%) und NDM-1 (15 Fälle, 3%) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 47 Ausbrüche mit insgesamt 259 Fällen übermittelt. Bei neun Ausbrüchen wurden fünf Fälle oder mehr übermittelt (insgesamt 160 Fälle (62 %)). Insgesamt wurden 28 der 47 Ausbrüche durch *Klebsiella pneumoniae* verursacht (insgesamt 151 Fälle), fünf Ausbrüche durch *Enterobacter cloacae* (50 Fälle), sowie fünf Ausbrüche durch *Escherichia coli* (13 Fälle).

Datenqualität

Der Anteil der übermittelten Fälle mit vollständigen Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger war sehr hoch. Angaben zum Infektionsstatus, welche u. a. für die Bewertung der Krankheitslast wichtig sind, waren in 66 % der übermittelten Fälle enthalten. Für lediglich 67 % der Fälle lagen Angaben zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) vor. Diese Information ist jedoch hinsichtlich der Einschätzung einer Übertragbarkeit der verminderten Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen essentiell, da die Carbapenemase-Gene häufig auf Plasmiden lokalisiert sind und so zwischen verschiedenen Enterobacterales ausgetauscht werden können. Zudem ist die Angabe des Resistenzgens wichtig für die Detektion und Zuordnung überregionaler Ausbrüche. Eine Einschätzung der regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies u. a. auch vom Untersuchungsverhalten und von der Meldecompliance in der jeweiligen Region abhängt.

Fazit

Im Vergleich zu den Vorjahren stiegen die Fallzahlen 2023 weiter an und erreichten das höchste Niveau seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2016. Ein Teil des Anstiegs steht möglicherweise in Zusammenhang mit der Versorgung von Kriegsverletzten und Geflüchteten aus der Ukraine, worauf auch mehrere Publikationen hinweisen. Zunehmende Reiseaktivität mit dem Ende der Pandemie könnte zusätzlich zu den steigenden Fallzahlen beitragen.

Anteilmäßig war *Escherichia coli* von dem Anstieg der Fallzahlen 2023 besonders betroffen.

Literaturhinweise

- ECDC: *Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) – Annual epidemiological report for 2022*. 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/surveillance-antimicrobial-resistance-europe-2022>
- Hans JB, Pfennigwerth N, Neumann B, et al.: *Molecular surveillance reveals the emergence and dissemination of NDM-5-producing Escherichia coli high-risk clones in Germany, 2013 to 2019*. Euro Surveill 2023;28(10). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.10.2200509>
- 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. <https://doi.org/10.25646/5916>
- Meinen A, Tomczyk S, Wiegand FN, et al.: *Antibiotikaresistenz in Deutschland und Europa – Ein systematischer Review zur zunehmenden Bedrohung, beschleunigt durch den Klimawandel*. Journal of Health Monitoring 2023;(S3). <https://doi.org/10.25646/11395>
- Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauskeime – Zeitraum 1. Januar 2022 bis 31. Dezember 2022*. Epid Bull 2023;27. <https://doi.org/10.25646/11589>
- Poku E, Cooper K, Cantrell A, et al.: *Systematic review of time lag between antibiotic use and rise of resistant pathogens among hospitalized adults in Europe*. JAC-Antimicrob Resist 2023;5(1). <https://doi.org/10.1093/jacamr/dlad001>
- Reichert F, Brinkwirth S, Pfennigwerth N, et al.: *Prolonged carriage of OXA-244-carbapenemase-producing Escherichia coli complicates epidemiological investigations*. International Journal of Medical Microbiology 2024;314. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2023.151595>
- Sandfort M, Hans JB, Fischer MA, et al.: *Increase in NDM-1 and NDM-1/OXA-48-producing Klebsiella pneumoniae in Germany associated with the war in Ukraine, 2022*. Euro Surveill 2022;27(50). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.50.2200926>
- 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;11(1). <https://doi.org/10.1186/s13756-021-01045-z>
- Witteveen S, Hans JB, Izdebski R, et al.: *Dissemination of extensively drug-resistant NDM-producing Providencia stuartii in Europe linked to patients transferred from Ukraine, March 2022 to March 2023*. Euro Surveill 2024;29(23). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.23.2300616>

6.18 Fleckfieber



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 0
- Klassischer Typhus durch *Rickettsia prowazekii*
- Übertragen durch Kleiderläuse
- Zuletzt 2021 ein reiseassoziiertes Fall in Deutschland

Kurzbeschreibung

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

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurde dem RKI kein Fall von Fleckfieber übermittelt, der die Referenzdefinition erfüllt.

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

Alle bisher bekannten Infektionen wurden nicht in Deutschland erworben.

Fazit

Selbst reiseassoziierte Fleckfieberfälle sind in Deutschland sehr selten.

Literaturhinweise

Rauch J, Eisermann P, Noack B, et al.: *Typhus Group Rickettsiosis, Germany, 2010 – 2017*. Emerg Infect Dis 2018;24(7). <https://doi.org/10.3201/eid2407.180093>

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



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 474
- Im Vergleich zum Vorjahr Abnahme der Erkrankungen um 16 %
- Inzidenz am höchsten bei 50- bis 69-Jährigen, Männer stärker betroffen als Frauen
- Inzidenz wie in den Vorjahren in Bayern und Baden-Württemberg am höchsten
- 53 % der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 83 % 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).

Tab. 6.19.1:
Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	565	90 %	474	90 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	27	4 %	27	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	35	6 %	26	5 %
alle	627	100 %	527	100 %
Referenzdefinition (C)	565	90 %	474	90 %

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 erfüllten 474 der 527 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 91 Erkrankungen (16 %) abgesunken (s. Tab. 6.19.1). Entsprechend der Zeckenaktivität wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätsommer übermittelt; 393 der 474 Erkrankungen (83 %) 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 2018 bis 2022. In wenigen Bundesländern lag die Inzidenz über dem Median der Vorjahre, insbesondere in Sachsen. Mit 1,8 bzw. 1,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz in Bayern und Baden-Württemberg – wie in den Vorjahren – am höchsten (s. Abb. 6.19.2). In diesen beiden Bundesländern lagen 137

Abb. 6.19.1:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023

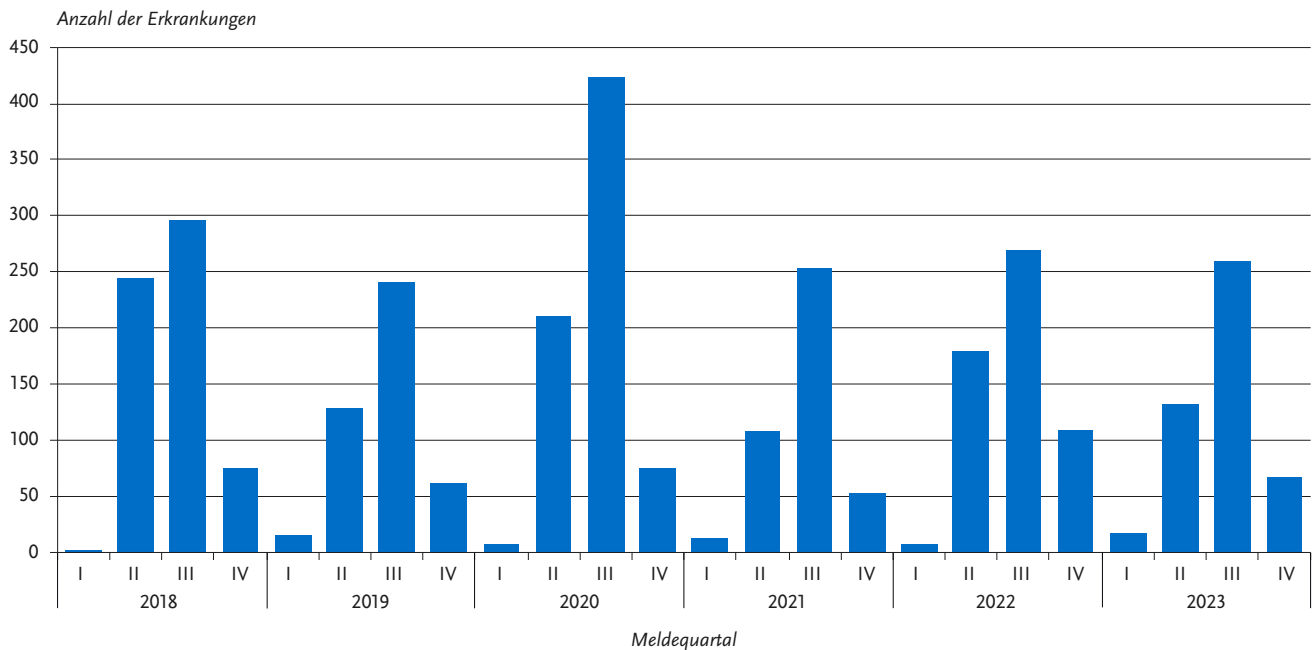
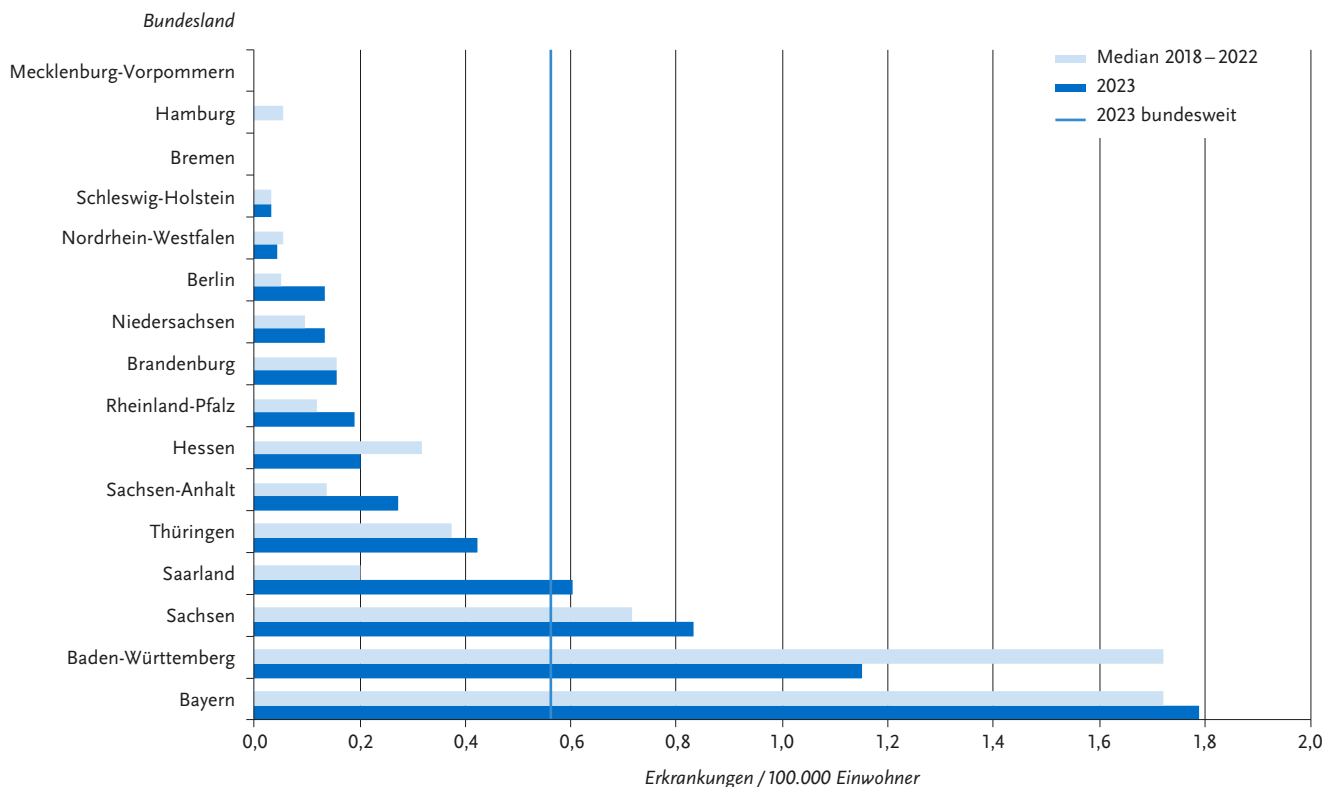


Abb. 6.19.2:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=474) im Vergleich mit den Vorjahren



der 180 im Jahr 2023 als Risikogebiete eingestuft Kreise. Einzelne Risikogebiete lagen auch in Thüringen, Hessen, Sachsen, Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und dem Saarland. An dieser Stelle wird auf eine kartografische Darstellung der Verteilung verzichtet und stattdessen auf die jährlich im Epidemiologischen Bulletin veröffentlichte Karte der Risikogebiete für FSME verwiesen. Für diese Karte werden neben den Fallzahlen zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie Fallzahlen der vergangenen Jahre berücksichtigt.

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

Für 383 von 411 Erkrankungen (93 %), bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war (Mehrfachnennungen möglich), wurde ausschließlich Deutschland genannt. Daneben wurde noch Österreich (7 Nennungen), Schweden (4), Polen (3), jeweils zweimal die Schweiz, Italien und Kroatien und jeweils einmal acht weitere Länder als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Für 63 Erkrankungen (13 %) wurde kein Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war bei Jungen und Männern mit 0,7 Erkr./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (0,4). Die höchste Inzidenz wurde mit etwa 1,2 bei Männern in der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.19.3). Bei Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe 50 bis 59 Jahre am höchsten (0,7).

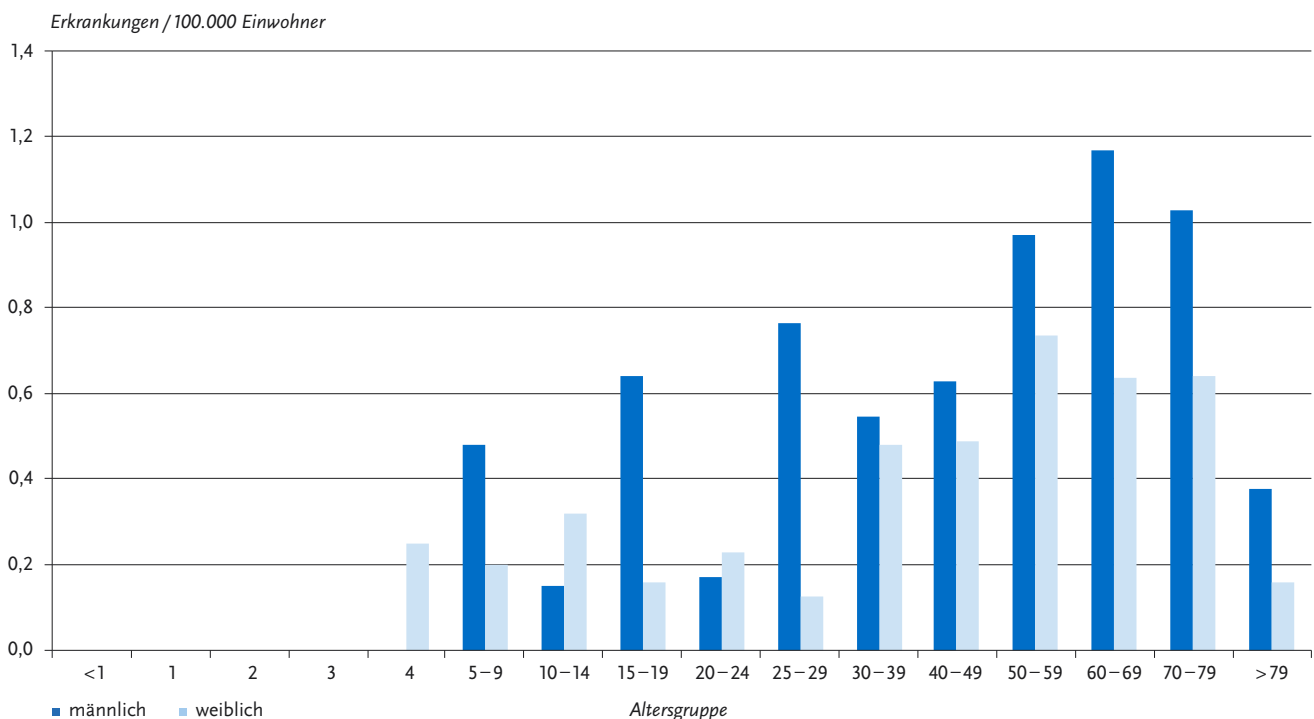
Klinische Aspekte

Bei allen 474 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 16 der 24 (67 %; Vorjahr: 56 %) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 14 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis, darunter 4 mit zusätzlicher Enzephalitis. Bei 2 Kindern wurde eine isolierte Enzephalitis berichtet.

Von den 450 erkrankten Personen, die 15 Jahre und älter waren, hatten 237 (53 %; Vorjahr: 55 %) eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 128 Erkrankte (28 %) eine isolierte Meningitis. Bei 3 erkrankten Personen trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei 99 Erkrankten (22 %) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 41 zusätzlich eine Meningitis, 3 Erkrankte zusätzlich eine Myelitis und 5 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Bei 7 Personen wurde eine isolierte Myelitis berichtet. Somit wurden bei insgesamt 115 Erkrankten (24 %) die besonders schweren neurologischen Manifestationen einer Enzephalitis oder Myelitis angegeben.

Von den 474 übermittelten Erkrankungen wurde bei 395 (83 %) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS wurde häufiger eine Hospitalisierung angegeben (231/253; 91 %) als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeine Krankheitssymptome angegeben wurden (164/221; 74 %). Es wurden 3 durch FSME verursachte Todesfälle übermittelt: eine Person im Alter von über 80 Jahren, eine Person im Alter von über 60 Jahren und eine Person im Alter von über 50 Jahren.

Abb. 6.19.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=472)



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®]).

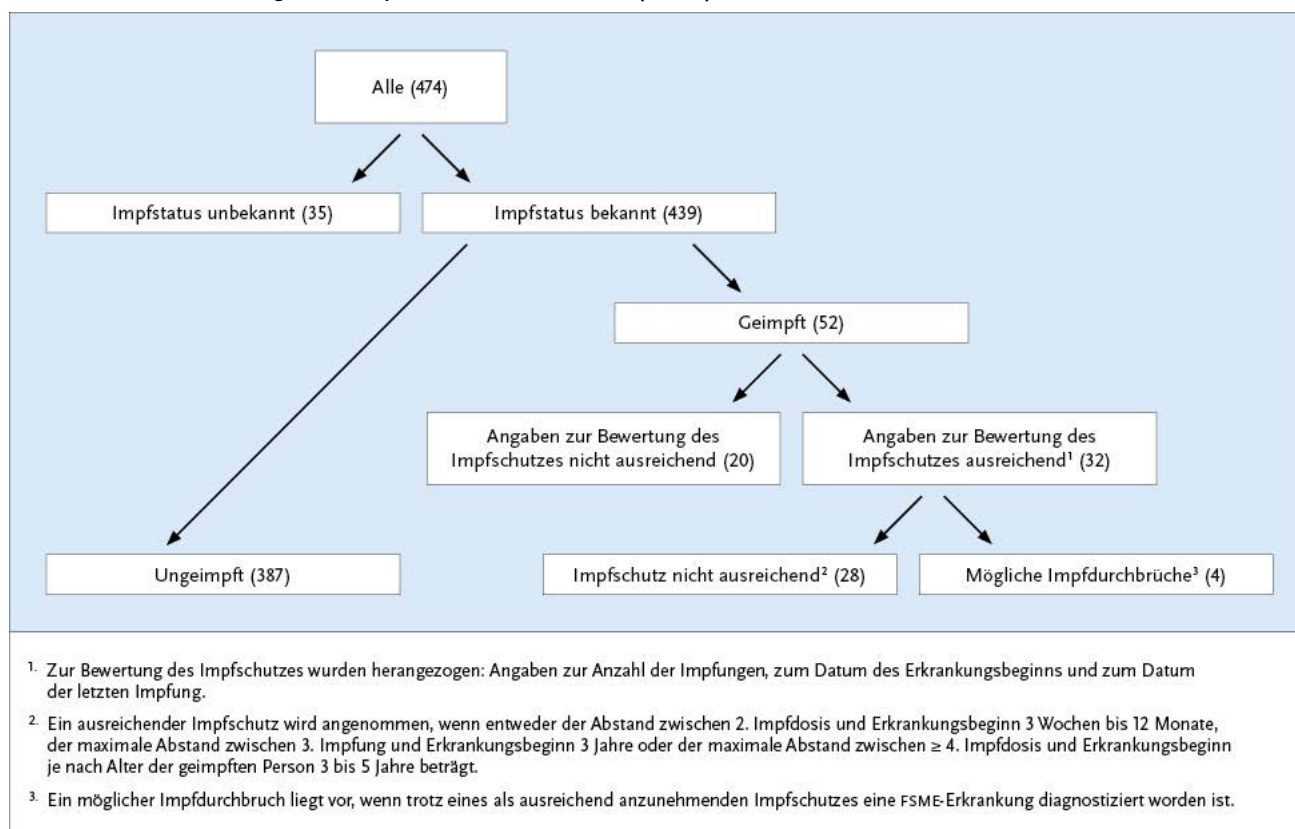
Der gleichzeitige Nachweis von IgM-Antikörpern und IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als labordiagnostische Bestätigung einer akuten Infektion gewertet. Nach einer Impfung können IgM-Antikörper jedoch bis zu 8 Monate persistieren. Findet die serologische Diagnostik daher in den Monaten nach einer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

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

Von den 474 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 439 (93 %) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 52 (12 %) als geimpft und 387 (88 %) als nicht geimpft übermittelt. Erkrankte, die ihre 1. Impfdosis nach dem Erkrankungsbeginn erhielten, wurden dabei als nicht geimpft gezählt. Von den 52 geimpften Erkrankten lagen bei 32 (62 %) 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 419 (88 %) Erkrankten bewertet werden konnte (387 Ungeimpfte und 32 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung).

Von den 32 geimpften Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus wurden 28 (88 %) als unzureichend geimpft eingestuft (17 Erkrankungen mit einer Impfdosis, 7 Erkrankte mit 2 Impfdosen, eine Erkrankung mit 3 Impfdosen, 2 Erkrankte mit 4 Impfdosen und eine Erkrankung mit 6 Impfdosen). Dieser Anteil lag damit in der Größenordnung der Vorjahre (2022: 81 %, 2021: 75 %). 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).

Abb. 6.19.4:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2023 (n = 474)



Bei den übrigen 4 (13 %) 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, 2 mit 3 Impfdosen deren letzte ≤ 3 Jahre vor Erkrankung verabreicht wurde, eine erkrankte Person mit 4 Impfdosen (< 50 Jahre), deren letzte ≤ 3 Jahre vor der Erkrankung verabreicht wurde. Von den 4 mit Impfdurchbrüchen eingestuft Erkrankten wiesen 2 ZNS-Symptome in der Form einer Meningitis und Enzephalitis auf.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurde keine Ausbrüche zur FSME erfasst.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 38 % 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 71 (15 %) der 474 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 2023 wurden weniger FSME-Erkrankungen übermittelt als im Vorjahr 2022. Die Anzahl der FSME-Erkrankungen lag im Jahr 2023 weiterhin deutlich über dem Median der jährlichen Fallzahlen von 333 Erkrankungen seit Beginn der Erfassung gemäß IfSG im Jahr 2001. Die jährliche Zahl übermittelter Erkrankungen unterliegt seit ihrer Erfassung stärkeren Schwankungen. Die Gründe sind vermutlich multifaktoriell: Klimatische und ökologische Faktoren beeinflussen sowohl die Aktivität und den Lebenszyklus der Zecken, als auch die Population der Wirtstiere. Das Freizeitverhalten der Menschen beeinflusst das Risiko für Zeckenstiche und wird ebenfalls von der Wetterlage sowie durch Veränderungen des Lebensstils beeinflusst. Nicht zuletzt können das Bewusstsein für die Krankheit sowie das Meldeverhalten die Erkrankungszahlen beeinflussen. In einer Befragung von FSME-Erkrankten im Zeitraum von 2018 bis 2020 wurden 2020 deutlich häufiger Spaziergänge im Wald und auf Wiesen als in den Vorjahren angegeben. 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

- Friedsam AM, Brady OJ, Pilic A, et al.: *Geo-Spatial Characteristics of 567 Places of Tick-Borne Encephalitis Infection in Southern Germany, 2018 – 2020*. Microorganisms 2022;10(3). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10030643>
- GirI P, Bestehorn-Willmann M, Zange S, et al.: *Tick-borne encephalitis virus nonstructural-protein 1 IgG enzyme-linked immunosorbent assay for differentiating infection versus vaccination antibody responses*. J Clin Microbiol 2020;58(4). <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;8(2). <https://doi.org/10.3390/pathogens8020042>
- Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM, et al.: *Tick-borne encephalitis: Acute clinical manifestations and severity in 581 cases from Germany, 2018 – 2020*. J Infect 2023;86(4). <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2023.02.018>
- 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;10(4). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040690>
- Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM, et al.: *Tick-borne encephalitis vaccine effectiveness and barriers to vaccination in Germany*. Sci Rep. 2022;12(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-022-15447-5>
- RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2024)*. Epid Bull 2024;9. <https://doi.org/10.25646/11965>
- RKI: *Fünffjahresinzidenz der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002 – 2023*. Epid Bull 2024;9 (Anlage).
- 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.
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2024. www.rki.de/ratgeber
- 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 2024;14. <https://doi.org/10.25646/12006.3>

6.20 Giardiasis



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 2.355
- 2011 bis 2021 tendenziell abnehmende Fallzahlen; 2023 setzt sich jedoch der seit 2022 beobachtete Anstieg der Fallzahlen fort
- 48 % der Infektionen im Ausland erworben (Vorjahr: 44 %)
- Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kindern unter 4 Jahren sowie bei 25- bis 49-Jährigen; überwiegend männliche Personen betroffen
- 12 Ausbrüche mit 33 Erkrankungen, davon alle Ausbrüche mit weniger als 5 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 Antigennachweis 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 2023 wurden 2.355 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 573 (32,2 %) mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.20.1). Die Gesamtinzidenz stieg auf 2,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 2,1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 1,1 Erkr./100.000 Einw. im Saarland und 9,9 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.20.2). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 2,8 lagen außer Berlin auch Hamburg (5,9), Sachsen (5,4), Mecklenburg-Vorpommern (4,3), Sachsen-Anhalt (4,2), Thüringen (3,2) und Bremen (3,1). Bei 1.572 Erkrankungen (67 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von allen 1.653 Nennungen entfielen 52 % auf Deutschland. Der Anteil der im Ausland erworbenen Infektionen ist somit im Vergleich zum Vorjahr von 44 % auf 48 % gestiegen. Weitere häufig genannte Infektionsländer waren Indien (107 Nennungen, 6 %) und Tansania (46 Nennungen, 3 %) (s. Tab. 6.20.2).

Tab. 6.20.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2023 (Mehrfachnennungen möglich, 1.653 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	865	52 %
Indien	107	6 %
Tansania	46	3 %
Spanien	35	2 %
Türkei	32	2 %
Mexiko	28	2 %
Kolumbien	26	2 %
Thailand	26	2 %
Ägypten	25	2 %
Costa Rica	18	1 %
Andere	445	27 %
Summe	1.653	100 %

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz der Giardiasis war zweigipflig (s. Abb. 6.20.3) mit einem Inzidenzgipfel bei Kindern zwischen 0 und 3 Jahren (3,3 Erkr./100.000 Einw.) und einem zweiten bei Erwachsenen zwischen 25 und 49 Jahren (3,8).

Tab. 6.20.1:
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	3	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.781	70 %	2.352	71 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	195	8 %	224	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	581	23 %	718	22 %
alle	2.558	100 %	3.297	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.782	70 %	2.355	71 %

Abb. 6.20.1:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

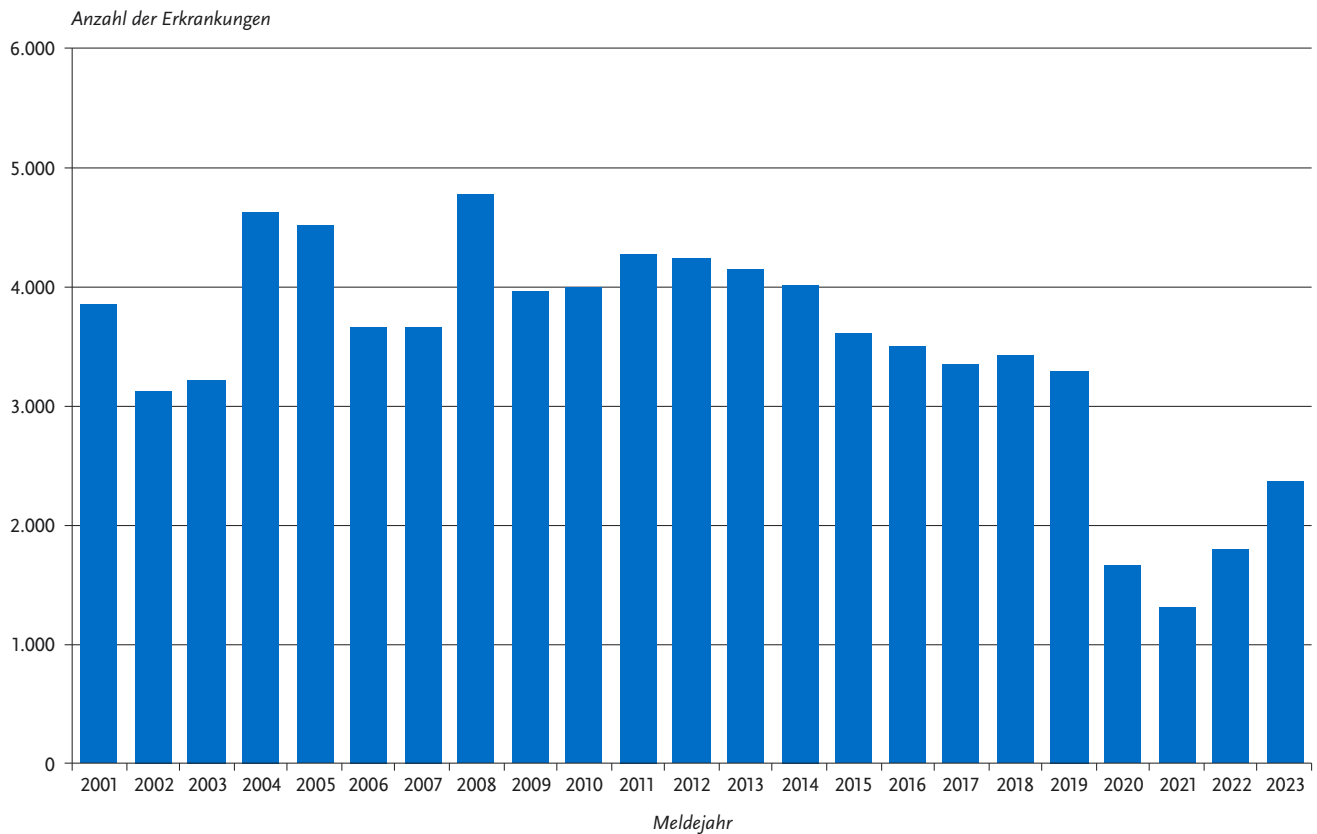


Abb. 6.20.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=2.355) im Vergleich mit den Vorjahren

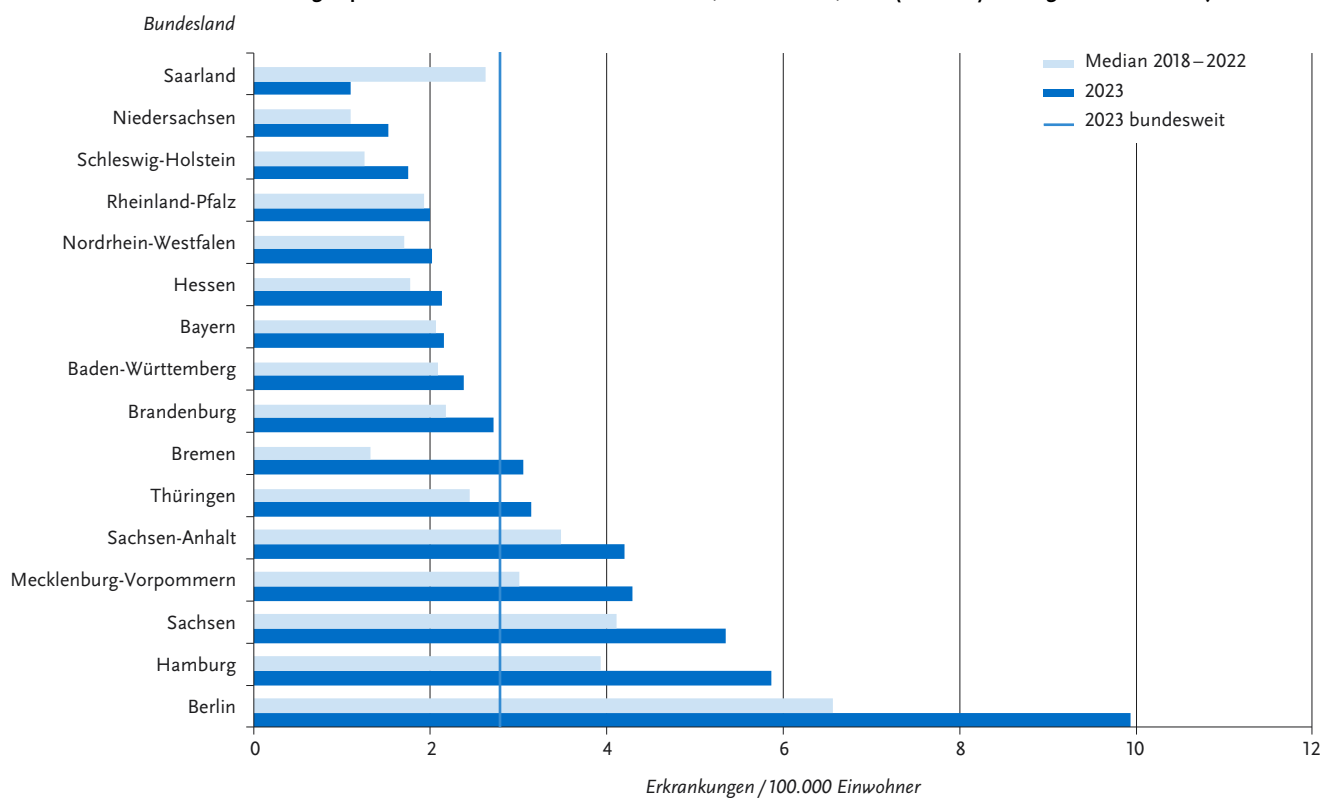
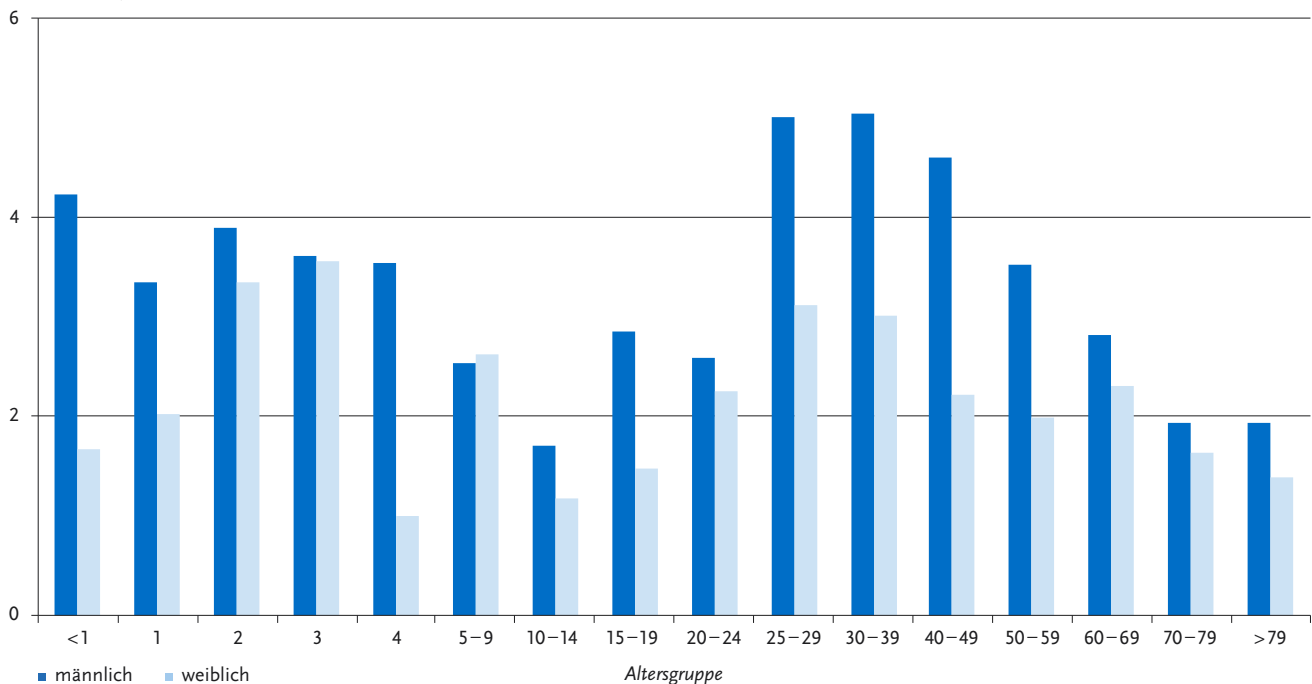


Abb. 6.20.3:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=2.350)
Erkrankungen / 100.000 Einwohner



Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (3,4 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (2,2); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied bei Kleinkindern im Alter von 0 Jahren sowie in der Altersgruppe der 25- bis 59-Jährigen.

Klinische Aspekte

Bei 2.052 (87%;) Fällen wurde Durchfall, bei 1.465 (62%) Bauchschmerzen und bei 775 (33%) Blähungen angegeben. Es wurden keine krankheitsbedingten Todesfälle übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 12 Ausbrüche übermittelt (2022: 11). Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 33 (2022: 33). In allen Ausbrüchen wurden weniger als 5 Fälle 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 2023 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 49 % ausschließlich Antigentest; 9 % ausschließlich Mikroskopie; 35 % ausschließlich PCR sowie 4 % Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

Fazit

Im Jahr 2023 ist die Anzahl der übermittelten Giardiasis-Fälle im Vergleich zum Vorjahr weiter gestiegen. Giardiasis ist eine klassische reiseassoziierte Krankheit mit einem hohen Anteil von dokumentierten Infektionen außerhalb Deutschlands. Der weitere Anstieg im Jahr 2023 nach dem Rückgang der Fallzahlen zwischen 2011 und 2021 kann im Zusammenhang mit einer wieder ansteigenden Reiseaktivität nach Beendigung von Reiserestriktionen im Rahmen der COVID-19-Pandemie diskutiert werden. Ob die in Deutschland erworbenen Infektionen überwiegend sekundär reiseassoziiert auftreten oder ob es weitere wichtige Infektionsquellen gibt, ist unbekannt.

Literaturhinweise

- ECDC: *Giardiasis (lamblia) – Annual Epidemiological Report for 2019*. 2022. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/giardiasis-lamblia-annual-epidemiological-report-2019>
- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. *Epid Bull* 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- Hommes F, Dörre A, Behnke SC, Stark K, Faber M: *Autochthonous and imported giardiasis cases: An analysis of two decades of national surveillance data, Germany, 2002 to 2021*. *Eurosurveillance*. 2024;29(20). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.20.2300509>
- Hommes F, Dörre A, Behnke SC, Stark K, Faber M: *Travel-related giardiasis: incidence and time trends for various destination countries*. *J Travel Med*. 2023;30(6). <https://doi.org/10.1093/jtm/taad107>
- 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;15(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009277>

6.21 Gonorrhö (Tripper) – *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon



- Fälle 2023: 935
- Höchste Inzidenz in Berlin und Hamburg.
- Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben
- Verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin als häufigster Meldegrund

Kurzbeschreibung

Neisseria (N.) gonorrhoeae ist der bakterielle Erreger der Gonorrhö (Tripper), einer vorwiegend sexuell übertragbaren Erkrankung. Infektionen mit *N. gonorrhoeae* können ein vielgestaltiges klinisches Bild mit Urethritis, Proktitis und Pharyngitis bis hin zur disseminierten Gonokokkeninfektion zeigen, weswegen der Erkrankung eine hohe klinische Relevanz zukommt. Bei Frauen verläuft die Erkrankung im Vergleich zur Gonorrhö des Mannes deutlich häufiger asymptomatisch mit erhöhtem Risiko von aufsteigenden Infektionen. Die Infektionen sind eine wesentliche Ursache von chronischen Entzündungen des kleinen Beckens, Unfruchtbarkeit sowie von Fehlgeburten im ersten Trimester und extrauterinen Schwangerschaften. Zusätzlich können Infektionen mit *N. gonorrhoeae* die Empfänglichkeit für und das Übertragungsrisiko von HIV erhöhen.

Die Gonorrhö ist mit 87 Millionen jährlichen Fällen die global dritthäufigste sexuell übertragbare Erkrankung weltweit.

Besonders besorgniserregend bei *N. gonorrhoeae* ist die weltweite Ausbreitung von Resistenzen gegenüber wichtigen therapeutisch eingesetzten Antibiotika.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG werden Nachweise von *N. gonorrhoeae*-Infektionen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon 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.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Meldungen, die die Fallkriterien erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Die Meldepflicht für *N. gonorrhoeae*-Infektionen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon wurde zum 1. März 2020 eingeführt. In den ersten 10 Monaten der Meldepflicht (März bis Dezember 2020) wurden dem RKI 231 Fälle gemeldet. Im Jahr 2021 wurden dem RKI 397 Fälle gemeldet, im Jahr 2022 insgesamt 702 Fälle. Im Jahr 2023 wurden insgesamt 935 Fälle von *N. gonorrhoeae*-

Infektionen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon an das RKI gemeldet. Somit war seit Einführung der Meldepflicht ein stetiger Anstieg der Meldefälle zu verzeichnen.

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz von *N. gonorrhoeae* Nachweisen mit verminderter Empfindlichkeit im Jahr 2023 bei 1,1 Fällen pro 100.000 Einwohner (s. Abb. 6.21.1). Die mit Abstand höchste Inzidenz wurde im Bundesland Berlin (3,4 Erkr./100.000 Einw.) registriert. Höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Hamburg (2,3), Hessen (2,1) und Sachsen (1,8). Vergleichsweise hohe Inzidenzen hatten neben den Stadtstaaten Berlin und Hamburg beispielsweise auch die Städte Freiburg im Breisgau (7,6), Düsseldorf (6,7), Leipzig (4,2) oder Frankfurt am Main (3,6) (s. Abb. 6.21.2).

Für 64 % der Fälle wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Davon entfielen die meisten Nennungen (95 %) auf Deutschland. Das am häufigsten genannte, weitere wahrscheinliche Infektionsland war Spanien (5 Nennungen), gefolgt von den Niederlanden (3 Nennungen), Rumänien, Österreich, Schweiz, Tschechische Republik, Türkei und den Vereinigten Staaten von Amerika (jeweils 2 Nennungen).

Abb. 6.21.2:

Gemeldete Gonorrhö-Fälle mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon pro 100.000 Einwohner nach Postleitzahlenbereich (geglättet), Deutschland, 2023 (n=935)

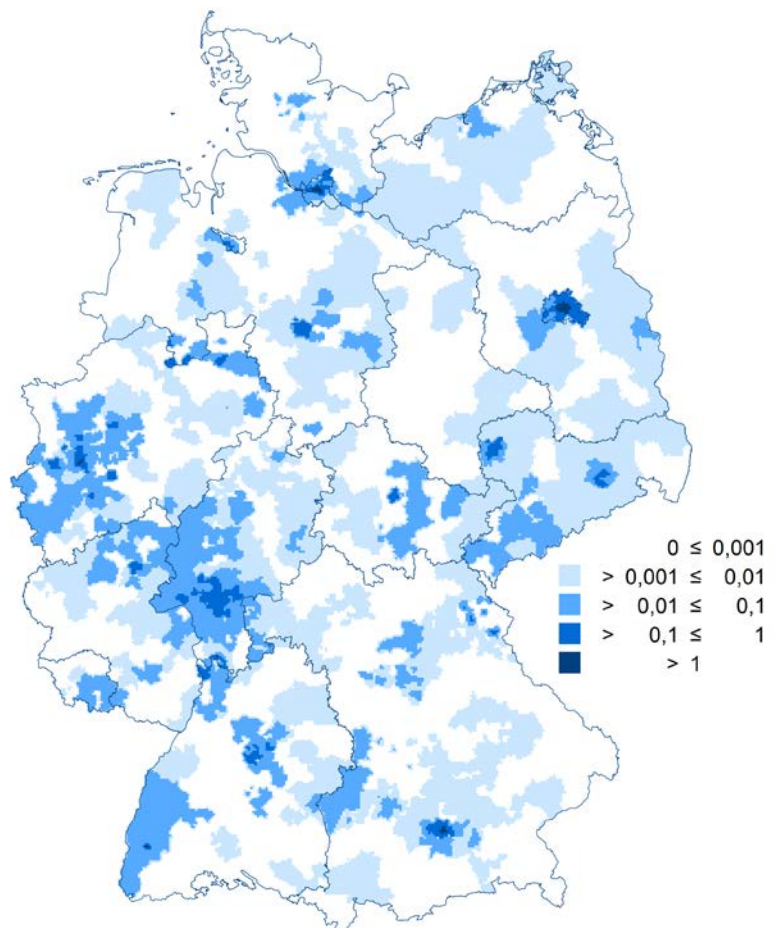
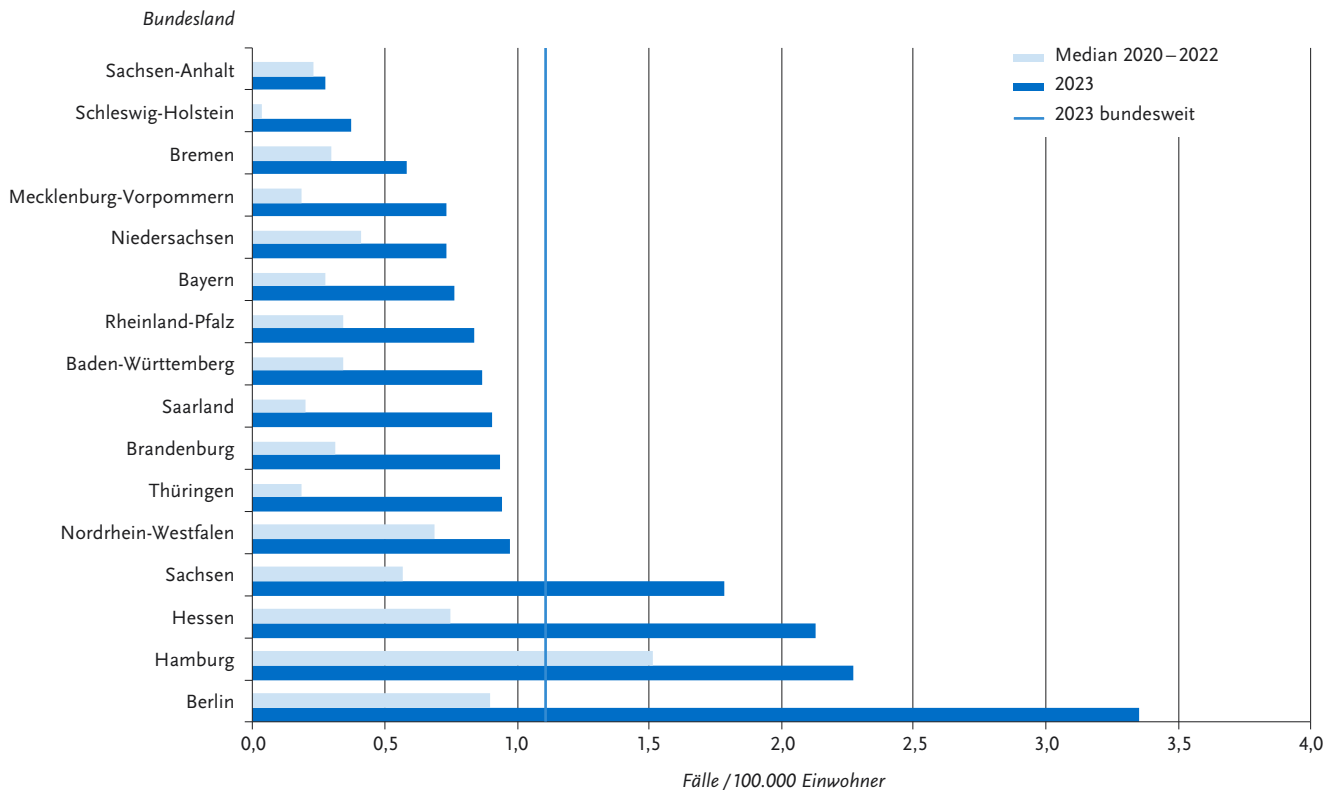


Abb. 6.21.1:

Gemeldete Fälle von Gonorrhö mit verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=935) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2020 – 2022)



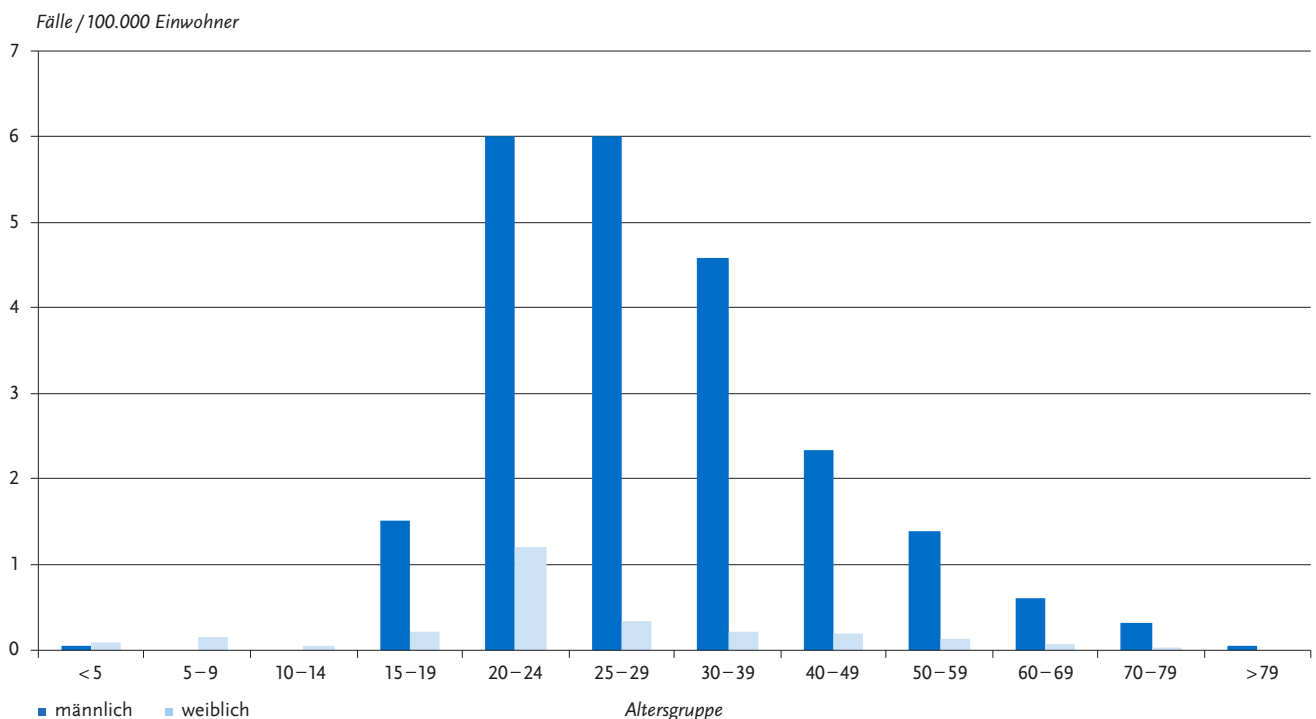
Demografische Verteilung

Der Anteil an Fällen, der auf Infektionen von Frauen zurückzuführen war, lag im Jahr 2023 bei 8,5 %, während über 90 % der Fälle Infektionen von Männern betraf. Für 2 Meldungen (0,2%) wurde das Geschlecht als divers und für 9 Meldungen

(1,0%) als unbekannt angegeben. Die Altersgruppen mit der höchsten Inzidenz bei Männern waren jene der 20- bis 24-Jährigen und der 25- bis 29-Jährigen (jeweils 6,0 Erkr./100.000 Einw.). Bei Frauen war die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen jene mit der höchsten Inzidenz (1,2) (s. Abb. 6.21.3).

Abb. 6.21.3:

Übermittelte Fälle von Gonorrhoe mit verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht (nur männlich/weiblich), Deutschland, 2023 (n=923)



Klinische Aspekte

Koinfektionen mit anderen sexuell übertragbaren Erkrankungen wurden bei 16 % der Fälle gemeldet. Davon wurden Chlamydien (60 %) und HIV (40 %) am häufigsten angegeben. Bei 14 % lag eine Koinfektion mit Syphilis vor, bei 11 % mit *Mycoplasma genitalium*.

Resistenzprofil

Für 92 % aller gemeldeten Fälle im Jahr 2023 war eine alleinige verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin angegeben. Verminderte Empfindlichkeit nur gegenüber Cefixim und gegenüber Ceftriaxon lag in jeweils 0,5 % der Fälle vor. Bei 4,7 % der Fälle lag verminderte Empfindlichkeit gegen zwei der drei Antibiotika vor, eine verminderte Empfindlichkeit gegenüber allen drei Substanzen wurde für 0,8 % der Fälle gemeldet. Für 1,9 % der Fälle wurden keine detaillierten Angaben zur verminderten Empfindlichkeit gemacht.

Infektionsweg

Für 72 % der Fälle lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg vor. Bei Männern wurde für 44 % dieser Fälle angegeben, dass die Übertragung vermutlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) stattfand. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei Männern bei 41 %, während für 0,5 % der Fälle andere Infektionswege angegeben wurden. Bei 14 % der gemeldeten Fälle von Männern wurde der Übertragungsweg als unbekannt angegeben. Bei 3,0 % (n=25) der Meldungen von Männern wurde Kontakt zu Sexarbeitern bzw. Sexarbeiterinnen, bei 0,6 % (n=5) die Ausübung von Sexarbeit angegeben.

Bei Frauen wurden für 73 % heterosexuelle Kontakte als Infektionsweg angegeben. Es wurden zwei weibliche Fälle (3,9 %) mit konnatalem Übertragungsweg gemeldet, für einen Fall (2,0 %) wurde ein weiterer Infektionsweg angegeben. Für 22 % der weiblichen Fälle wurde der Infektionsweg als unbekannt angegeben.

Fazit

In Deutschland werden nach der aktuell gültigen Leitlinie der Arbeitsgemeinschaft der Wissenschaftlichen Medizinischen Fachgesellschaften (AMWF) die Antibiotika Azithromycin, Cefixim und Ceftriaxon, zum Teil als Kombinationstherapie, zur Behandlung der Gonorrhö empfohlen. Seit Einführung der Meldepflicht für Nachweise von *N. gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon im März 2020 wurde ein kontinuierlicher Anstieg an Meldefällen beobachtet. Dieser Anstieg könnte einerseits auf eine tatsächliche Steigerung von Gonorrhö-Fällen mit Resistenzen zurückgeführt werden. Andererseits könnte jedoch auch die Gesamtinzidenz der Erkrankung zugenommen haben. Außerdem könnte der Anstieg an gemeldeten Fällen auch darauf zurückzuführen sein, dass die Vollständigkeit von Meldungen nach Einführung der Meldepflicht insgesamt zugenommen hat.

Die mit Abstand meisten Meldungen stammten von Männern, davon waren MSM die hauptbetroffene Gruppe. Die höchste Inzidenz an *N. gonorrhoeae*-Nachweisen mit verminderter Empfindlichkeit wurde in Berlin, gefolgt von Hamburg und Hessen verzeichnet. Die über dem Bundesdurchschnitt liegende Inzidenz in Berlin, Hamburg, Hessen und Sachsen könnte einerseits auf den höheren Anteil von MSM in Großstädten (Berlin, Hamburg, Frankfurt am Main oder Leipzig) zurückzuführen sein, andererseits könnte diese jedoch auch mit höherer Sensibilität gegenüber der Notwendigkeit einer Empfindlichkeitsdiagnostik bei Behandlung und Behandlern, beispielsweise in STI-Schwerpunktpraxen, zusammenhängen.

Verminderte Empfindlichkeit gegenüber dem Makrolid-Antibiotikum Azithromycin war im Jahr 2023 für den größten Teil der Meldungen ausschlaggebend. Jedoch wurde entgegen den aktuell gültigen Empfehlungen ein Teil der Fälle monotherapeutisch mit Azithromycin behandelt.

Grundsätzlich ist von einer erheblichen Untererfassung der Fallzahlen von *N. gonorrhoeae*-Nachweisen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon auszugehen, da die Empfindlichkeitstestung bei *N. gonorrhoeae* mit wenigen Ausnahmen eine kulturelle Anzucht des Erregers erfordert. Es kann jedoch davon ausgegangen werden, dass ein Großteil der Gonokokken-Diagnosen in Deutschland mittels Nukleinsäurenachweis erfolgen und aus diesem Grund oftmals keine weitere Empfindlichkeitstestung durchgeführt wird. Da im Rahmen der generellen Meldepflicht für die Gonorrhö noch keine Zahlen zur Verfügung stehen, können zur Epidemiologie der Gonorrhö generell keine belastbaren Angaben gemacht werden.

Daten zur Prävalenz der Antibiotikaresistenz von *N. gonorrhoeae*-Infektionen diagnostiziert in Deutschland liefert die erweiterte Gonokokken-Resistenz-Surveillance (Go-Surv-AMR) des RKI. Im Rahmen von Go-Surv-AMR senden Labore aus ganz Deutschland Gonokokken-Isolate an das RKI, welche zentral phänotypisch und genotypisch auf ihre Antibiotikaempfindlichkeit untersucht werden. Zusätzlich liefert die Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS) des RKI Daten zur antimikrobiellen Resistenz von *N. gonorrhoeae*. Daten aus Go-Surv-AMR zeigten für das Jahr 2023 einen Anteil von ca. 25 % Azithromycin-resistenten Isolaten in Deutschland. Damit kommt der Empfindlichkeitstestung des Erregers eine zentrale Rolle zu, welche jedoch auf Grund des erhöhten diagnostischen Aufwands momentan vermutlich nur für einen kleinen Teil der Nachweise durchgeführt wird. Somit sollten diagnostische Einrichtungen und behandelnde Ärztinnen und Ärzte für die Resistenzproblematik bei *N. gonorrhoeae* weiter sensibilisiert werden, sowie diagnostische und therapeutische Leitlinien in regelmäßigen Abständen überprüft und gegebenenfalls angepasst werden.

Literaturhinweise

- Banhart S, Selb R, Oehlmann S, et al.: *The mosaic mtr locus as major genetic determinant of azithromycin resistance of Neisseria gonorrhoeae – Germany, 2018*. J Infect Dis 2021;224(8). <https://doi.org/10.1093/infdis/jiab091>
- Deutsche STI-Gesellschaft: *Diagnostik und Therapie der Gonorrhoe. AWMF S2k-Leitlinie: Registernummer 059 – 004*. 2019. <https://www.awmf.org/leitlinien/detail/II/059-004.html>
- ECDC: *Gonococcal antimicrobial susceptibility surveillance in the EU/EEA: Summary of results for 2020*. 2022. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/gonococcal-antimicrobial-susceptibility-surveillance-2020>
- RKI: *Gonokokken-Resistenz-Surveillance (Go-Surv-AMR)*. www.rki.de/gosurv
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2020. www.rki.de/ratgeber
- Selb R, Buder S, Dudareva S, Tamminga T, et al.: *Markedly decreasing azithromycin susceptibility of Neisseria gonorrhoeae, Germany, 2014 to 2021*. Euro Surveill 2021;26(31). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.31.2100616>
- Selb R, Bremer V, Jansen K, Buder S, Heuer D: *Einführung einer Meldepflicht für N. gonorrhoeae mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon*. Epid Bull 2020;10. <https://doi.org/10.25646/6525>

6.22 Haemophilus influenzae, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 1.737
- ▶ Deutlicher Anstieg der Fallzahlen im Jahr 2023 fortgesetzt
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren und Kindern unter 1 Jahr
- ▶ Nicht typisierbare *Haemophilus influenzae* (NTHi) werden am häufigsten nachgewiesen (77 %)
- ▶ 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 Sepsis und Entzündungen der Hirnhaut, der Lunge, des Kehlkopfdeckels, des Knochen- und Muskelgewebes. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen oder direkten Kontakt. *Haemophilus influenzae* können als bekapselte (Kapseltypen a bis f) oder unbekapselte Bakterien auftreten. Gegen den Kapseltyp b (Hib) wird in Deutschland seit 1990 eine Standardimpfung im Säuglings- und Kleinkindalter empfohlen. Da sich die Impfung nur gegen Hib richtet, ist für die Einschätzung der Wirksamkeit der Impfung und möglicher Auswirkungen auf die Kapseltypenverteilung eine Typisierung notwendig. Anhand der Typisierung können bekapselte (»typisierbare«) von unbekapselten (»nicht typisierbare«) Stämmen unterschieden werden.

Falldefinition

Im Rahmen des IfSG sind nur die invasiven Infektionen meldepflichtig, die durch Nachweis von *Haemophilus influenzae* in Blut oder Rückenmarksflüssigkeit (Liquor) diagnostiziert werden. Neben der Falldefinitionskategorie B (klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen) und C (klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefinitionskategorien D und E). Für das Jahr 2023 wurden 1.737 Fälle erfasst und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden wie im Vorjahr mit der Falldefinitionskategorie C (78 %) übermittelt (2022: 79 %) (s. Tab. 6.22.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurde mit 1.737 übermittelten invasiven *Haemophilus-influenzae*-Fällen im Vergleich zu den Vorjahren ein deutlicher Anstieg der Fallzahlen beobachtet, mit der höchsten Fallzahl seit Einführung der Meldepflicht. Damit scheint sich nach der COVID-19-Pandemie der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen weiter fortzusetzen, wobei im I. Quartal 2023 die höchste Fallzahl (n=735) seit 2001 zu beobachten war. Der saisonale Verlauf zeigte 2023

Tab. 6.22.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	794	79 %	1.352	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	89	9 %	150	9 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	117	12 %	235	14 %
alle	1.001	100 %	1.737	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	1.001	100 %	1.737	100 %

wie in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie die höchste Fallzahl im 1. Quartal und die niedrigste Fallzahl im 3. Quartal (s. Abb. 6.22.1).

Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 1,5 in Rheinland-Pfalz und 3,0 Fällen pro 100.000 Einwohner in Brandenburg bei einer bundesweiten Inzidenz von 2,1

Abb. 6.22.1:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2023 (n=1.737) im Vergleich mit den Vorjahren

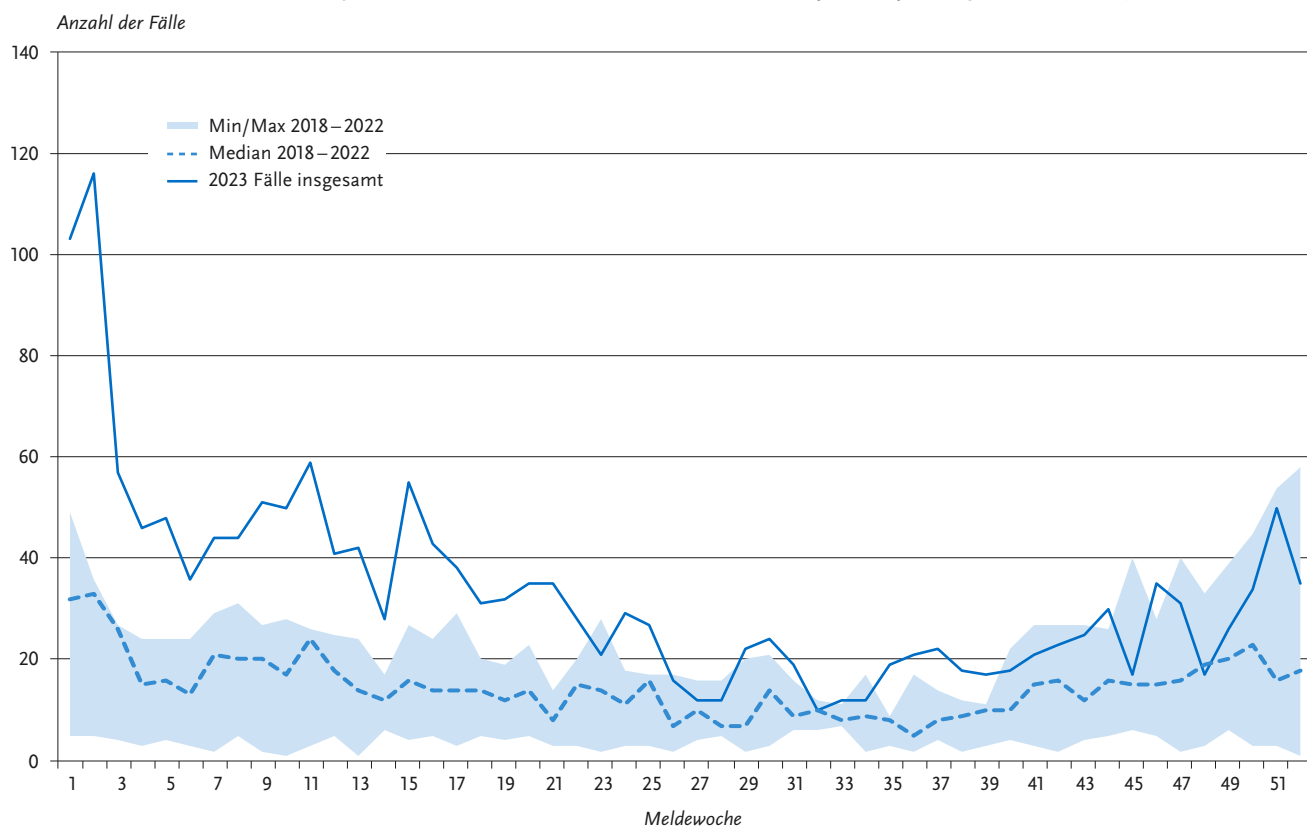
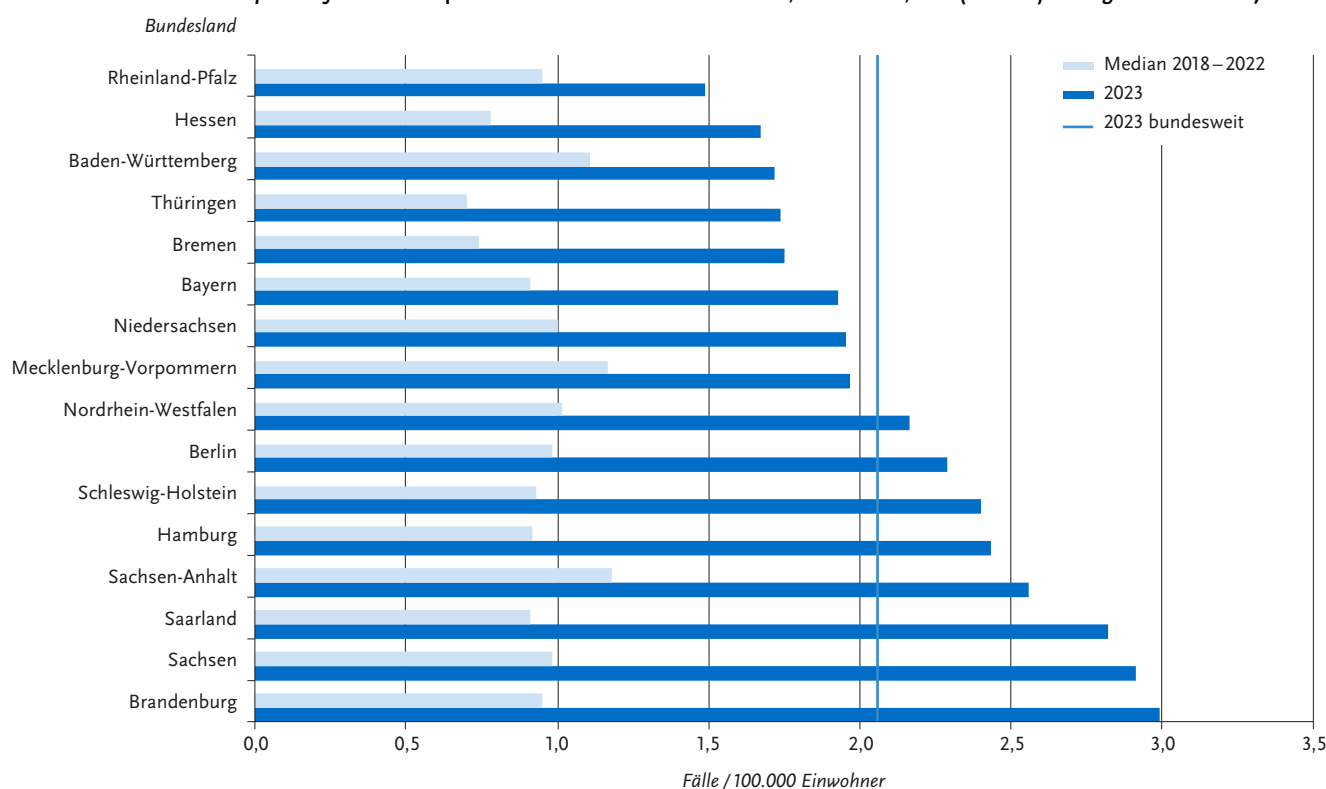


Abb. 6.22.2:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=1.737) im Vergleich mit den Vorjahren



(Median der fünf Vorjahre: 1,0). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Die Inzidenz lag in allen Bundesländern höher als der Median der vergangenen fünf Vorjahre. Dieser Anstieg war in Brandenburg, Sachsen, Saarland und Sachsen-Anhalt am stärksten ausgeprägt (s. Abb. 6.22.2). Für 831 Fälle (48 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 99 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

An einer invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektion erkrankten vor allem ältere Menschen ab 60 Jahren, und hier insbesondere die Hochaltrigen. Über drei Viertel (76 %; $n=1.323$) der Fälle sind bei Erwachsenen ab 60 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den älteren Erwachsenen deutlich zu: Sie stieg von 2,6 Erkr./100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 4,8 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 10,9 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.22.3). Der Anstieg der Inzidenz bei den ab 70-Jährigen setzte sich damit von 0,3 Erkr./100.000 Einw. im Jahr 2007 auf 7,6 deutlich fort und entspricht einer Erhöhung auf das 25-Fache, wohingegen die Inzidenz bei unter 5-Jährigen im gleichen Zeitraum nur auf das 4-Fache anstieg (2007: 0,5; 2023: 1,9). Neben älteren Menschen zeigten sich weiterhin bei Säuglingen und bei Kindern im Alter von 1 Jahr höhere Inzidenzen: 4,6 (bei Säuglingen) und 2,8 Erkr./100.000 Einw. (bei 1-Jährigen). Die Inzidenz war bei der weiblichen und der männlichen Bevölkerung insgesamt vergleichbar (weibl.: 2,1 Erkr./100.000 Einw.; männl.: 2,0), wobei insbesondere bei den 1-Jährigen und Personen im Alter zwischen 70 und 79 Jahren Jungen und Männer etwas häufiger erkrankten als Mädchen und Frauen (s. Abb. 6.22.3).

Klinische Aspekte

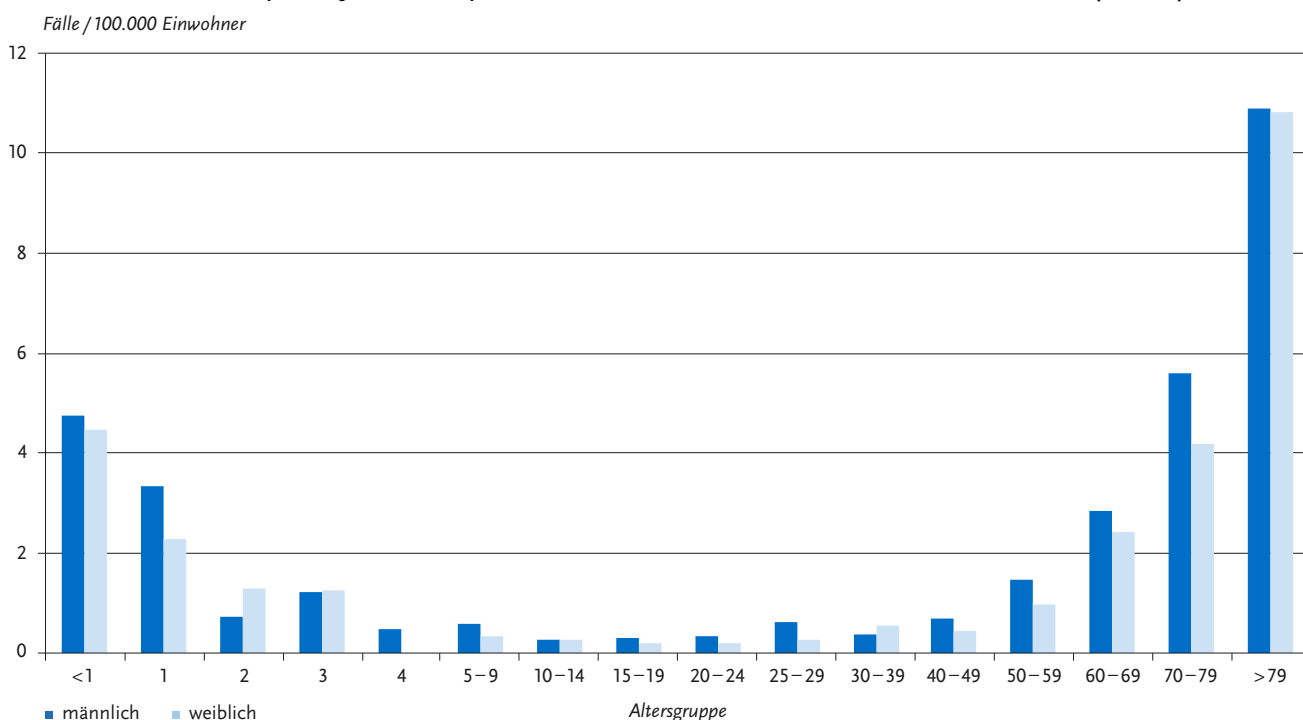
Angaben zum klinischen Bild lagen bei 1.347 (78 %) Infektionen vor. Die bei diesen Fällen am häufigsten übermittelten Symptome waren Fieber in 786 Fällen (58 %), Lungenentzündung in 767 Fällen (57 %) und ein septisches Krankheitsbild in 370 Fällen (27 %) (Mehrfachnennungen möglich). Als mögliche meningitische Zeichen traten in 183 Fällen (14 %) Nackensteifigkeit, Erbrechen, veränderte Bewusstseinslage, aufgetriebene Fontanelle oder andere Hirndruckzeichen auf.

Angaben zum Tod und Ursache des Todes lagen in 1.734 Fällen (100 %) vor. Es wurden 88 Todesfälle (2023: 5,2 %; 2022: 5,5 %) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. Drei Todesfälle traten bei Kindern auf. Bei zwei Säuglingen erfolgte der Nachweis in der Blutkultur mit der Angabe eines septischen Krankheitsbildes bzw. einer Pneumonie mit Erbrechen; bei einem einjährigen Kind erfolgte der Nachweis von Kapseltyp b in der Blutkultur, Angaben zur Symptomatik fehlen. Die übrigen verstorbenen Fälle waren zwischen 45 bis 100 Jahre alt (Median 84 Jahre); am häufigsten (64 %) erfolgte bei diesen der Nachweis von nicht-typisierbaren *Haemophilus-influenzae*.

Impfstatus

Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt die Impfung gegen den Kapseltyp b allen Säuglingen im ersten Lebensjahr nach einem sog. reduzierten Impfschema mit 2+1 Dosen (2, 4 und 11 Monate); Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene) sollen weiterhin nach dem bis Mitte 2020 allgemein geltenden 3+1-Schema (2, 3, 4 und 11 Monate) geimpft werden.

Abb. 6.22.3:
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 ($n=1.735$)



Für Patientinnen und Patienten mit einer funktionellen oder anatomischen Asplenie ist altersunabhängig eine Hib-Impfstoffdosis empfohlen.

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

In 35 Fällen wurde der impfpräventable Typ b angegeben. Da die Impfung erst seit 1990 verfügbar ist, wurde die Auswertung des Impfstatus auf die 10 erkrankten Personen im Alter von 0 bis 33 Jahren beschränkt. Fünf dieser Fälle waren geimpft, 4 Fälle waren ungeimpft, bei einem Fall wurden keine Angaben zum Impfstatus übermittelt. Von den 5 geimpften Fällen wurde für einen Säugling eine altersentsprechend nicht vollständige Impfserie (2 Dosen), für 3 Kleinkinder jeweils unvollständige Impfserien (hierunter ein Todesfall) sowie für eine erwachsene Person unter Immunsuppression eine vollständige Impfserie in der Kindheit angegeben. Von den 2 ungeimpften Säuglingen und 2 ungeimpften Kleinkindern wurde für ein Kleinkind angegeben, dass es verstorben ist, Angaben zur Todesursache fehlen.

Nachgewiesene Erreger

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung stieg im Vergleich zum Vorjahr weiter leicht an. Für das Jahr 2023 lag bei 83 % (n=1.440) der Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor (2022: 81 %). Darunter war mit 96 Fällen (6,7 %) ein höherer Anteil als im Vorjahr (2022: n=21; 2,6 %), bei denen das Typisierungsergebnis mit »andere/sonstige« nicht weiter spezifiziert wurde. Bei 1.344 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei wurde 1.110-mal (2023: 77 %; 2022: 76 %) ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) verzeichnet, in 76 Fällen (2023: 5,3 %; 2022: 10 %) handelte es sich um den Typ f, 53-mal wurde der Typ a (2023: 3,7 %; 2022: 2,0 %), 45-mal der Typ non-b (2023: 3,1 %; 2022: 3,1 %), 35-mal der Typ b (2023: 2,4 %; 2022: 5,1 %), und 25-mal wurde der Typ e nachgewiesen (2023: 1,7 %; 2022: 2,0 %).

Ausbrüche

Ausbrüche mit Fällen invasiver *Haemophilus-influenzae*-Infektionen wurden im Jahr 2023 nicht übermittelt (2022: ein Ausbruch mit 2 Fällen).

Datenqualität

Die Angaben zum Impfstatus bei Kindern, Jugendlichen und jungen Erwachsenen sind weiterhin nicht vollständig. Die Kapseltypisierung, vor allem bei den von der Impfempfehlung betroffenen Altersgruppen, wird trotz einer weiteren Steigerung im Jahr 2023 ebenfalls weiterhin nicht häufig genug durchgeführt bzw. die Typisierungsergebnisse werden nicht immer übermittelt oder spezifiziert. 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 Blut bzw. Liquor sollten Gesundheitsämter immer eine Stammeinsendung an das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* zur kostenfreien Typisierung erbitten.

Fazit

In Deutschland gehören invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen mit einer bundesweiten Inzidenz von 2,1 Fällen/100.000 Einwohnern weiterhin zu den eher seltenen meldepflichtigen Ereignissen, auch wenn ihre Zahl zwischen 2007 und 2023 (mit Ausnahme der Jahre 2020 und 2021) kontinuierlich und insbesondere im Jahr 2023 stark angestiegen ist. Der Großteil der invasiven Erkrankungen wird durch unbekapselte *Haemophilus influenzae* (NTHi) verursacht, gefolgt von *Haemophilus influenzae* Typ f. Da Personen der von der Impfempfehlung betroffenen Altersgruppen nach wie vor nur äußerst selten erkranken und vorliegende Typisierungsergebnisse überwiegend Nicht-b-Erregertypen zeigen, lassen die vorhandenen Angaben weiterhin 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;3(6). [https://doi.org/10.1016/S2589-7500\(21\)00077-7](https://doi.org/10.1016/S2589-7500(21)00077-7)
- ECDC: *Haemophilus influenzae disease – Annual Epidemiological Report for 2022*. 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/haemophilus-influenzae-disease-annual-epidemiological-report-2022>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;49. <https://doi.org/10.25646/10838>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2020. www.rki.de/ratgeber
- Singer R, Abu Sin M, Tenenbaum T, et al.: *Anstieg invasiver Infektionen durch respiratorisch übertragbare Bakterien in Deutschland 2022/2023*. Dtsch Arztebl Int 2024;121(4). <https://doi.org/10.3238/arztebl.m2023.0261>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022;4. <https://doi.org/10.25646/9285>
- 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;7(10). <https://doi.org/10.1093/ofid/ofaa444>

6.23 Hantavirus-Erkrankung



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: **335** (Vorjahr: **143**)
- Extreme Schwankungen der Fallzahl von Jahr zu Jahr typisch
- Die meisten Infektionen wurden in Deutschland erworben

Kurzbeschreibung

Hantaviren sind behüllte RNA-Viren, die zur Familie der Bunyaviridae gehören. Die Viren lassen sich zwei 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-Infek-

tionen die Rötelmaus und für Dobrava-Infektionen die Brand- und die Gelbhalsmaus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt durch die Inhalation virushaltiger Aerosole, durch den Kontakt der verletzten Haut mit kontaminiertem Staub oder durch Bisse. Die Infektion führt in Abhängigkeit vom Virustyp zu verschiedenen schweren Krankheitsbildern bis hin zu lebensbedrohenden, fieberhaften Verläufen mit massiver Blutungsneigung. Typisch für die Infektion mit in Deutschland vorkommenden Hantaviren ist die Nierenbeteiligung.

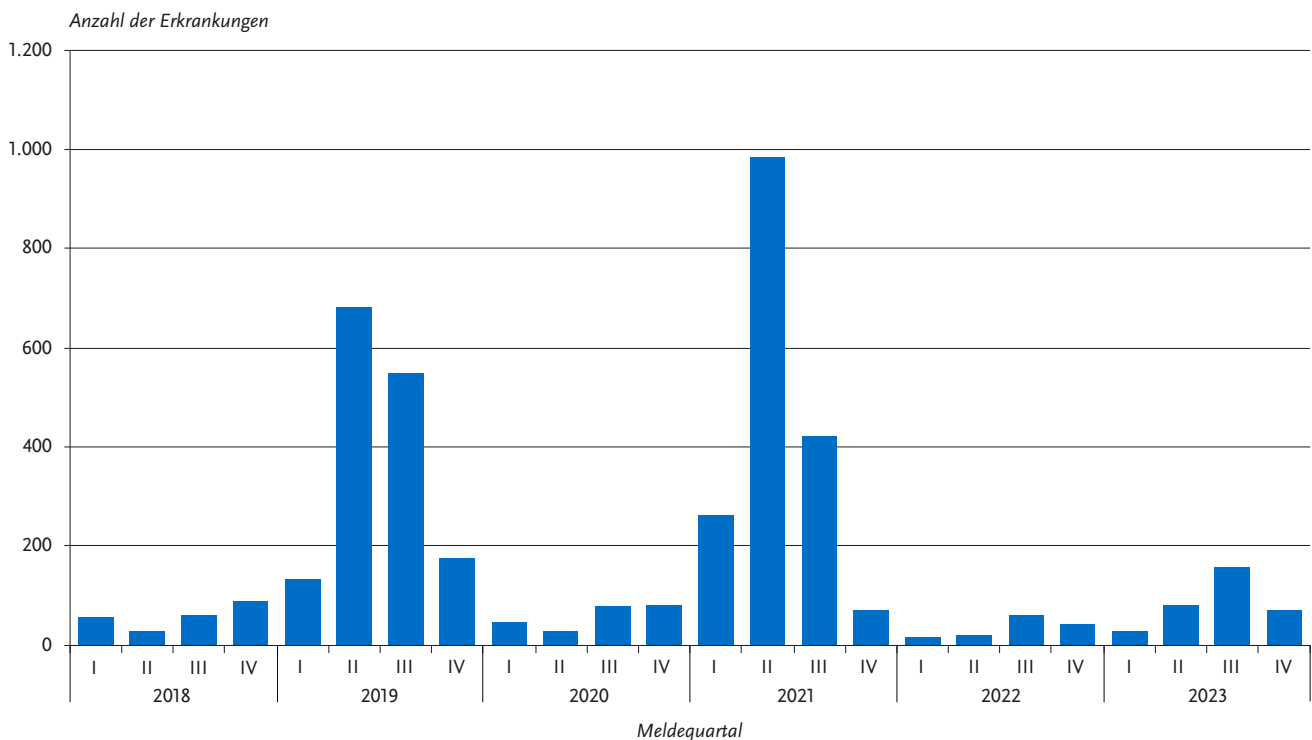
Falldefinition

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

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 335 Erkrankungen (0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) übermittelt, d. h. etwa das Zweifache des Vorjahres. Fast die Hälfte der Fälle (47 %) trat im III. Quartal auf (s. Abb. 6.23.1).

Abb. 6.23.1:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023



Tab. 6.23.1:
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	3	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	143	90 %	332	90 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	6 %	9	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7	4 %	25	7 %
alle	159	100 %	369	100 %
Referenzdefinition (B+C)	143	90 %	335	91 %

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 2023 wurden Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert von 0,4 Erkr./100.000 Einw. in Niedersachsen (0,8 Erkr./100.000 Einw.) und in Bayern und Baden-Württemberg (jeweils 0,6) beobachtet (s. Abb. 6.23.2).

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

Bei 270 Erkrankungen (81 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 278 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 263 (95 %) auf Deutschland. Weitere europäische Länder sowie die Vereinigten Staaten und die Elfenbeinküste wurden je ein- bis zweimal genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am höchsten (0,7 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung sehr selten (5 Fälle). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (67 %); der Inzidenzgipfel lag für Männer in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen (1,0 Erkr./100.000 Einw.), für Frauen in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen (0,5) (s. Abb. 6.23.3).

Klinische Aspekte

Bei 232 Erkrankten (69 %) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Für 147 Erkrankungen wurde eine zugehörige Virusspezies genannt, bei 139 Erkrankungen (95 %) wurde das Puumala-Virus und bei 8 Erkrankungen (5 %) das Dobrava-Virus angegeben. Für 178 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virusspezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Puumala-Virus-Infektionen wurden überwiegend (94 %) aus Baden-Württemberg, Bayern, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen übermittelt. Dobrava-Virus-Infektionen wurden überwiegend aus dem Norden Deutschlands übermittelt.

Abb. 6.23.2: Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=335) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2018 – 2022)

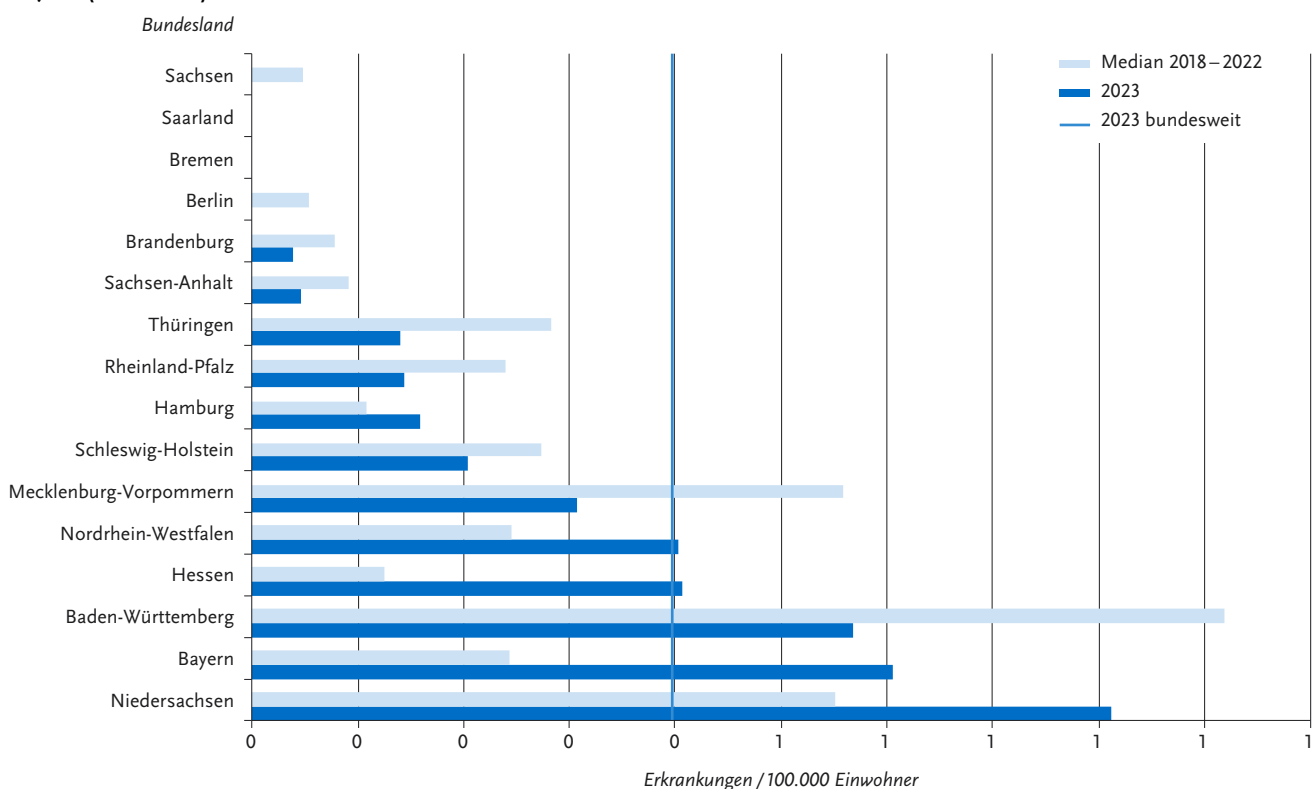
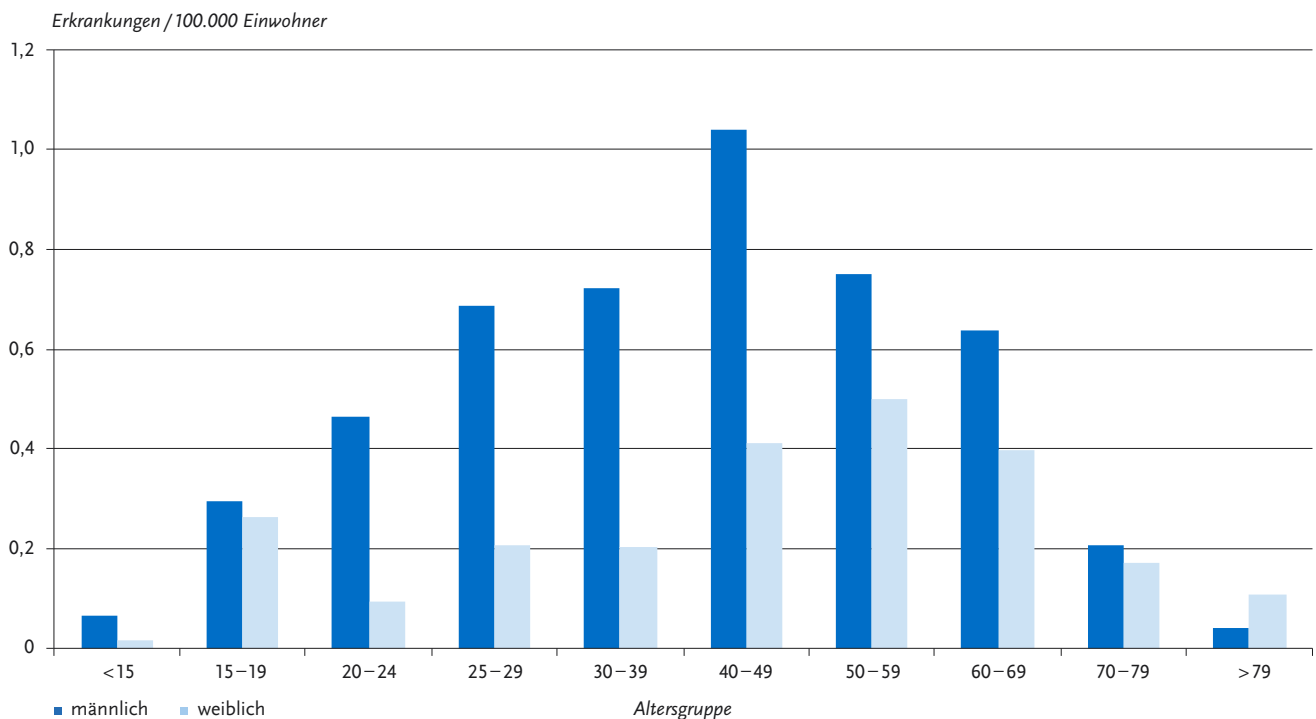


Abb. 6.23.3: Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=335)

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

Trotz einer deutlichen Zunahme des Anteils fruktifizieren der Buchen im Jahr 2022 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch das Puumala-Virus ausgelösten Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2023 relativ niedrig. Das Dobrava-Virus wurde, wie in den Vorjahren, nur selten und in wenigen Regionen Deutschlands diagnostiziert.

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(6). <https://doi.org/10.1111/zph.12175>

6.24 Hepatitis A



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: **859**
- Anstieg der übermittelten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr
- Höchste altersspezifische Inzidenzen bei den 5- bis 29- und >70-Jährigen
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

Literaturhinweise

Faber M, Krüger DH, Auste B, et al.: *Molecular and epidemiological characteristics of human Puumala and Dobrava-Belgrade hantavirus infections, Germany, 2001 to 2017*. Euro Surveill 2019;24(32). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.32.1800675>

Faber M: *Hantaviruserkrankungen in Deutschland: Hohe Fallzahlen im Frühsommer 2019*. Epid Bull 2019;25. <http://doi.org/10.25646/6188>

Hofmann J, Løyen M, Faber M, Krüger DH: *Hantavirus-Erkrankungen: Ein Update*. Dtsch Med Wochenschr 2022;147(6). <https://doi.org/10.1055/a-1664-7259>

Latus J, Schwab M, Tacconelli E, et al.: *Clinical course and long-term outcome of hantavirus-associated nephropathy epidemics, Germany*. Emerg Infect Dis 2015;21(1). <https://doi.org/10.3201/eid2101.140861>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2020. www.rki.de/ratgeber

Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-A-Virus verursacht eine akute Leberentzündung. Das Virus wird mit dem Stuhl ausgeschieden und durch direkten Kontakt von Mensch zu Mensch oder durch verunreinigte Lebensmittel oder Gegenstände übertragen. Nach einer Infektion verbleibt eine lebenslange Immunität. Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

In Ländern mit mittlerer und hoher Endemizität macht der Großteil der Bevölkerung eine Infektion bereits im Kindes- und Jugendalter durch. In Ländern mit niedriger Endemizität sind vermehrt Erwachsene betroffen, bei denen die Erkrankung in der Regel schwerer verläuft als bei Kindern. In den letzten Jahren wurden in Niedriginzidenzländern

Tab. 6.24.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	6	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	708	50 %	853	58 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	330	23 %	326	22 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	373	26 %	296	20 %
alle	1.413	100 %	1.481	100 %
Referenzdefinition (B+C)	710	50 %	859	58 %

wie Deutschland wiederholt Ausbrüche beobachtet, z. B. unter Männern, die Sex mit Männern haben, in Gemeinschaftseinrichtungen oder im Zusammenhang mit Lebensmitteln, die in Ländern hergestellt oder verarbeitet wurden, in denen Hepatitis A stärker verbreitet ist.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.24.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 859 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, etwa 21 % (n=149) mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.24.1). Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A betrug eine Erkrankung pro 100.000 Einwohner. Die meisten übermittelten Erkrankungen wurden im September gemeldet (s. Abb. 6.24.2).

Geografische Verteilung

In den Bundesländern Berlin, Nordrhein-Westfalen (je 1,4 Erkr./100.000 Einw.), Hessen, Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein (je 1,1) lag die Inzidenz über dem bundesweiten Wert. In Bremen, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg und im Saarland nahmen die Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren ab. Besonders deutlich war der Rückgang in Bremen (–63 %).

In allen anderen Bundesländern nahmen die Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren zu. Besonders deutlich war die Zunahme in Schleswig-Holstein (+129 %) und Nordrhein-Westfalen (+50 %) (s. Abb. 6.24.3).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden für 584 Erkrankungen (68 %) übermittelt. Von den 622 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) entfielen 396 (64 %) auf Deutschland. Die am häufigsten genannten

Abb. 6.24.1:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

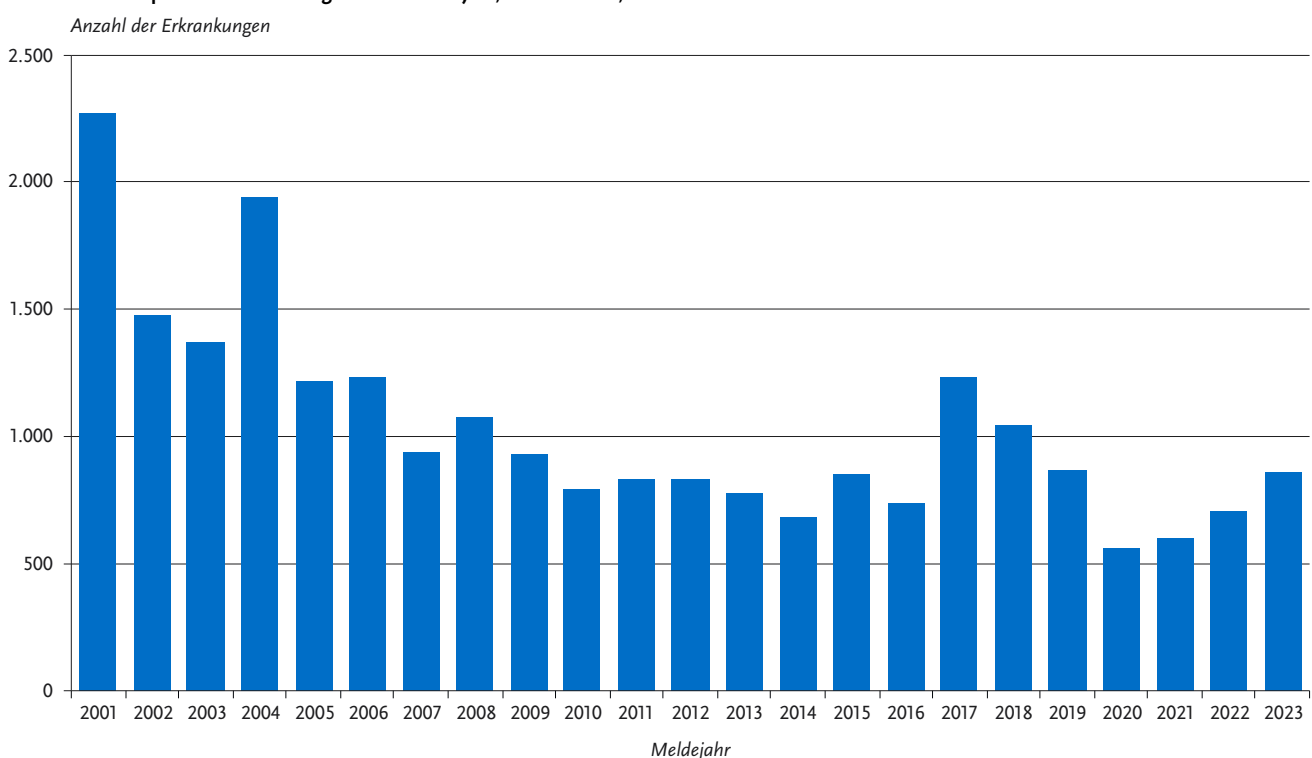


Abb. 6.24.2:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2023 (n=859) im Vergleich mit den Vorjahren

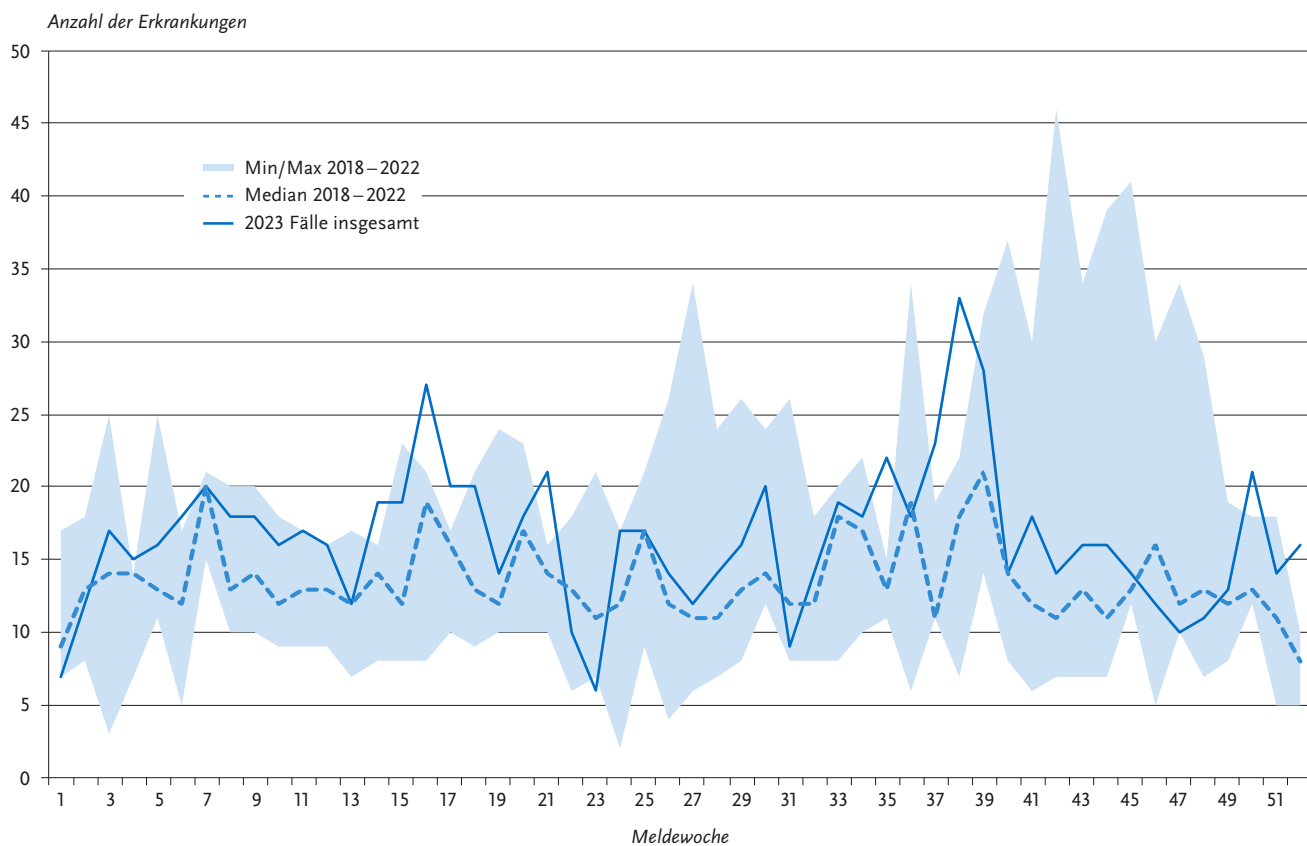
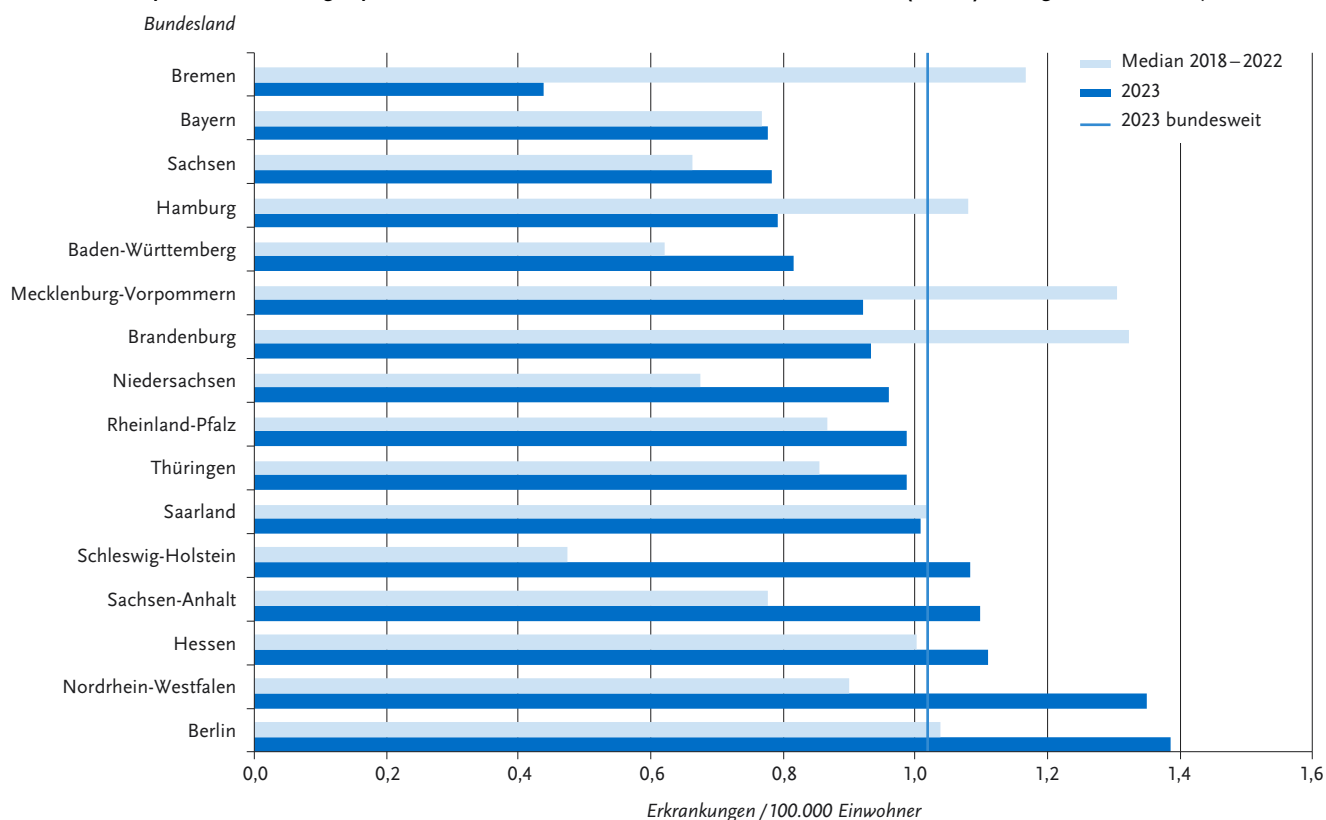


Abb. 6.24.3:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=859) im Vergleich mit den Vorjahren



nicht-deutschen Infektionsländer waren Indien, Ägypten und Pakistan (je 18 Nennungen), Marokko (16) und Syrien (10) (s. Tab. 6.24.2).

Tab. 6.24.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2023 (Mehrfachnennungen möglich, 584 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	396	64 %
Indien	18	3 %
Ägypten	18	3 %
Pakistan	18	3 %
Marokko	16	3 %
Syrien	10	2 %
Spanien	9	1 %
Afghanistan	8	1 %
Irak	7	1 %
Türkei	7	1 %
Andere	115	18 %
Summe	622	100 %

Demografische Verteilung

Männer und Frauen waren etwa gleich häufig von Hepatitis-A-Erkrankungen betroffen (je eine Erkr./100.000 Einw.).

Die höchsten Inzidenzen wurden in den Altersgruppen der 5- bis 29-Jährigen und den über 70-Jährigen beobachtet (s. Abb. 6.24.4). Es ist zu bedenken, dass die Inzidenz der Hepatitis-A-Virus-Infektionen im Kindesalter eher unterschätzt wird, da insbesondere Kleinkinder in der Regel gar nicht oder weniger schwer erkranken.

Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 503 (59 %) Erkrankungen angegeben. Für 538 von 824 Erkrankten mit Angaben (65 %) wurde eine Hospitalisierung übermittelt.

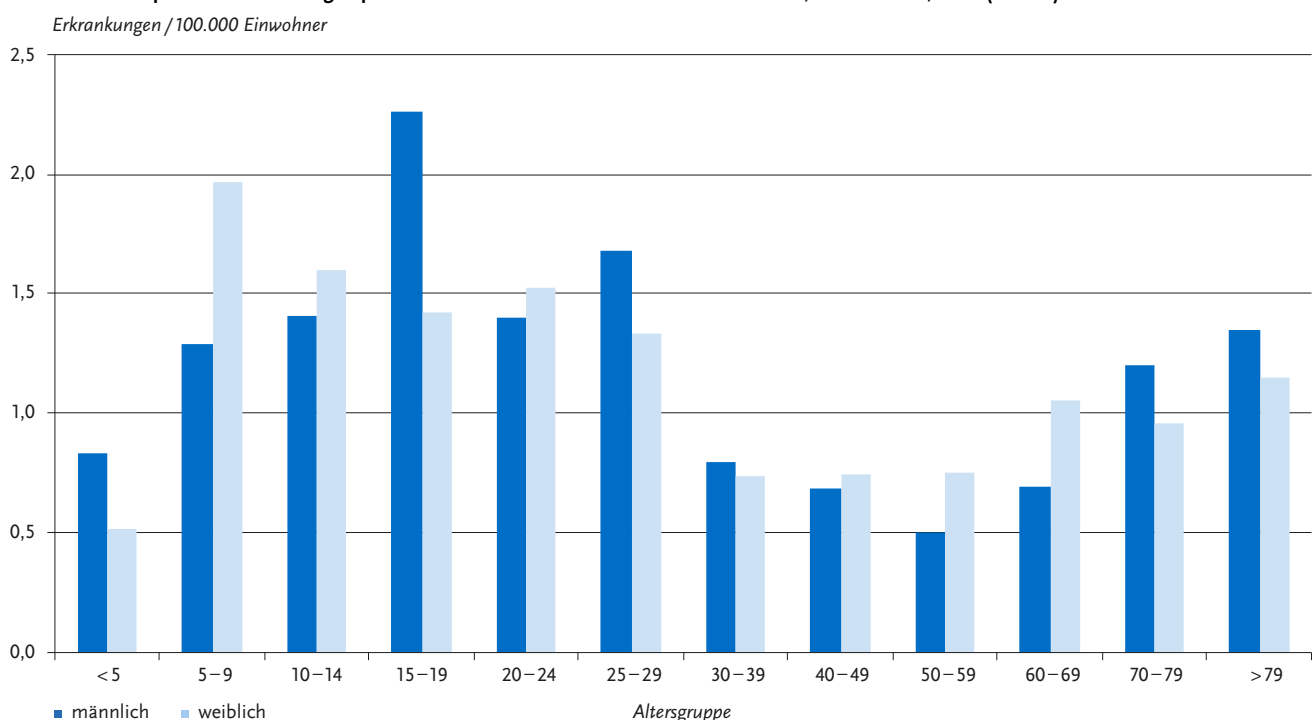
Im Jahr 2023 wurde ein Todesfall infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen war eine Person im Alter von 70 Jahren ohne Informationen zum möglichen Infektionsort.

Impfstatus

Es stehen sowohl monovalente Hepatitis-A-Impfstoffe als auch Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und Hepatitis B zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff gehören eine bzw. 2 oder 3 Dosen zu einer vollständigen Grundimmunisierung. Nach der ersten 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 ersten Impfdosis. In Anbetracht der langen Inkubationszeit kann die Impfung daher auch noch kurz vor einer Reise in ein Endemiegebiet und sogar kurz

Abb. 6.24.4:

Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 858)



nach einer Exposition sinnvoll sein. Es ist noch nicht vollständig geklärt, ob eine Auffrischimpfung nach z. B. 10 Jahren notwendig ist. Die Schutzdauer nach Impfung mit inaktivierten Hepatitis-A-Impfstoffen wurde bisher in mehreren Studien bis zu Zeiträumen von ca. 10 Jahren nach der Grundimmunisierung und in wenigen Studien bis zu Zeiträumen von 20 Jahren untersucht. Angaben zur Schutzdauer über diese Zeiträume hinaus beruhen auf mathematischen Modellierungen; in diesen Hochrechnungen wird von einer Schutzdauer bis zu 30 bis 40 Jahren bei mehr als 90 % der Geimpften ausgegangen.

Bei 648 (75 %) der 859 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor. Von diesen wurden 592 (91 %) als ungeimpft übermittelt. Bei 56 (8,6 %) Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben.

Für 23 dieser Personen wurden keine weiteren Informationen zu Impfstoff, Anzahl der erhaltenden Impfdosen oder Impfdaten übermittelt. Von 33 geimpften Personen mit weiteren Informationen hatten 5 entweder 2 monovalente Impfstoffdosen ($n=1$) oder 3 Dosen Hepatitis A/Hepatitis B-Kombinationsimpfstoff ($n=3$) oder 3 Dosen nicht näher bezeichneten Impfstoff ($n=1$) erhalten. Sie erkrankten innerhalb von 7 bis 22 Jahren nach Erhalt der letzten Impfstoffdosis. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen Erkrankungen für einen möglichen Impfdurchbruch.

Ausbrüche

Es wurden 26 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, davon 4 mit 5 oder mehr Erkrankten. Insgesamt 90 Erkrankungen im Jahr 2023 wurden im Rahmen von Ausbrüchen mit Beginn 2023 übermittelt. Bei Berücksichtigung von Geschehen, die bereits in den Vorjahren begannen, waren es 138 Erkrankungen; von diesen wurden 41 Erkrankungen einem bundeslandübergreifenden Ausbruch mit epidemiologischer Evidenz für einen Zusammenhang mit dem Verzehr von Tiefkühl-Erdbeeren zugeordnet. Bei einem weiteren bundeslandübergreifenden Ausbruch mit 20 Erkrankungen bestand ebenfalls der Verdacht auf eine Übertragung durch Lebensmittel.

Datenqualität

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

Fazit

Im Jahr 2023 wurden im Vergleich zu den Vorjahren, in denen die Reiseaktivität während der COVID-19 Pandemie eingeschränkt war, wieder mehr Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt. Die Mehrzahl der an Hepatitis-A Erkrankten war ungeimpft.

Literaturhinweise

- Carrillo-Santisteve P, Tavošchi 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;17(10). [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(17\)30392-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(17)30392-4)
- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2022;65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- Enkelmann J, Wenzel J, Stark K, Faber M: *Bundeslandübergreifender Hepatitis-A-Genotyp-1B-Ausbruch im Zusammenhang mit dem Verzehr von Tiefkühl-Erdbeeren, Deutschland, 2021–2023*. Epid Bull 2023;37. <https://doi.org/10.25646/11700>
- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. Epid Bull 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- 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;23(27). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.27.1800329>
- Jacob L, Kostec K: *Compliance with vaccination against hepatitis A virus in Germany: A retrospective analysis*. Int J Clin Pharmacol Ther 2017;55(9). <https://doi.org/10.5414/CP202990>
- 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;11(2). <https://doi.org/10.1007/s12560-019-09375-3>
- 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. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-34927-1>
- 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;23(33). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.33.1700641>
- 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 2024;14. <https://doi.org/10.25646/12006.5>
- 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;25(37). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.37.1900670>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2023. www.rki.de/ratgeber
- 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;103. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.11.133>

6.25 Hepatitis B



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 22.875
- Davon 1.075 akute, 10.623 chronische und 11.177 Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium
- Zunahme der Fallzahlen seit dem Jahr 2015 aufgrund von Anpassungen der Referenzdefinition (zuletzt 2019) und Anpassung der Meldepflicht im IfSG (2017)
- Zunahme der Fälle um 36 % (n=6.054) im Vergleich zum Vorjahr wegen verschiedener Ursachen, inkl. Meldung bereits bekannter chronischer Fälle
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

Kurzbeschreibung

Hepatitis B ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-B-Viren (HBV) ausgelöste Leberentzündung, die vorwiegend sexuell und durch 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-labordiagnostisch bestätigten Fällen (C), auch labordiagnostisch nachgewiesene Infektionen mit nicht erfülltem (D) oder unbekanntem klinischen Bild (E), die Referenzdefinition erfüllen (Tab. 6.25.1). Zudem erfüllt seitdem nur noch der direkte HBV-Nachweis die Kriterien für einen labordiagnostischen Nachweis.

Im Juli 2017 trat eine IfSG-Änderung in Kraft, bei der jeder Nachweis von HBV meldepflichtig wurde. Seitdem werden nicht mehr nur Nachweise, die auf eine akute Infektion hinweisen, erfasst, sondern alle aktiven (akuten und chronischen) Infektionen mit HBV. Seit 2019 entsprechen auch chronische Infektionen der Referenzdefinition. Dies erlaubt eine Auswertung der übermittelten Fälle nicht nur nach Meldekategorie, sondern auch nach Infektionsstadium (s. Tab. 6.25.1).

Auch wenn im Meldesystem sowohl akute als auch chronische Infektionen erfasst werden, erfüllen nur Fälle die Falldefinition, die erstmalig in Deutschland diagnostiziert wurden, sodass im Folgenden von Inzidenzen gesprochen wird.

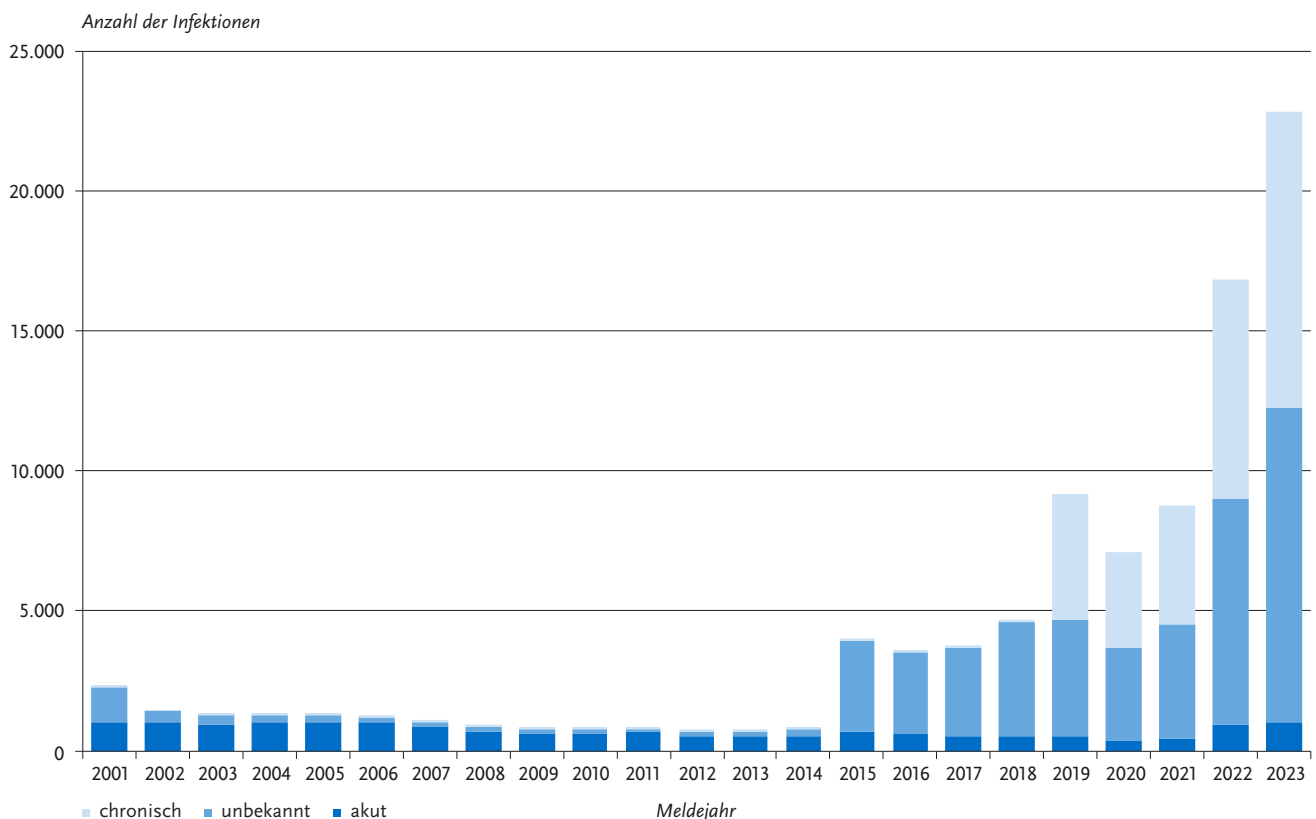
Zeitlicher Verlauf

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 Erweiterung der Referenzdefinition 2015 haben die übermittelten Fallzahlen deutlich zugenommen (s. Abb. 6.25.1). Eine Differenzierung der Hepatitis-B-Fälle nach Infektionsstadium zeigt, dass seit 2008 die Anzahl übermittelter akuter Infektionen relativ konstant bleibt und der Anstieg auf 3.936 übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen im Jahr 2015 zum größten Teil auf Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium zurückzuführen war (n=3.226), was am ehesten mit der Änderung der Falldefinition zusammenhing, nach der alle labordiagnostisch bestätigten Fälle unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.25.1). Eine weitere Zunahme erfolgte nach der IfSG-Änderung 2017. Seit dem Jahr 2019 erfüllen auch chronische Infektionen die Referenzdefinition, was zu einem weiteren starken Anstieg der berichteten Fallzahlen im Jahr 2019 führte. Während die Anzahl an übermittelten Infektionen für alle drei Infektionsstadien im Jahr 2020 im Vergleich zu 2019 um 23 % (n=2.080) sank, nahm die Zahl der übermittelten Infektionen seit 2022 im Vergleich zu den Vorjahren stark zu. Im Jahr 2023 wurde erneut ein Anstieg der übermittelten Hepatitis-B-Fälle verzeichnet (Anstieg um 36 % im Vergleich zu 2022). Der Anstieg der Fallzahlen betraf alle drei Kategorien im Bezug auf das Infektionsstadium, jedoch am stärksten Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium (akute Infektionen: Anstieg um 15 %; chronische Infektionen: Anstieg um 36 %; Infektionen mit unbekanntem Stadium: Anstieg um 39 % im Vergleich zum Jahr 2022). Der Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen lag in den Jahren 2019 bis 2023 konstant bei 5–6 %. Die Anteile an chronischen Infektionen sowie an Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium blieben im Vergleich zum Vorjahr auf einem ähnlichen Niveau (45 % versus 46 % bzw. 50 % versus 49 %).

Tab. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023 und nach Infektionsstadium für 2023

Kategorie	2022				2023		
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl akute Infektionen	Anzahl chronische Infektionen	Anzahl unbekannte Infektionen
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.872	11 %	2.249	10 %	560	1.195	494
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8.557	51 %	11.843	52 %	513	9.415	1.915
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	6.392	38 %	8.783	38 %	2	13	8.768
alle	16.821	100 %	22.875	100 %	1.075	10.623	11.177
Referenzdefinition (C+D+E)	16.821	100 %	22.875	100 %	1.075	10.623	11.177

Abb. 6.25.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr und Infektionsstadium, Deutschland, 2001 bis 2023



Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betrugen 2023 zwischen 12 Infektionen (akut, chronisch und unbekannt) pro 100.000 Einwohner in Thüringen und 55 in Bremen. Für 2023 waren die Bundesländer Thüringen, Sachsen, Brandenburg, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern mit unter 18 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einw. die Bundesländer mit den niedrigsten Inzidenzen in Deutschland (s. Abb. 6.25.2). Bundesländer mit den höchsten Inzidenzen waren neben Bremen (55), Hamburg (49) und Rheinland-Pfalz (41).

Nach Infektionsstadium differenziert betrugen in den Bundesländern die Inzidenzen akuter Infektionen zwischen 0,2 in Sachsen und 3 Inf./100.000 Einw. in Hamburg. Die Inzidenzen für Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium lagen zwischen 3 in Thüringen und 24 Inf./100.000 Einw. im Saarland. Bei den übermittelten Fällen mit chronischem Infektionsstadium lagen die Inzidenzen in den Bundesländern zwischen 2 in Sachsen und 42 Inf./100.000 Einw. in Bremen.

Bei 5.701 (25 %) der insgesamt 22.875 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Auf Deutschland entfielen 56 % der Nennungen (n = 3.205), gefolgt von der Türkei (n = 256), Ukraine (n = 226), Afghanistan (n = 195), Rumänien (n = 151) und Syrien (n = 149). Seit der IfSG-Novellierung 2017 werden Angaben zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit übermittelt. Für 13.441 (59 %) der Fälle wurden die Angaben zum

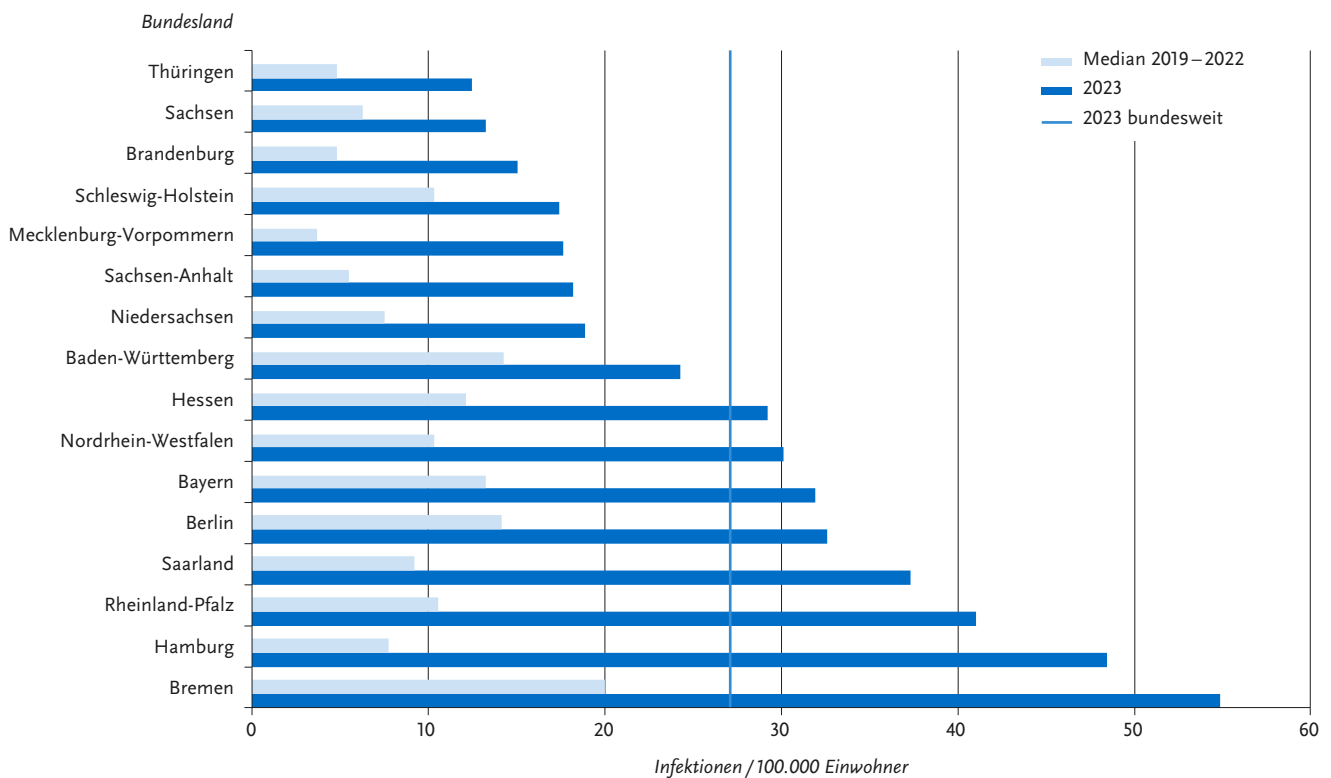
Geburtsland und für 11.911 (52 %) zur Staatsangehörigkeit übermittelt. Deutschland wurde bei 21 % (n = 2.822) der Infektionen als Geburtsland und die deutsche Staatsangehörigkeit in 38 % (n = 4.497) angegeben. Als Geburtsland wurden häufig auch die Türkei (11 %; n = 1.474), Afghanistan (5,7 %; n = 764), Rumänien (5,2 %; n = 700) und die Ukraine (4,4 %; n = 593) genannt.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 32 Inf./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (22). Bei Männern und Frauen war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am stärksten betroffen (Männer: 62 Inf./100.000 Einw., Frauen: 42 Inf./100.000 Einw.). Die Inzidenz im Kindesalter (< 15 Jahre) war mit 0,5 insgesamt niedrig (Abb. 6.25.3). In der Altersgruppe der Kinder unter 15 Jahren entfielen 3 von 58 Infektionen auf Kinder im ersten Lebensjahr (0,4 Inf./100.000 Einw.). Bei 2 Fällen wurde als wahrscheinliche Exposition eine perinatale Übertragung übermittelt. Bei 2 dieser Kinder wurde Ukraine und bei einem Kind Deutschland als Geburtsland angegeben. Fehleingaben beim Alter sind insbesondere bei den Fällen ohne Angabe einer perinatalen Übertragung möglich.

Sowohl bei Männern als auch bei Frauen wurde nur ein kleiner Teil (3,9 bzw. 5,2 %) aller übermittelten Infektionen als akute Infektion übermittelt. Hierbei wiesen wie im Vorjahr die 40- bis 49-jährigen Männer die höchste Inzidenz auf (3,1 akute Infektionen pro 100.000 Einw.). Auch bei

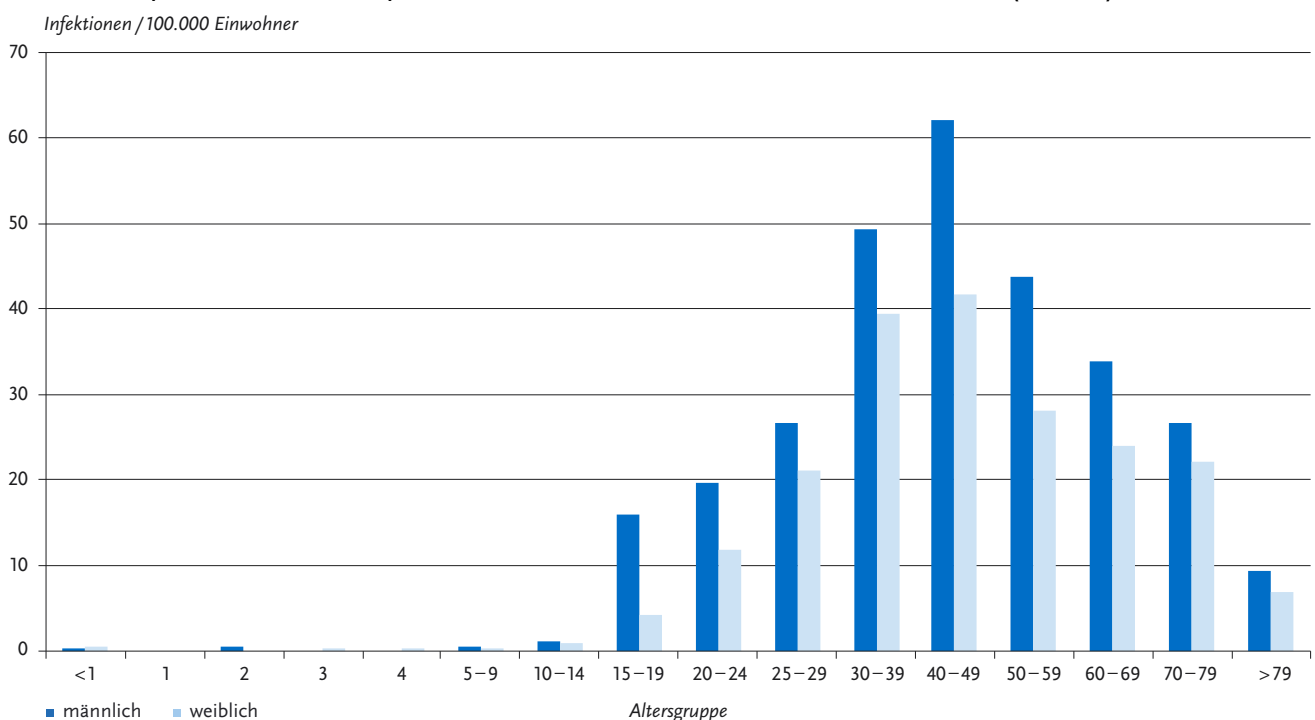
Abb. 6.25.2:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, 2023 (n=22.875) im Vergleich mit dem Vorjahr



chronischen Infektionen und Infektionen mit unbekanntem Stadium wiesen 40- bis 49-jährige Männer die höchsten Inzidenzen auf (28 chronische Infektionen pro 100.000 Einw., 30 Infektionen mit unbekanntem Stadium pro 100.000 Einwohner). Bei Frauen lag die höchste Inzidenz für akute Infektionen wie im Vorjahr bei den 30- bis 39-Jährigen

(1,4 akute Infektionen pro 100.000 Einw.). Auch bei Infektionen mit unbekanntem Stadium wiesen 30- bis 39-jährige Frauen die höchste Inzidenz auf (19 Infektionen mit unbekanntem Stadium pro 100.000 Einw.). Die höchste Inzidenz für chronische Infektionen wiesen 40- bis 49-jährige Frauen auf (22 chronische Infektionen pro 100.000 Einw.).

Abb. 6.25.3:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=22.875)



Klinische Aspekte

Für das Jahr 2023 wurden insgesamt 22.875 Fälle von Hepatitis B nach Referenzdefinition übermittelt. Dabei dominierten wie in den Vorjahren die labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen mit nicht erfülltem (11.843 Infektionen; 52%; Falldefinitions-kategorie D) oder unbekanntem klinischen Bild (8.783 Infektionen; 38%; Falldefinitions-kategorie E). Der Anteil klinisch-labor-diagnostischer bestätigter Infektionen (C) lag 2023 bei 10% (2.249 Infektionen) (s. Tab. 6.25.1).

Das Stadium der 22.875 übermittelten Infektionen war bei 5% (n=1.075) der Infektionen als akut, bei 46% (n=10.623) als chronisch und bei 49% (n=11.177) als unbekannt angegeben (s. Tab. 6.25.1). Akute Infektionen wurden am häufigsten in der Falldefinitions-kategorie C übermittelt (52%, n=560), chronische Infektionen in der Falldefinitions-kategorie D (89%, n=9.415) und Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium in Falldefinitions-kategorie E (78%, n=8.768).

Impfstatus

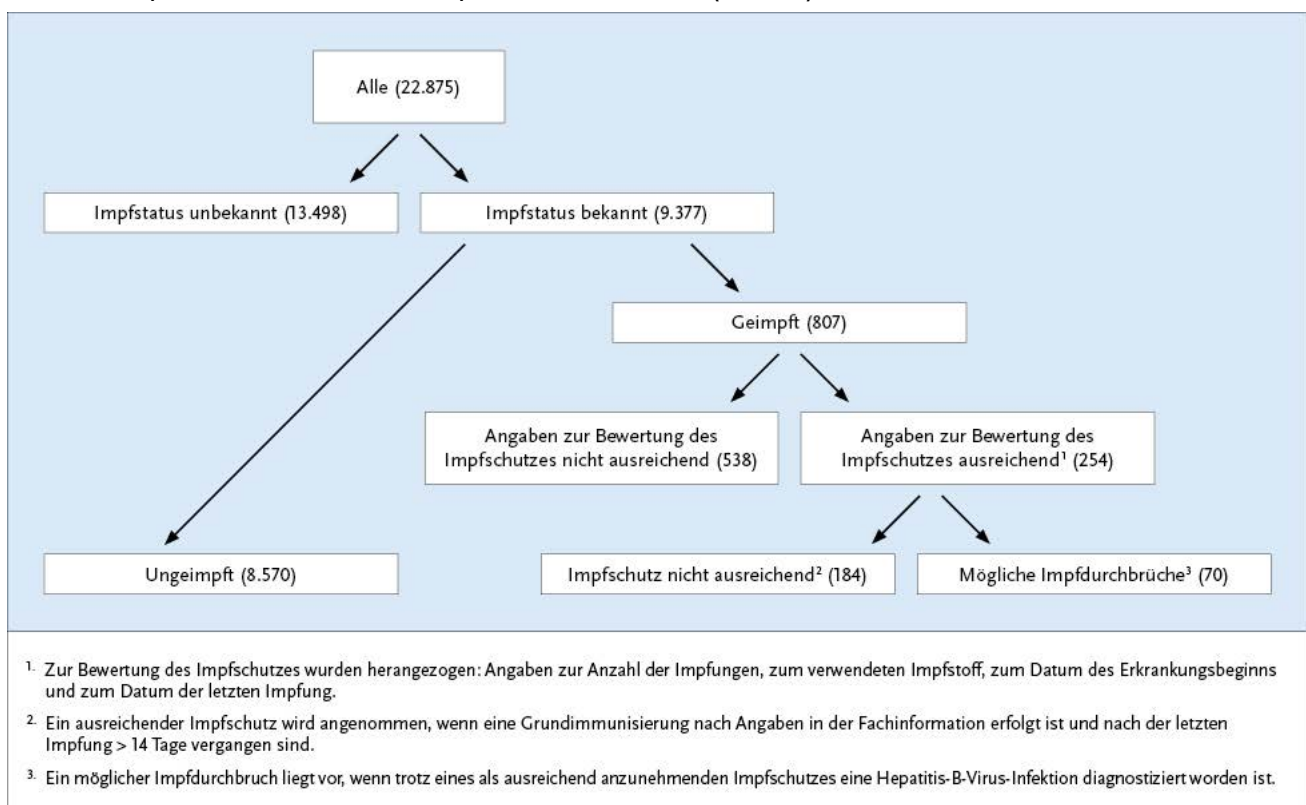
Die STIKO empfiehlt die Hepatitis-B-Impfung für alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie für definierte Indikationsgruppen (unter anderem i. v.-Drogengebrauchende, Gefängnisinsassen, Personen mit Sexualverhalten mit hohem Infektionsrisiko und expositionsgefährdetes Personal in medizinischen Einrichtungen). In Deutschland stehen monovalente Hepatitis-B-Impfstoffe, bivalente Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und B und hexavalente Kombinationsimpfstoffe mit Hepatitis-B-Komponente für

Kinder zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff und Impfschema besteht eine vollständige Grundimmunisierung aus 3 bzw. 4 Impfdosen. Nach vollständiger Grundimmunisierung im Kindes- bis jungen Erwachsenenalter lassen sich bei über 95% der Geimpften schützende Antikörper nachweisen. Nach internationalen Studien kann von einem langjährigen, möglicherweise sogar lebenslangen Schutz gegen eine HBV-Infektion ausgegangen werden.

Bei 9.377 (41%) der 22.875 übermittelten HBV-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.25.4). Von diesen 9.377 Infektionen wurden 8.570 (91%) als ungeimpft übermittelt. Bei 807 Infektionen mit Angaben zum Impfstatus wurde eine HBV-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 807 fehlten bei 538 Infektionen ausreichende Angaben zur Bewertung des anzunehmenden Impfschutzes.

Für 254 (31%) der 807 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letzten Impfung sowie zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung vor. Bei insgesamt 184 Personen wird angenommen, dass sie zum Zeitpunkt der Infektion unvollständig geimpft waren. Bei 177 dieser Infektionen waren lediglich eine oder 2 Impfdosen angegeben. Insgesamt 70 (0,3%) Fälle hatten einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz mit mindestens 3 Impfungen erhalten. Die vorliegenden Informationen könnten bei diesen Fällen für einen Impfdurchbruch sprechen, wobei beachtet werden muss, dass die übermittelten Angaben für eine solche

Abb. 6.25.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2023 (n=22.875)



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.

Infektionsrisiken

Nur bei 788 (3,4 %) der 22.875 übermittelten Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert. Der am häufigsten übermittelte wahrscheinliche Übertragungsweg im Jahr 2023 war die Wohngemeinschaft mit einem HBV-Träger (n = 382 Fälle, 48 %). Als zweithäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde i. v.-Drogenkonsum bei 177 Infektionen (23 %) angegeben, darunter 5 Infektionen während eines Haftaufenthaltes. Als dritthäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde sexuelle Transmission bei 165 Infektionen (21 %) genannt, darunter 117 Infektionen durch heterosexuellen Kontakt mit einem oder einer mit Hepatitis-B-Virus infizierten Partner oder Partnerin und 48 Infektionen durch gleichgeschlechtliche sexuelle Kontakte. Des Weiteren wurde bei 55 Infektionen (7 %) der Erhalt von Blutprodukten, bei 7 Infektionen (1 %) Dialyse und bei 2 Infektionen (0,3 %) perinatale Übertragung als wahrscheinlicher Übertragungsweg genannt.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 4 Häufungen mit insgesamt 9 Infektionen übermittelt. Bei 4 Häufungen war der private Haushalt als Infektionsumfeld angegeben. Bei einer Häufung war das Infektionsumfeld unbekannt.

Datenqualität

Seit Änderung des IfSG im Juli 2017 sind alle 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. Es ist möglich, dass chronische Fälle vor 2019 nicht im System erfasst wurden, weil sie zu diesem Zeitpunkt die Referenzdefinition nicht erfüllten und nun bei wiederholter Testung erneut gemeldet und übermittelt werden. Nicht erkannte chronische Infektionen könnten sich auch weiterhin in dem hohen Anteil der übermittelten Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium verbergen. Doppelmeldungen bereits bekannter Hepatitis-B-Fälle können nicht komplett ausgeschlossen werden und könnten ebenfalls einen Einfluss auf die Anzahl neu übermittelter Infektionen haben. Insbesondere kann eine Löschung des Personen-

bezugs bei wiederholter Testung dazu führen, dass Fälle mehrfach angelegt und übermittelt werden. Personenbezogenen Daten sind dann zu löschen, wenn diese zur Erfüllung der Aufgaben nicht mehr benötigt werden. Für chronische Hepatitis B mit teilweise lebenslangen Infektionen sollten diese Angaben daher ausreichend lang aufbewahrt werden.

Die Verbesserung der Datenqualität spielt hinsichtlich des Infektionsstadiums eine wichtige Rolle. Aufgrund der Erweiterung der Referenzdefinition 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 ist es zunehmend möglich, aus den Meldedaten bessere Hinweise auf die Krankheitslast bei verschiedenen Migrationspopulationen zu erhalten. Der Anteil von Fällen mit Informationen zum Geburtsland betrug 2023 59 % und zur Staatsangehörigkeit 52 %, dies hat sich im Vergleich zum Vorjahr (Geburtsland 81 % und Staatsangehörigkeit 71 %) jedoch deutlich verschlechtert.

Fazit

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

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

Im Vergleich zum Vorjahr wurden im Jahr 2023 6.054 mehr HBV-Infektionen übermittelt (Anstieg um 36 %). Die Zunahme der Fallzahlen vom Vorjahr (Anstieg um 90 % von 2021 auf 2022) setzt sich im Jahr 2023 zwar fort, jedoch nicht mehr so stark wie zuvor. Der Anstieg betraf alle Infektionsstadien, insbesondere jedoch Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium, wobei der Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen im Jahr 2023 wie in den Jahren 2019 bis 2022 konstant bei 5–6 % lag.

Mehrere Faktoren könnten einen Einfluss auf die in den Jahren 2022 und 2023 gestiegenen Fallzahlen haben. Die seit Oktober 2021 eingeführte einmalige Erstattung von Labordiagnostik für HBV im Rahmen der Gesundheitsuntersuchung (ehemalig Check-up 35) kann zu einer erhöhten Detektion von Hepatitis-B-Fällen geführt haben. Seit Beginn des russischen Angriffskrieges gegen die Ukraine im Februar 2022 kam es zudem zu einer großen Migrationsbewegung

aus der Ukraine nach Deutschland. Hepatitis B ist in der Ukraine stark prävalent. Zusätzlich könnten eine weiter zunehmende Inanspruchnahme von Gesundheitsleistungen und ein verändertes Kontaktverhalten aufgrund der weiteren Entwicklung der COVID-19-Pandemie zum Anstieg der Fallzahlen beigetragen haben. Neben diesen Gründen für einen echten Anstieg der Fallzahlen müssen weitere Faktoren in Betracht gezogen werden: Seit dem 01.01.2022 sind Labore verpflichtet, über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) Erregernachweise elektronisch an die Gesundheitsämter zu melden. Damit einhergehende Veränderungen in den Arbeitsabläufen sowie technische Anpassungen könnten die Anzahl der gemeldeten Fälle beeinflusst haben. Doppelmeldungen bereits bekannter Hepatitis-B-Fälle könnten ebenfalls eine Rolle spielen, insbesondere da die vormalig bestehende Löschvorschrift dazu geführt haben könnte, dass in Gesundheitsämtern der Personenbezug gelöscht wurde. Gesundheitsämter berichten zudem sporadisch, dass bei einem Wechsel der im Gesundheitsamt genutzten Software der Personenbezug nicht immer übertragen wird und somit bereits bekannte Hepatitis-B-Fälle erneut übermittelt werden. Der Inzidenzanstieg war in allen Bundesländern zu verzeichnen, wobei der Anstieg in Bremen und Hamburg wie im Jahr 2022 besonders hoch war. In Hamburg scheint neben den oben genannten Gründen ein Wechsel eines der zwei größten infektiologischen Behandlungszentren zu einem neuen Laboratorium im Jahr 2021 mit Meldung z. T. alter Fälle, die noch nicht in der Datenbank des neuen Labors sind, ebenfalls zum Anstieg beigetragen zu haben. Die zeitlich und örtlich variierende, heterogene Meldeinzidenz von Fällen deutet ebenfalls darauf hin, dass technische Faktoren die Erfassung der Fälle beeinflussen und nicht auf eine veränderte epidemiologische Lage hinweisen. Eine Differenzierung nach Infektionsstadium zeigte, dass die höchsten Inzidenzen akuter Infektionen bei Männern im Alter von 40 bis 49 Jahren und bei Frauen im Alter von 30 bis 39 Jahren lagen und wahrscheinlich zum größten Teil auf sexuelle Übertragungswege hindeuten.

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

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

Literaturhinweise

- Biallas R, Steffen G, Burdi S, et al.: Anstieg der übermittelten Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Fälle in Deutschland im Jahr 2022. *Epid Bull.* 2023;31. <https://doi.org/10.25646/11669>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.puhe.2019.11.012>
- 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(1). <https://doi.org/10.1097/INF.0b013e3181ef22d5>
- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: Epidemiologie der Virushepatiden A bis E in Deutschland. *Bundesgesundheitsbl* 2022;65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- 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. <https://doi.org/10.1007/s00103-019-02901-5>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance. *Epid Bull* 2022;48. <https://doi.org/10.25646/10838>
- Schranz M, Ullrich A, Rexroth U, et al.: Die Auswirkungen der COVID-19-Pandemie und assoziierter Public-Health-Maßnahmen auf andere meldepflichtige Infektionskrankheiten in Deutschland (MW 1/2016 – 32/2020). *Epid Bull* 2021;7. <https://doi.org/10.25646/8011>
- Steffen G, Sperle I, Harder T, et al.: Hepatitis B vaccination coverage in Germany: systematic review. *BMC Infect Dis* 2021;21(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06400-4>
- Steffen G, Sperle I, Leendertz SA, et al.: The epidemiology of Hepatitis B, C and D in Germany: A scoping review. *PLoS One* 2020;15(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229166>
- Sperle I, Lassen SG, Schlaud M, et al.: Prevalence of vaccine-derived hepatitis B surface antibodies in children and adolescents in Germany: results from a population-based survey, 2014 – 2017. *BMC Infect Dis.* 2024;24(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-024-09201-7>
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V., et al.: Empfehlungen der STIKO und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen. *Epid Bull* 2023;14. <https://doi.org/10.25646/11201>
- 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;148. <https://doi.org/10.1017/S0950268820000242>

6.26 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **10.512**
- ▶ Anzahl der Fälle um 30 % im Vergleich zum Vorjahr gestiegen
- ▶ Unter 10 % sind akute Hepatitis-C-Infektionen
- ▶ Großteil der Infektionen vermutlich in Deutschland erworben
- ▶ Mehr als ein Fünftel der Fälle im Jahr 2023 mit vorhandenen Angaben zu Geburtsland und Nationalität umfasste Menschen, die in der Ukraine geboren wurden oder ukrainische Staatsbürger sind
- ▶ Deutlich höhere Inzidenz bei Männern als bei Frauen, Häufigkeitsgipfel in der Altersgruppe der 30- bis 59-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 unbekannten 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. Reinfektionen nach erneuter Exposition mit dem Virus sind möglich. 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 asymptomatisch 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. 6.26.1).

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, die 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

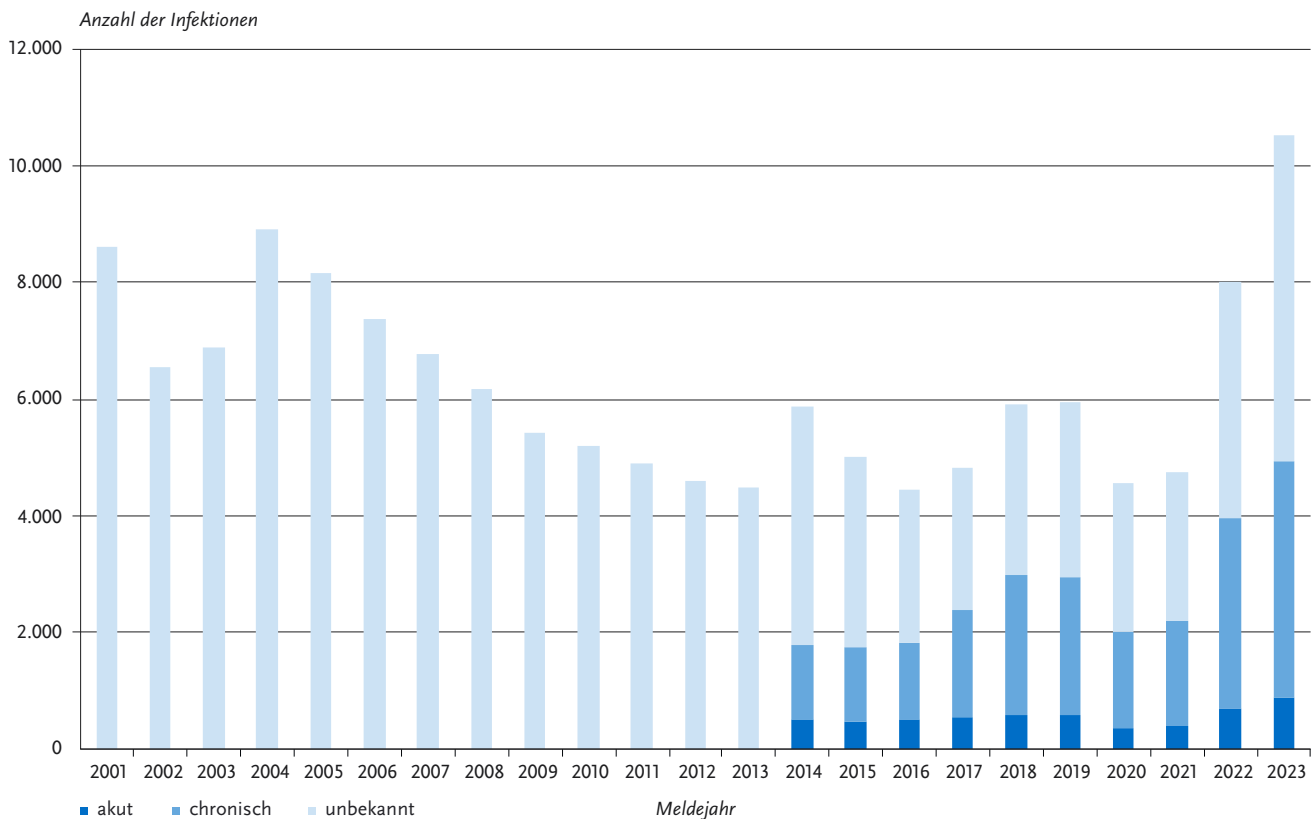
Für das Jahr 2023 wurden insgesamt 10.512 Hepatitis-C-Infektionen übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 12,5 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (9,5) deutlich gestiegen. Die Anzahl der Fälle hat im Vergleich zum Vorjahr (n=8.000) um mehr als 30 % zugenommen. Aufgrund des häufigen asymptomatischen Verlaufs beinhaltet die Gesamtheit der Fälle einen erheblichen Anteil bereits chronischer Hepatitis-C-Fälle (im Sinne einer Virusreplikation von mehr als 6 Monaten).

Von 2005 bis 2013 war ein abnehmender Trend der übermittelten Fallzahlen von Hepatitis C zu verzeichnen. In den Folgejahren kam es zu Zu- und Abnahmen der Fallzahlen nach Änderungen gemäß IfSG. In den Jahren 2020 und 2021, während der COVID-19-Pandemie, fielen die Fallzahlen deutlich ab. Ein starker Anstieg ist seit 2022 zu verzeichnen. Im Jahr 2023 sind mehr als 10.000 Hepatitis-C-Infektionen gemeldet worden (s. Abb. 6.26.1).

Tab. 6.26.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.276	16 %	1.672	16 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.435	43 %	4.333	41 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.289	41 %	4.507	43 %
alle	8.000	100 %	10.512	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	8.000	100 %	10.512	100 %

Abb. 6.26.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023 und Infektionsstadium (akut, chronisch, unbekannt)
2014 bis 2023



Geografische Verteilung

Im Jahr 2023 variierte die Zahl der übermittelten Fälle pro 100.000 Einwohner (Inzidenz) in den Bundesländern zwischen 6,4 Inf./100.000 Einw. in Mecklenburg-Vorpommern und 22 in Hamburg (s. Abb. 6.26.2). Über der bundesweiten Inzidenz von 12,5 lagen neben Hamburg auch das Saarland (20), Bremen (19), Berlin (15), Nordrhein-Westfalen (15), Bayern und Rheinland-Pfalz (je 13). In allen Bundesländern gab es einen Anstieg der Inzidenz.

Bei 2.478 (24 %) der übermittelten HCV-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde am häufigsten genannt (n=1.718; 69 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsland) gefolgt von der Ukraine (n=445; 18 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsland). Kein anderes Land trug zu mehr als 1,5 % der Meldungen mit Angabe zum Infektionsland bei, in absteigender Reihenfolge waren die Russische Föderation (n=36), Georgien (n=36), Kasachstan (n=28), Polen (n=24) und Rumänien (n=22) am relevantesten.

Seit 2017 werden Angaben zum Geburtsland und zur Staatsangehörigkeit an das RKI übermittelt. Für etwa die Hälfte der übermittelten Fälle wurden Angaben zum Geburtsland (n=5.418; 52 %) bzw. zur Staatsangehörigkeit (n=5.015; 48 %) übermittelt. Von diesen war bei 42 % Deutschland als Geburtsland angegeben (n=2.263) und bei 51 % die deutsche

Staatsangehörigkeit (n=2.557). Bei mehr als einem Fünftel der Fälle mit den vorhandenen Angaben zu Geburtsland/Nationalität war als Geburtsland die Ukraine (n=1.178; 22 %) und/oder die ukrainische Staatsangehörigkeit (n=1.120; 22 %) angegeben.

Demografische Verteilung

Bei 10.474 (99,6 %) der übermittelten HCV-Infektionen wurden Angaben zum Alter und Geschlecht übermittelt. Die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung war mit 16 Inf./100.000 Einw. fast doppelt so hoch wie in der weiblichen (9,1 Inf./100.000 Einw.). Männer haben in allen Altersgruppen unter 69 Jahren eine höhere Inzidenz als Frauen (s. Abb. 6.26.3), ab dem Alter von 70 Jahren lag die Inzidenz bei Frauen geringfügig höher als bei Männern. In der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen hatten Männer eine Inzidenz von 41 Inf./100.000 Einw., mehr als doppelt so hoch als Frauen (18 Inf./100.000 Einw.). Auch in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen gab es eine erhebliche Differenz zwischen der männlichen (24 Inf./100.000 Einw.) und weiblichen Bevölkerung (11 Inf./100.000 Einw.). Die Altersverteilung der Fälle war bei männlichen und weiblichen Personen ähnlich, wobei die am stärksten betroffene Altersgruppe bei beiden Geschlechtern die 40- bis 49-Jährigen waren. Ähnlich wie in den vergangenen Jahren machten

die 30- bis 59-jährigen Männer mit 47 % ($n=4.906$; 29 Inf./100.000 Einw.) etwa die Hälfte der Gesamtzahl der übermittelten HCV-Infektionen aus. Die Inzidenzen sanken generell in den höheren Altersgruppen und der Inzidenzunterschied zwischen männlicher und weiblicher Bevölkerung nahm über die Altersgruppen ab.

Die Inzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahre) war mit 0,2 Inf./100.000 Einw. (entsprechend 29 übermittelten Infektionen) niedrig, aber höher als im Vorjahr ($n=18$). Darüber hinaus wurden $n=33$ Fälle in der Altersgruppe 15–19 Jahre übermittelt, entsprechend einer Inzidenz von 0,8 Inf./100.000 Einw.

Abb. 6.26.2:

Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 ($n=10.512$) im Vergleich mit den Vorjahren

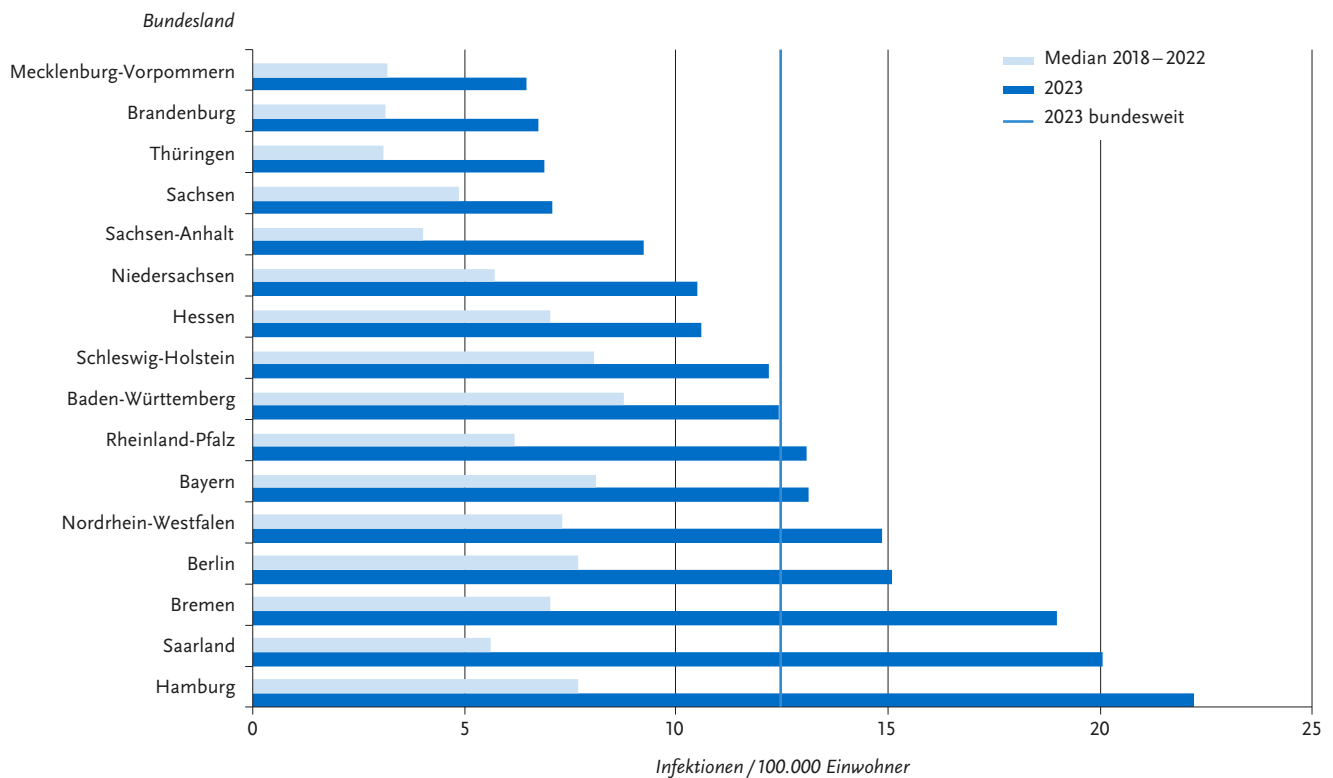
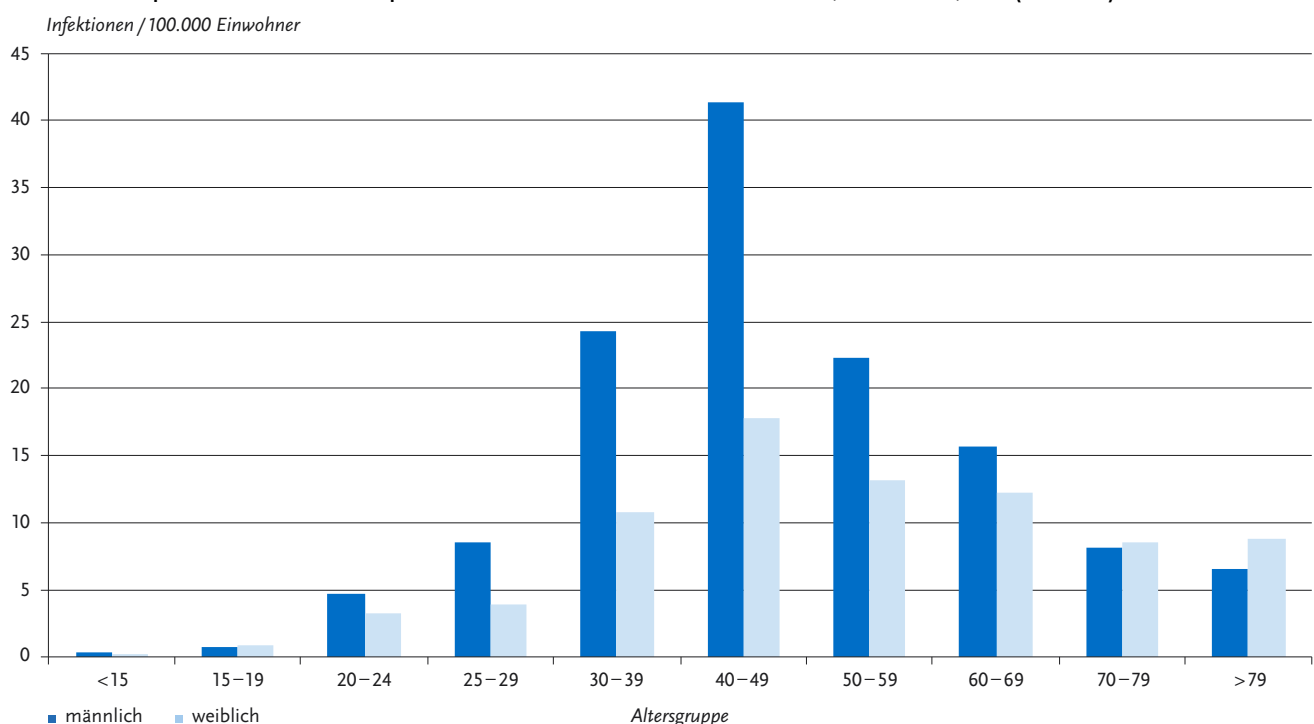


Abb. 6.26.3:

Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 ($n=10.474$)



Klinische Aspekte

Von den übermittelten Fällen im Jahr 2023 wurden bei 47 % (n=4.925) Angaben zum vermutlichen Infektionsstadium 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=864; 18 %) und 82 % als chronisch (n=4.061). Zwischen 2014 und 2023 lag der jährliche Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen zwischen 8 % und 11 % (s. Abb. 6.26.1).

Bei insgesamt 1.674 Fällen wurden Angaben zu klinischen Symptomen übermittelt. Erhöhte Serumtransaminasen wurden bei 78 % (n=1.303) der Fälle angegeben, bei 36 % (n=595) Oberbauchbeschwerden und bei 9 % (n=155) ein ikterischer Verlauf. Im Jahr 2023 war für 5 Fälle angegeben, dass sie an der Hepatitis-C-Infektion verstorben seien. Bei 32 Fällen war angegeben, dass sie aufgrund anderer Ursache verstorben seien und bei 7 Fällen war die Ursache unbekannt.

Infektionsrisiken

Für die Auswertung des wahrscheinlichsten Übertragungswegs wurden Mehrfachangaben auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert. Eine Angabe zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lag bei 1.996 übermittelten Infektionen (19 %) vor. Injizierender Drogengebrauch, der mit hoher Wahrscheinlichkeit in Zusammenhang mit der festgestellten Hepatitis C stand, wurde in mehr als der Hälfte der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg angegeben (n=1.197 Infektionen; 60 %). Von diesen lag bei 44 (2 % Fälle mit Angaben zur Übertragung) Infektionen die nähere Spezifizierung »i. v.-Drogenkonsum in Haft« vor. Nosokomiale Übertragungen wurden bei 455 HCV-Infektionen (23 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) angegeben. Diese verteilen sich auf den Erhalt von Blut und Blutprodukten (n=208; 10 %, Erhalt im Ausland oder vor 1992), operativdiagnostische Eingriffe (n=154; 8 %), medizinische Injektionen im Ausland (n=88; 4 %), Organtransplantation (n=4; 0,2 %) und Dialyse (n=1; 0,1 %). Bei 122 Fällen (6 %) war als wahrscheinlichster Übertragungsweg »Piercing oder Tattoo«, bei 74 Fällen (4 %) »Wohngemeinschaft mit Virusträger«, und bei 24 Fällen (1 %) »Berufliche Exposition« angegeben. Sexuelle Übertragung zwischen Männern wurde in 48 Fällen (2 % aller Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg und 4 % derjenigen bei Männern) als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben. »Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner« wurde bei 68 Infektionen (3 %) angegeben. Eine perinatale Übertragung bei Kindern unter 2 Jahren wurde bei 8 Infektionen (0,4 %) übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 3 epidemiologisch zusammenhängende Verknüpfungen von jeweils 2 Fällen übermittelt. In einem Fall handelte es sich um einen Privathaushalt mit wahrscheinlicher perinataler Übertragung. Bei den beiden

weiteren Verknüpfungen handelt es sich um eine wahrscheinliche heterosexuelle sexuelle Übertragung mit einem oder einer Hepatitis-C-Virus-infizierten Partner oder Partnerin mit Expositionsort in der Ukraine.

Datenqualität

Die Bestimmung der Hepatitis-C-Inzidenz (im Sinne der Anzahl von HCV-Neuinfektionen pro Zeiteinheit) ist methodisch schwierig. HCV-Infektionen verlaufen häufig unmerkelt oder werden erst viele Jahre nach der Infektion im Stadium der Spätfolgen diagnostiziert. Die übermittelten HCV-Infektionen erlauben daher keinen direkten Rückschluss auf den Infektionszeitpunkt, es sei denn, dem Gesundheitsamt liegen zusätzliche Informationen (anamnestische Informationen seitens des Arztes, labordiagnostische Konstellation wie nachgewiesene Serokonversion) vor. Angaben zum Stadium der Infektion werden erst seit dem Jahr 2012 strukturiert erhoben, und wurden in der Abb. 6.26.1 ab dem Jahr 2014 dargestellt.

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 werden nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis, der für eine aktive HCV-Infektion spricht, 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 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 Menschen mit Migrationsgeschichte zu erhalten. Die Anteile von Fällen mit Informationen zum Geburtsland (52 %) und zur Staatsangehörigkeit (48 %) ähneln denen der Vorjahre.

Fazit

Der Anstieg der übermittelten Hepatitis-C-Infektionen seit dem Jahr 2022 hat sich im Jahr 2023 weiter fortgesetzt, die Fallzahlen stiegen im Vergleich zum Vorjahr erneut um

rund 30 % an. Im Vergleich zum Durchschnitt der letzten 5 Jahre stieg die HCV-Inzidenz in allen Bundesländern, besonders in Hamburg, dem Saarland und Bremen, wo sich die Zahlen mehr als verdreifachten. In Hamburg trug ein Laborwechsel 2021 zur erneuten Meldung und Übermittlung älterer Fälle bei, die vorher nicht erfasst waren. Im Saarland wurden Altfälle im Rahmen der Umstellung auf eine neue Software nicht migriert, so dass jede Meldung eines Hepatitis-Nachweises als »Neuer Fall« interpretiert wird. In Bremen zeigen bundeslandspezifische Analysen einen der bundesweiten Beobachtung entsprechenden Anstieg bei höheren Altersgruppen und bei Fällen mit Migrationsgeschichte. In Bundesländern mit geringer Einwohnerzahl können bereits kleine Schwankungen, auch z. B. durch lokale Testprojekte, größere Auswirkungen auf die Inzidenz haben.

Der bundesweite Anstieg – insbesondere in den höheren Altersgruppen – wird vor allem auf das 2021 eingeführte HCV-Screening im Rahmen der Gesundheitsuntersuchung für Personen ab 35 Jahren sowie auf die seit 2022 verpflichtende elektronische Meldung von Labornachweisen über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) zurückgeführt. Diese Maßnahmen haben dazu geführt, dass nicht nur neue Infektionen, sondern auch länger bestehende, teilweise bereits bekannte Infektionen vermehrt erfasst und gemeldet werden. Möglicherweise führt auch die aufgrund datenschutzrechtlicher Vorgaben durchgeführte Löschung des Personenbezugs bei Fällen in den Gesundheitsämtern dazu, dass Fälle mehrfach erfasst und übermittelt werden. Einen weiteren Anteil am Anstieg der Fallzahlen in den letzten 2 Jahren hat die Fluchtmigration aus der Ukraine, wo HCV stärker verbreitet ist als in Deutschland. Von 2022 bis 2023 stieg der Anteil der HCV-Meldungen von Personen mit Bezug zur Ukraine von einem Fünftel auf fast ein Viertel der Fälle an.

Der Anteil der übermittelten akuten HCV-Infektionen hat sich im Vergleich zu den Vorjahren nicht verändert. Dies deutet darauf hin, dass die tatsächliche Inzidenz der Infektionen weitgehend konstant geblieben ist. Der starke Anstieg der Fallzahlen wird vor allem durch die vermehrte Diagnose chronischer Hepatitis-C-Fälle erklärt.

Männer sind häufiger von Hepatitis C betroffen als Frauen, was vor allem auf den Drogenkonsum zurückzuführen ist, der als häufigster Übertragungsweg für HCV gilt. In den älteren Altersgruppen nähern sich die Inzidenzen zwischen Frauen und Männern an, bzw. war die Inzidenz bei Frauen über 69 Jahren größer als bei Männern, was möglicherweise auf frühere nosokomiale Infektionen bei Frauen, insbesondere durch Bluttransfusionen vor der Einführung diagnostischer Tests, zurückzuführen ist.

Um die Elimination von Hepatitis C voranzutreiben, sollten neben dem eingeführten Screening im Rahmen der Gesundheitsuntersuchung ab 35 Jahren gezielte Test- und Behandlungsangebote für Menschen in vulnerablen

Situationen, wie Personen, die Drogen gebrauchen, Menschen in Haft, Menschen in Wohnungslosigkeit, Personen mit sexuellen Risiken und Menschen mit Migration aus Ländern mit hoher Hepatitis-C-Prävalenz, ausgeweitet und umgesetzt werden.

Literaturhinweise

- Behnke AL, Sperle I, Steffen G, et al.: *Epidemiologie der Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Virusinfektionen in Deutschland im Kontext der Migration, 2018 – 2023*; *Epid Bull* 2024;30. <https://doi.org/10.25646/12373>
- Biallas R, Steffen G, Burdi S et al.: *Anstieg der übermittelten Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Fälle in Deutschland im Jahr 2022* *Epid Bull* 2023;31. <https://doi.org/10.25646/11669>
- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2022;65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- ECDC: *Midterm review of the implementation and impact of Germany's BIS 2030 strategy for the prevention and control of HIV, hepatitis B and C, and other STIs*. Stockholm; 2024. https://www.bundesgesundheitsministerium.de/fileadmin/Dateien/5_Publikationen/Praevention/Broschueren/ECDC_midterm_review_of_German_BIS_Strategy.pdf
- ECDC: *Hepatitis C prevalence database*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/all-topics-z/hepatitis-c/tools/hepatitis-c-prevalence-database>
- 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;29(6). <https://doi.org/10.1111/jvh.13670>
- Méndez-Brito A, Mutevelli J, Steffen G, Dudareva S, Zimmermann R: *Epidemiologie von Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Virusinfektionen in Deutschland im Jahr 2023 – Eine Auswertung der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz*; *Epid Bull* 2024;29. <https://doi.org/10.25646/12295>
- Schoeps A, Bühler S, Zimmermann R, Dudareva S, Zanger P, an der Heiden M: *Mehrfacherfassungen von Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Meldungen in den Gesundheitsämtern – Identifikation und statistische Schätzung*; *Epid Bull* 2023;30. <https://doi.org/10.25646/11657>
- 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;29(6). <https://doi.org/10.1111/jvh.13680>
- WHO Regional Office for Europe: *Regional action plans for ending AIDS and the epidemics of viral hepatitis and sexually transmitted infections 2022 – 2030*. Copenhagen; 2023. <https://www.who.int/europe/publications/i/item/9789289058957>
- Zimmermann R, Krings A, Steffen G: *DRUCK 2.0 – Pilotierung eines Surveillancesystems zu durch Blut und sexuell übertragenen Infektionen bei Drogengebrauchenden*. Abschlussbericht. Berlin; 2023. <https://doi.org/10.25646/11930>

6.27 Hepatitis D



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 129
- Hepatitis D tritt nur gemeinsam mit Hepatitis B auf
- Männer waren mit 69 % stärker betroffen
- Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der 30- bis 59-Jährigen
- Seit 2015 wird ein kontinuierlicher Anstieg beobachtet

Kurzbeschreibung

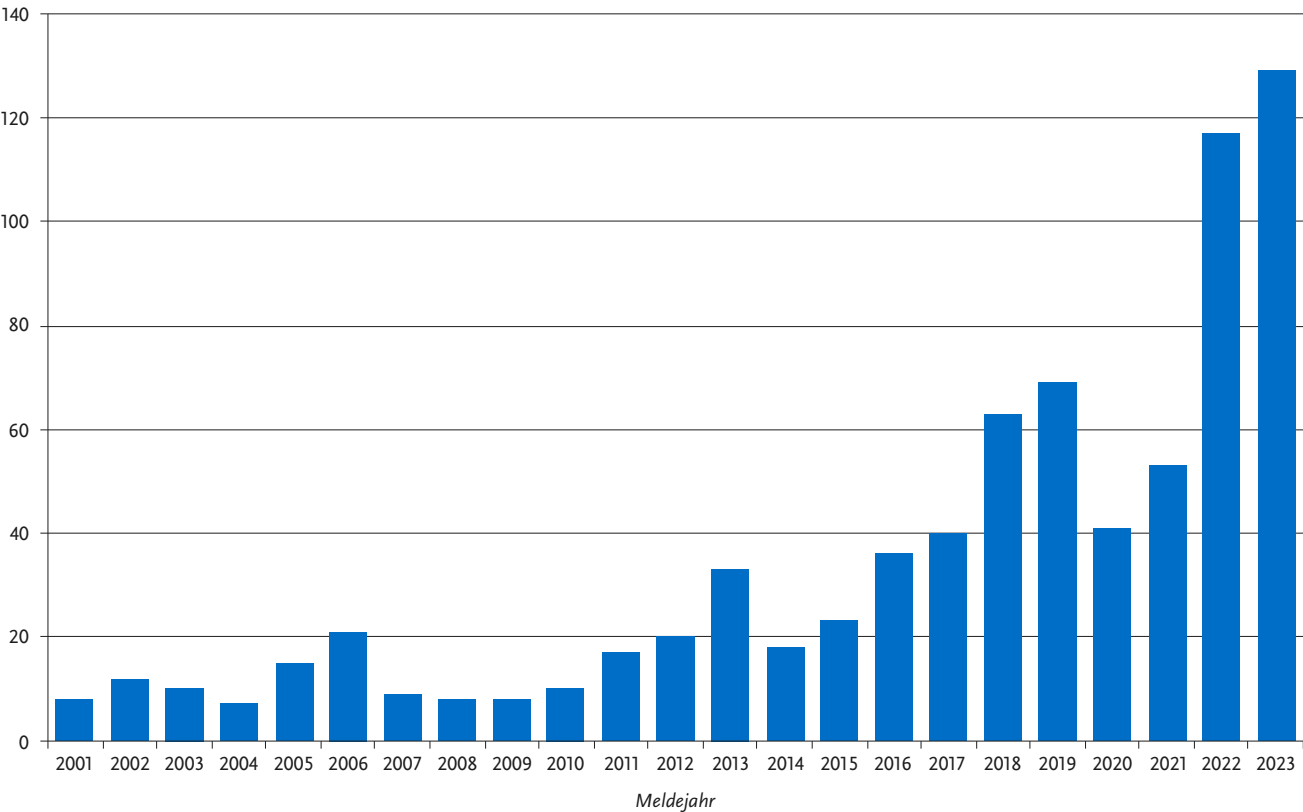
Das Hepatitis-D-Virus benötigt für die Infektion die Hülle des Hepatitis-B-Virus. Hepatitis D tritt somit stets zusammen mit Hepatitis B auf und führt im Falle einer Superin-

fektion in 70 bis 90 % der Fälle zu schweren chronischen Verläufen. Zur Behandlung von chronischen Hepatitis-D-Virus-Infektionen wurde 2020 der Eintrittsinhibitor Bulevirtide bedingt zugelassen.

Falldefinition

Die Falldefinition wurde beginnend mit dem Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Erregernachweis die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis erfüllt. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der Falldefinition im Jahr 2015 die Referenzdefinition um die Fälle der Falldefini-tionskategorien D und E erweitert (siehe Tab. 6.27.1). Im Juli 2017 trat die Änderung des IfSG in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von Hepatitis-D-Virus meldepflichtig ist, sodass alle aktiven (akuten oder

Abb. 6.27.1
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Referenzdefinition nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023
Anzahl der Infektionen



Tab. 6.27.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	24	21 %	40	31 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	52	44 %	52	40 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	41	35 %	37	29 %
alle	117	100 %	129	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	117	100 %	129	100 %

chronischen) Infektionen erfasst werden. Somit werden auch chronische Infektionen übermittelt, werden aber in der Statistik nicht in akut und chronisch unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden 129 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.27.1). Die 129 Infektionen wurden aus 15 Bundesländern übermittelt (je eine bis 42 Infektionen). Bei 38 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Als wahrscheinliches Infektionsland wurde 9-mal Deutschland genannt, jeweils 6-mal Rumänien und die Ukraine sowie 5-mal die Republik Moldau. Von den 129 Hepatitis-D-Virus-Infektionen betrafen 89 (69 %) Männer und 40 (31 %) Frauen. 83 % der Fälle (107) traten in der Altersgruppe der 30- bis 59-Jährigen auf, in dieser Altersgruppe war mit 0,2 – 0,4 Infektionen/100.000 Einwohner auch die Inzidenz am höchsten.

Nach Falldefinitionsänderung im Jahr 2015 und Änderung der Meldepflicht im Jahr 2017 ist ein Anstieg der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.27.1). Es ist nicht auszuschließen, dass es sich auch um nachgemeldete Fälle handelt, die seit längerer Zeit eine chronische Hepatitis-D-Infektion aufweisen. Dies betrifft insbesondere Fälle in den Falldefinitionskategorien D und E. Hierbei ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken. Nach dem Einbruch der Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 – mutmaßlich im Rahmen der COVID-19-Pandemie – ist in den Jahren 2022 und 2023 wieder ein Anstieg zu beobachten. Dieser hat vermutlich mehrere Ursachen und ist auch im Kontext der steigenden Fallzahlen übermittelter Hepatitis-B-Fälle zu betrachten.

Fazit

Der seit 2015 beobachtete Anstieg der Fallzahlen setzt sich im Jahr 2023 weiter fort und ist mutmaßlich multifaktoriell bedingt.

Literaturhinweise

Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2022;65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>

Nkongolo S, Hollnberger J, Urban S.: *Bulevirtide als erster spezifischer Wirkstoff gegen Hepatitis-D-Virusinfektionen – Mechanismus und klinische Wirkung*. Bundesgesundheitsblatt Gesundheitsforschung Gesundheitsschutz. 2022;65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-022-03486-2>

Steffen G, Sperle I, Leendertz SA, et al.: *The epidemiology of Hepatitis B, C and D in Germany: A scoping review*. PLoS One 2020;15(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229166>

RKI: *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zum Infektionsschutzgesetz und Meldewesen*. 2018. https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html

6.28 Hepatitis E



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 4.656
- Wieder deutliche Zunahme der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr
- Die meisten symptomatischen Infektionen wurden in Deutschland erworben
- Höchste Inzidenz bei Männern in der sechsten Lebensdekade

Kurzbeschreibung

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

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.28.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden dem RKI insgesamt 4.656 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (3.511 Erkrankungen) entspricht dies einer Zunahme um 33 %. Nach einer Stabilisierung der jährlichen Fallzahlen zwischen 2019 und 2022 nahmen diese im Jahr 2023 wieder deutlich zu und setzen den langjährigen Trend fort (s. Abb. 6.28.1). Die bundesweite Inzidenz betrug im Jahr 2023 5,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine gering ausgeprägte Saisonalität mit Maximum zwischen Frühjahr und Herbst ist erkennbar.

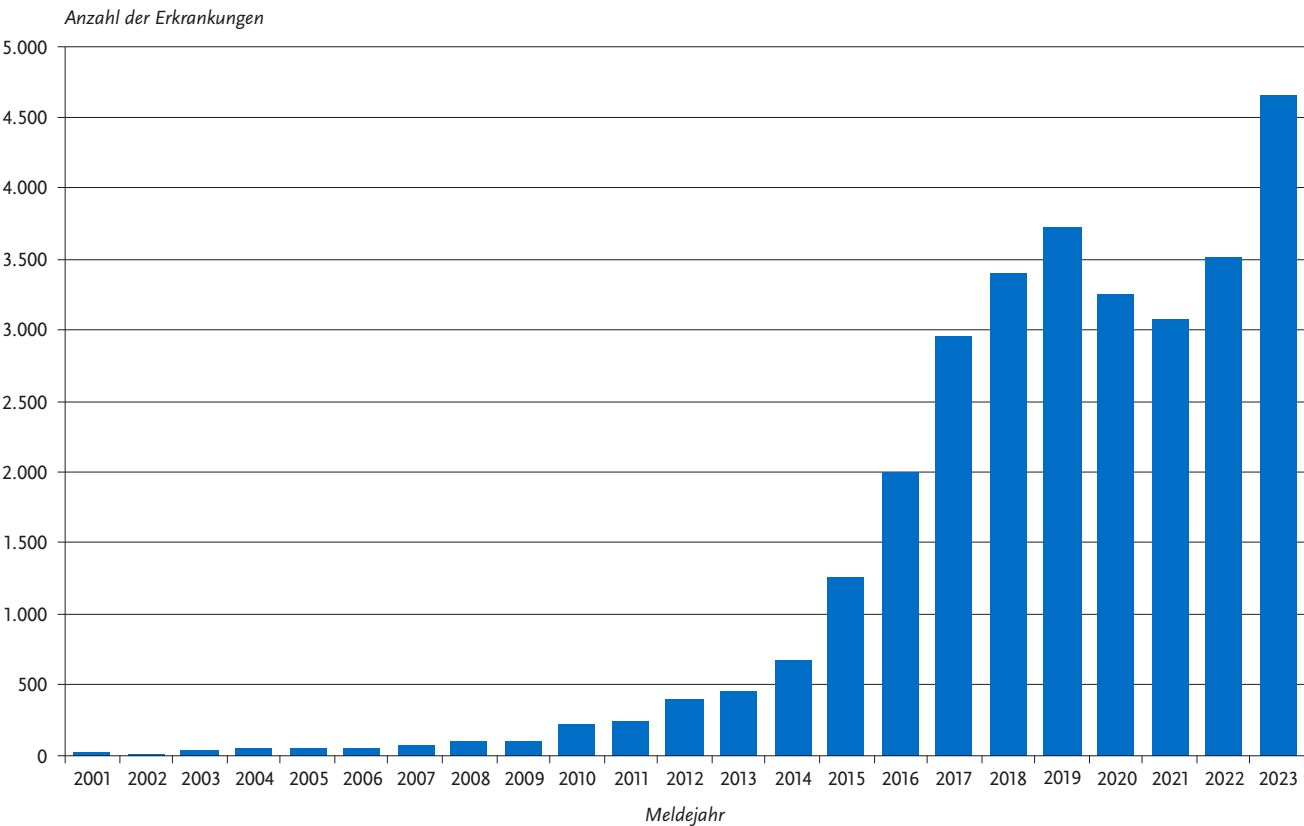
Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern (11 Erkr./100.000 Einw.), Thüringen, Sachsen (jeweils 9,3), Brandenburg, Sachsen-Anhalt, dem Saarland (jeweils 8,5), Rheinland-Pfalz (6,8), Nordrhein-Westfalen (5,9) und Schleswig-Holstein (5,6) erfasst.

Tab. 6.28.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.510	41 %	4.655	41 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2.366	27 %	3.142	28 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.755	32 %	3.521	31 %
alle	8.632	100 %	11.319	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.511	41 %	4.656	41 %

Abb. 6.28.1:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

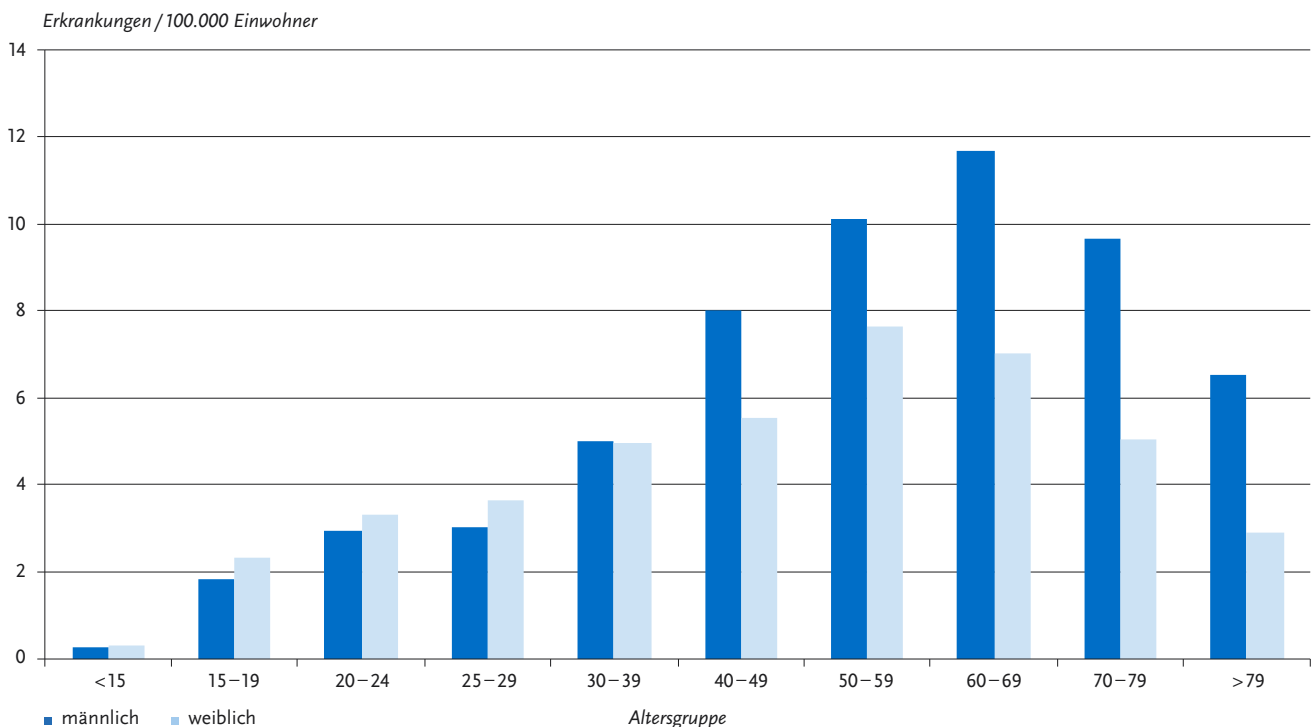


Bei 2.524 Erkrankten (54 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.28.2). Von den 2.626 Nennungen entfielen 87 % auf Deutschland. Dieser Anteil liegt wieder in etwa im Bereich, der vor der COVID-19-Pandemie registriert wurde (2019: 85 %).

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	2.275	87 %
Spanien	39	1 %
Österreich	29	1 %
Italien	23	1 %
Griechenland	22	1 %
Ägypten	21	1 %
Türkei	17	1 %
Frankreich	15	1 %
Niederlande	11	0 %
Polen	9	0 %
Andere	165	6 %
Summe	2.626	100 %

Tab. 6.28.2: Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2023 (Mehrfachnennungen möglich, 2.524 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Abb. 6.28.2:
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2023 (n=4.651)



Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 3.415 der übermittelten Erkrankungen (73 %) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen. In dieser Altersgruppe waren Männer deutlich überrepräsentiert. Mit 2.666 Erkrankungen waren Männer (57 %) auch insgesamt häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (12 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.28.2).

Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 1.159 (25 %, Anteil etwa so groß wie im Vorjahr) der Erkrankungen mit Angaben zu Symptomen angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 10 Todesfälle (Vorjahr: 14) übermittelt. Betroffen waren 6 Männer und 4 Frauen im Alter von 49 bis 87 Jahren ohne Reiseanamnese.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 4 Häufungen mit insgesamt 8 Erkrankungen übermittelt.

Datenqualität

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

Fazit

Die Hepatitis E wird in Deutschland weiterhin zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzteschaft, häufigere Diagnostik und den Einsatz sensitiverer serologischer Tests zurückzuführen ist.

Literaturhinweise

- Dudareva S, Faber M, Zimmermann R, et al.: *Epidemiologie der Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2022;65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>
- 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;14(4). <https://doi.org/10.3390/v14040742>
- Faber M, Willrich N, Schemmerer M, et al.: *Hepatitis E virus seroprevalence, seroincidence and seroreversion in the German adult population*. J Viral Hepat 2018;25(6). <https://doi.org/10.1111/jvh.12868>
- Faber M, Askar M, Stark K: *Case-control study on risk factors for acute hepatitis E in Germany, 2012 to 2014*. Euro Surveill 2018;23(19). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.19.17-00469>
- Johne R, Althof N, Nöckler K, Falkenhagen A: *Das Hepatitis-E-Virus – ein zoonotisches Virus: Verbreitung, Übertragungswege und Bedeutung für die Lebensmittelsicherheit*. Bundesgesundheitsbl 2022;65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03476-w>
- RKI: RKI-Ratgeber. 2019. www.rki.de/ratgeber

6.29 HIV-Infektion



- ▶ Fälle 2023: 3.321
- ▶ Zunahme der Neudiagnosen gegenüber dem Vorjahr
- ▶ 70 % der Neudiagnosen bei Männern
- ▶ Höchste Inzidenzen in den Altersgruppen 30 bis 39 Jahre sowohl bei Frauen als auch bei Männern
- ▶ Bei 62 % der Neudiagnosen wahrscheinlich sexuelle Übertragung, davon die Hälfte bei Männern, die Sex mit Männern haben, und die andere Hälfte bei Heterosexuellen.

Kurzbeschreibung

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

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

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

Die HIV-Meldezahlen in Deutschland wurden im Jahr 2023 weiterhin in erheblichem Umfang durch die Aufnahme von Geflüchteten aus der Ukraine beeinflusst. Die überwiegende Mehrzahl dieser Meldungen betrifft Personen, deren Infektion in der Ukraine erfolgte und dort bereits diagnostiziert worden war. Die Meldung dieser Fälle als *Erstdiagnosen in Deutschland* erfolgte im Rahmen der Weiterbehandlung

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

Fallkriterien

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

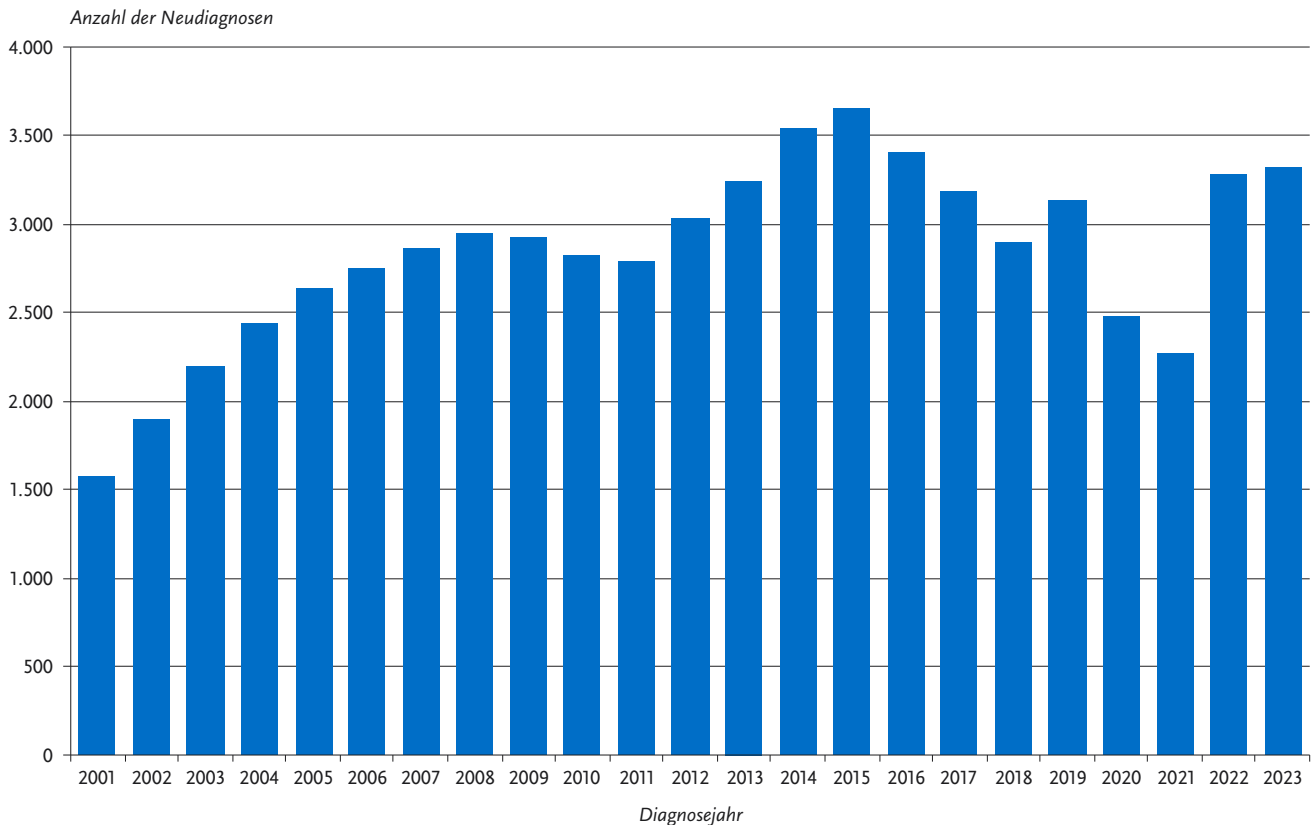
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden dem RKI 3.321 HIV-Infektionen gemeldet, die den Fallkriterien entsprachen und als in Deutschland erfolgte Neudiagnosen identifiziert werden konnten (s. Abb. 6.29.1). Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 3,9 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner. Ohne die Meldungen der aus der Ukraine stammenden Personen lag die Zahl der Neudiagnosen bei 2.799, was einer bundesweiten Inzidenz von 3,3 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Zahl der gemeldeten HIV-Neudiagnosen sank von 2015 bis 2018, stieg im Jahr 2019 erneut leicht an, um in den COVID-19-Pandemiejahren 2020 und 2021 auf den niedrigsten Stand seit 2004 zurückzugehen. Schließt man die Personen mit Herkunftsland Ukraine aus, stieg gegenüber dem Vorjahr 2022 (2.547) die Zahl der Neudiagnosen um 252 (10 %) an, gegenüber dem Vor-Pandemiejahr 2019 (3.126) fiel die Anzahl um 327 (10 %).

Geografische Verteilung

Insgesamt stiegen die Diagnosezahlen 2023 gegenüber dem Vorjahr leicht an. Dieser Anstieg betraf primär die HIV-Infektionen, bei denen der Infektionsort nicht ermittelt werden konnte (895; 2022: 798). Die Zahl der in Deutschland erworbenen Infektionen (1.105; 2022: 1.125) sowie der im Ausland erworbenen Infektionen (1.321; 2022: 1.356) ist dagegen weiter leicht gesunken.

Abb. 6.29.1:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2023



Bundesweit blieb die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen im Jahr 2023 mit 3,9 Fällen pro 100.000 Einwohner unverändert gegenüber 2022 (3,9 Fälle pro 100.000 Einwohner). Die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen fanden sich in den Stadtstaaten Hamburg, Bremen und Berlin (12; 8,9 und 7,3 Fälle/100.000 Einw.) (s. Abb. 6.29.2 und Abb. 6.29.3).

Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der fünf Vorjahre lag die Inzidenz in Hamburg, Bremen, Bayern, Sachsen-Anhalt, Sachsen, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Mecklenburg-Vorpommern, Schleswig-Holstein, Brandenburg und Thüringen höher, in allen anderen Bundesländern war sie niedriger.

Verteilung nach Herkunfts- und Infektionsland

Von den 3.321 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2023 lagen für 3.032 Meldungen (91 %) Angaben zum Herkunftsland vor. Bei 289 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2023 konnte die Herkunft nicht ermittelt werden. Die Anzahl der Neudiagnosen mit ausreichenden Angaben zum Herkunftsland bezogen sich 2023 zu 38 % auf Neudiagnosen bei Personen deutscher Herkunft, zu 22 % auf Neudiagnosen bei Personen mit Herkunft aus Osteuropa/Zentralasien, zu 14 % auf Neudiagnosen bei Personen aus Subsahara-Afrika, zu 11 % bei Personen aus West- und Zentraleuropa, zu 5 % bei Personen aus Lateinamerika und zu jeweils 4 % aus Nordafrika und dem Nahen Osten sowie Süd-/Südost- und Ostasien. Die Zahl der HIV-Neudiagnosen stieg im Jahr 2023 gegenüber dem Vorjahr für die meisten Herkunftsregionen mit Ausnahme Osteuropas/Zentralasiens an.

Abb. 6.29.3:
Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitzahlenbereich (geglättet) inklusive Personen mit Herkunft Ukraine, Deutschland, 2023 (n = 3.321)

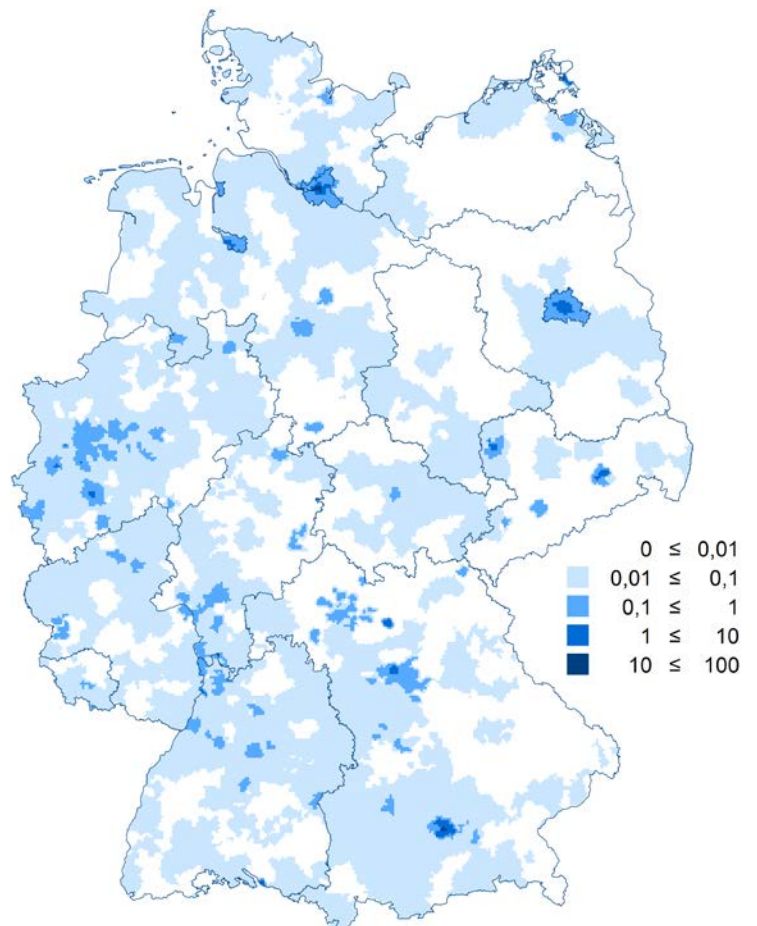
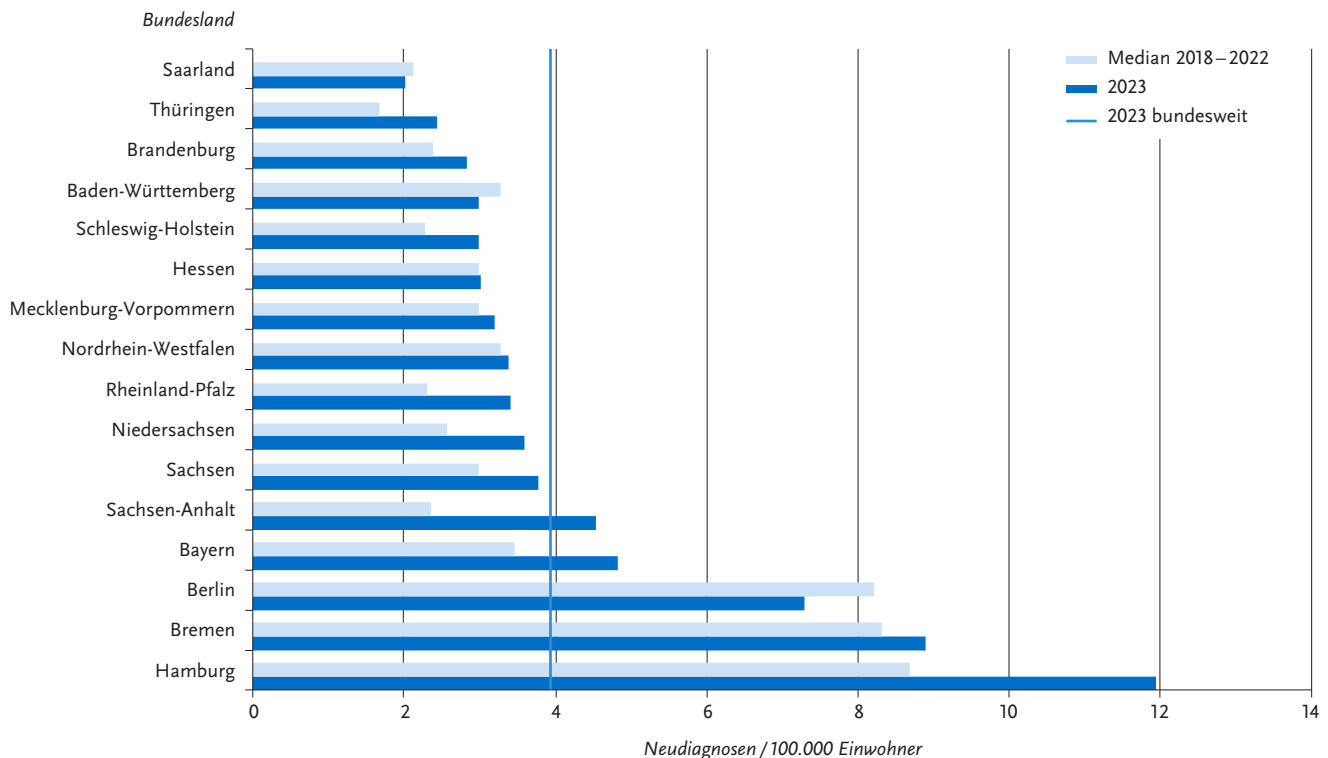


Abb. 6.29.2:

Gemeldete HIV-Neudiagnosen inklusive Personen mit Herkunft Ukraine pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 3.321) im Vergleich mit den Vorjahren



Herkunfts- und Infektionsregionen nach wahrscheinlichem Transmissionsweg

Zwischen den verschiedenen Transmissionswegen gibt es zum Teil erhebliche Unterschiede bezüglich der Herkunft und hinsichtlich des Anteils der im Ausland erworbenen Infektionen. Innerhalb der Gruppe der Männer, die Sex mit Männern haben (MSM), wurde für die Mehrheit Deutschland als Infektionsland angegeben (58 %; n=606). Im Unterschied dazu war bei Menschen, die Drogen injizieren (People who inject drugs; PWID) der Anteil mit Infektion in Deutschland 29 % (n=79) und bei Menschen mit heterosexuellem Transmissionsrisiko (HET) 12 % (n=125). Im Jahr 2023 lagen zu 2.385 HIV-Neudiagnosen die Angaben zum Transmissionsweg vor, Angaben zum Herkunftsland fehlten bei 6 % (n=289) und Angaben zum Infektionsland bei 17 % (n=926).

Entwicklung der HIV-Neudiagnosen nach Transmissionsweg

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 3.321 gesicherte HIV-Neudiagnosen als direkter und indirekter Erstdnachweis gemeldet (im Vergleich zu 3.279 Erstmeldungen für das Jahr 2022). Ohne die Meldungen von Menschen aus der Ukraine lag die Zahl der Erstmeldungen im Jahr 2022 bei 2.547 und im Jahr 2023 bei 2.808, eine Zunahme um 10 % gegenüber 2022. Von den 2.547 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2022 entfielen 1.020 auf MSM. Im Jahr 2023 ging die Anzahl der HIV-Neudiagnosen bei MSM auf 1.010 zurück, ein

Rückgang um 10 Neudiagnosen (–2 %). Das bedeutet, dass sich die Anzahl der HIV-Neudiagnosen bei MSM kaum verändert hat.

Bei 547 HIV-Neudiagnosen wurde 2022 als Übertragungsweg HET angegeben. Von diesen entfielen 68 % auf Frauen (n=376) und 31 % auf Männer (n=166). Bei einer HIV-Neudiagnose mit Übertragungsweg HET wurde als Geschlecht divers angegeben. Im Jahr 2023 stieg die Anzahl der HIV-Neudiagnosen bei HET um 131 auf 678 (+24 %), davon 479 (71 %) Frauen und 195 (29 %) Männer.

Bei PIWD blieb die Anzahl der HIV-Neudiagnosen mit 166 im Jahr 2022 und 165 im Jahr 2023 quasi unverändert. Die Anzahl der gemeldeten prä-/perinatale Infektionen (PPI) für Personen im Alter bis 18 Jahre belief sich auf 15 Meldungen im Jahr 2022 und 18 Meldungen im Jahr 2023. Für 31 % der HIV-Neudiagnosen im Jahr 2022 (n=796) lagen keine Angaben zum Übertragungsweg vor, dieser Anteil stieg auf 33 % im Jahr 2023 (n=932).

Demografische Verteilung

Die Inzidenz der HIV-Neudiagnosen lag wie in den Vorjahren bei der männlichen Bevölkerung mit 5,6 Fällen/100.000 Einw. höher als bei Frauen (2,3). Der Anteil der Frauen unter den HIV-Neudiagnosen (30 %) blieb gegenüber dem Vorjahr annähernd gleich. Bei Männern und Frauen wies die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen auf (12,7 Neudiagnosen pro 100.000 Männer, 6,4 Neudiagnosen pro 100.000 Frauen).

In der Altersgruppe 25 bis 29 Jahre lag die Inzidenz bei Männern bei 12,5, bei Frauen bei 4,6. In der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen lag die Inzidenz bei den Männern bei 10 und bei den Frauen bei 5,3. Bei den 20- bis 24-Jährigen war die Inzidenz 6,4 bei den Männern und 3,2 bei den Frauen (s. Abb. 6.29.4).

Die Inzidenz bei MSM ist im Jahr 2023 im Vergleich zum Vorjahr in den Altersgruppen 30 bis 59 Jahre leicht zurückgegangen. In allen anderen Altersgruppen ist sie leicht gestiegen oder gleichgeblieben. Die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen bei Heterosexuellen und bei intravenös Drogen konsumierenden Personen ist im Vergleich zum Vorjahr in allen Altersgruppen ähnlich. Der Inzidenzrückgang lag bei intravenös Drogen konsumierenden Personen bei 7 % und bei Heterosexuellen bei 3 %.

Nachgewiesene Erreger

Im Jahr 2023 wurden fünf Infektionen mit HIV-2 (0,2 %) diagnostiziert sowie zwei Doppelinfektionen mit HIV-1 und HIV-2.

Infektionsrisiken und -region

Die Betrachtung der Trends für die verschiedenen nicht deutschen Herkunftsregionen zeigt ab 2015 bis 2021 einen Rückgang von HIV-Neudiagnosen bei Menschen aus Subsahara-Afrika, weitgehend gleichbleibende Diagnosezahlen bei Menschen aus Nordamerika, Lateinamerika und Asien sowie leicht rückläufige Diagnosezahlen mit ausgeprägteren Schwankungen bei Menschen aus anderen europäischen Ländern. In den Jahren 2020 und 2021 ging die Anzahl der Neudiagnosen für alle Herkunftsregionen zurück. In den

Jahren 2022 und 2023 kam es zu einem deutlichen Anstieg für alle Herkunftsregionen, insbesondere für die Herkunft aus Osteuropa. Dies ist auf die Aufnahme von Geflüchteten aus der Ukraine zurückzuführen.

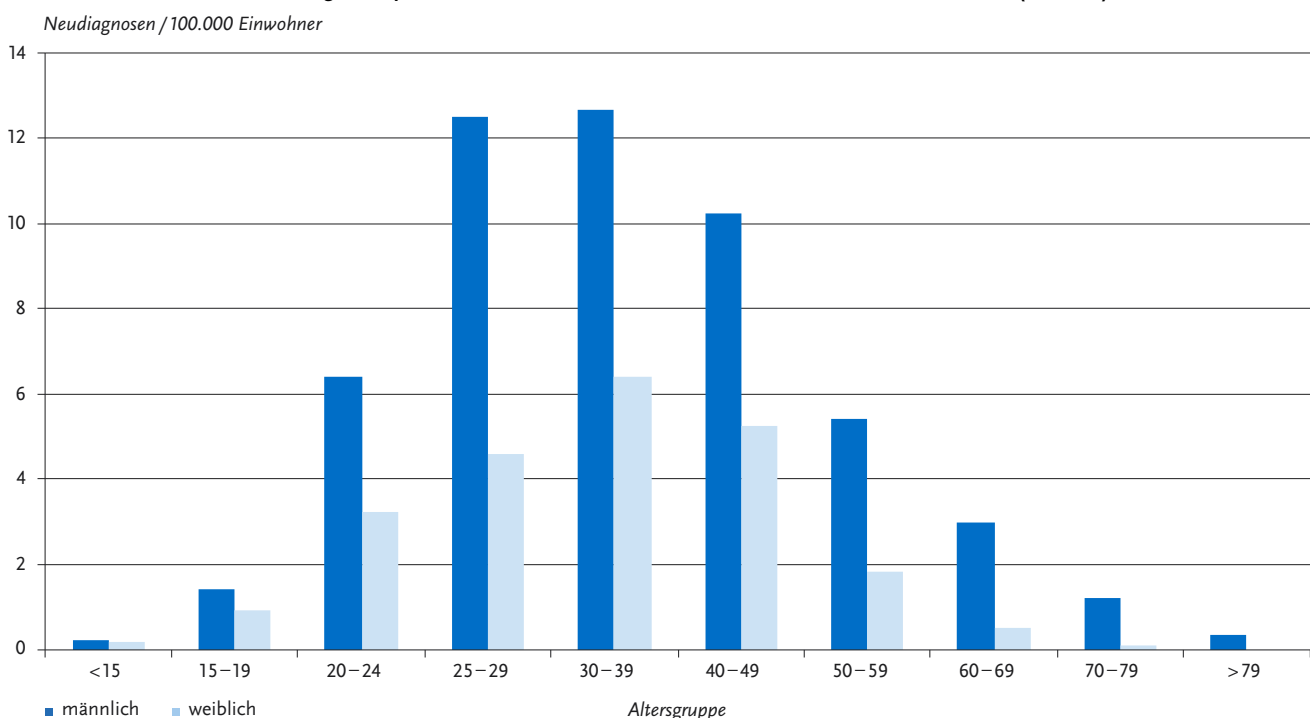
Mutter-Kind-Transmissionen

Im Jahr 2023 wurden 39 sicher oder wahrscheinlich von Mutter zu Kind übertragene (prä-/perinatale Infektionen) HIV-Infektionen bei Kindern bis zum Alter von 14 Jahren diagnostiziert. Zwei dieser diagnostizierten Kinder wurden in Deutschland geboren, die übrigen Kinder im Ausland. Bei mindestens sechs der im Ausland geborenen Kinder war die Infektion bis zur Erstdiagnostik in Deutschland noch nicht bekannt, von denen vier in der Ukraine geboren wurden. Die Diagnosen der beiden in Deutschland geborenen Kinder wurden im Alter von einem und fünf Jahren jeweils nach der HIV-Diagnose eines Elternteils gestellt.

Datenqualität

Im Jahr 2017 wurde für die Erfassung der HIV-Meldungen ein Algorithmus implementiert, mit dem Meldungen, die sich wahrscheinlich auf den gleichen Fall beziehen, automatisch erkannt und einander zugeordnet werden. Die Berechnungen schließen auch länger zurückliegende Meldungen ein. Dadurch kann die Zahl der HIV-Neudiagnosen für vorhergehende Jahre von der in früheren Berichten abweichen. Neben den dargestellten gesicherten HIV-Neudiagnosen werden dem RKI weitere HIV-Diagnosen gemeldet, bei denen nicht bekannt ist, ob es sich um Neudiagnosen handelt. Diese Meldungen finden keinen Eingang in die Auswertung. Unter den Meldungen, die weder explizit als Neudiagnose noch als

Abb. 6.29.4: Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 3.229)



Mehrfachmeldung gekennzeichnet sind, muss noch ein unbekannter Anteil von Neudiagnosen vermutet werden. Deshalb stellt die Angabe von 3.321 HIV-Neudiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen HIV-Neudiagnosen dar.

Fazit

Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Neudiagnosen ging in den Jahren 2020 und 2021 deutlich zurück. Wahrscheinlich hat die COVID-19-Pandemie wesentlich zu diesen Entwicklungen beigetragen. In den Jahren 2022 und 2023 stieg insbesondere die Zahl der im Ausland erworbenen HIV-Neudiagnosen wieder an und erreichte erneut das Vorpandemieniveau. Ein vorübergehender Rückgang der Mobilität sowohl zwischen verschiedenen Ländern als auch innerhalb Deutschlands in den Jahren 2020 und 2021 dürfte vor allem zu dem Rückgang von im Ausland erworbenen Infektionen geführt haben. Ab 2022 hat sich sowohl die Reisetätigkeit als auch die Zuwanderung nach Deutschland wieder dem Vorpandemieniveau angeglichen. Als zusätzliche Herausforderung hat Deutschland nach dem Angriffskrieg Russlands auf die Ukraine im Februar 2022 eine große Anzahl Geflüchteter, überwiegend Frauen, aus der Ukraine aufgenommen. Die meisten Infektionen, die bei Menschen ukrainischer Herkunft 2022 und 2023 in Deutschland gemeldet wurden, waren bereits in der Ukraine diagnostiziert und dort auch bereits therapiert worden.

Die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei MSM in Deutschland ist seit dem Jahr 2014 mit einem Höchstwert von damals knapp 2.000 HIV-Neudiagnosen nahezu kontinuierlich auf zuletzt 1.037 Neudiagnosen gesunken. Das Ausmaß des Rückgangs unterscheidet sich u. a. nach Bundesland, Stadtgröße und Altersgruppe. Dazu scheinen neben der früheren Diagnose und der früher einsetzenden wirksamen Behandlung von Menschen mit HIV-Diagnose sowohl Verhaltensänderungen im Kontext der COVID-19-Pandemie als auch die zunehmende Verwendung der HIV-PrEP beigetragen zu haben. Ein Zusammenhang mit der Nutzung einer HIV-PrEP ist wahrscheinlich, lässt sich aber angesichts weiterer Einflussfaktoren nicht genauer quantifizieren.

Die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei Personen mit heterosexuellem Risiko einer HIV-Infektion ist bundesweit von 2015 bis 2021 um 54 % zurückgegangen, im Jahr 2022 dann aber durch die Meldungen der aus der Ukraine Geflüchteten auf den höchsten bisher berichteten Wert angestiegen. Des Weiteren liegt der Anstieg auch bei den Lockerungen der Kontaktbeschränkungen im Zuge der COVID-19-Pandemie. Auf Grund des hohen Anteils von Personen nicht deutscher Herkunft unter den Personen mit HET muss die Entwicklung der Zahl der HIV-Neudiagnosen in dieser Transmissionsgruppe immer auch im Kontext von politischer Lage und Entscheidung und möglicher Migrationsbewegungen gesehen werden. Aufgrund des hohen Anteils der HET-Fälle nicht deutscher Herkunft gilt für HIV-Neuinfektionen bei Menschen mit heterosexueller Übertragung noch stärker als für MSM, dass ein Rückgang der Neuinfektionen

nur dann erreicht werden kann, wenn durch HIV-Test- und Präventionsangebote wie z. B. die HIV-PrEP auch und vor allem Menschen mit nicht deutscher Herkunft besser erreicht werden.

Die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei PWID schwankt immer etwas von Jahr zu Jahr, blieb aber in den letzten Jahren insgesamt auf einem relativ stabilen Niveau. In den letzten Jahren werden immer wieder transiente lokale Anstiege von HIV-Neudiagnosen bei PWID beobachtet. Die Sicherstellung einer ausreichenden Versorgung von PWID mit sterilen Injektionsutensilien und Opioidsubstitution, der Ausbau regelmäßiger niedrigschwelliger Testangebote in Drogenhilfeeinrichtungen durch aufsuchende Arbeit und auch in Haft sowie die antiretrovirale Therapie sind die empfohlenen Maßnahmen zur Verhinderung von HIV-Neuinfektionen bzw. zur frühen Diagnose und Prävention von Übertragungen in dieser Personengruppe. Diese Maßnahmen haben darüber hinaus einen erheblichen Effekt auf den Rückgang von Hepatitis-B- und -C-Infektionen.

Literaturhinweise

- an der Heiden M, Marcus U, Kollan C, et al.: *Estimate of the number of new HIV infections in 2022 and 2023 and the total number of people living with HIV in Germany at the end of 2024*. *Epid Bull* 2024;28. <https://doi.org/10.25646/12212>
- Deutsche AIDS Gesellschaft e.V.: *Deutsch-Österreichische Leitlinien zur HIV-Präexpositionsprophylaxe*; 2022. <https://daigned.de/leitlinien-und-empfehlungen/hiv-leitlinien>
- Koppe U, Hanke K, Fiebig U, et al.: *HIV-Studien und HIV-Projekte am Robert Koch-Institut*. *Epid Bull* 2019;49. <https://doi.org/10.25646/6423.2>
- 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;31. <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;170(5). <https://doi.org/10.1007/s00112-020-00865-4>
- Marcus U: *HIV infections and HIV testing during pregnancy, Germany, 1993 to 2016*. *Euro Surveill* 2019;24(48). <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;24(48). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.48.1900696>
- 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;22(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-022-07168-x>
- Rabenau HF, Bannert N, Berger A, et al.: *Nachweis einer Infektion mit Humanem Immundefizienzvirus (HIV): Serologisches Screening mit nachfolgender Bestätigungsdagnostik durch Antikörper-basierte Testsysteme und/oder durch HIV-Nukleinsäure-Nachweis*. *Bundesgesundheitsbl* 2015;58(8). <https://doi.org/10.1007/s00103-015-2174-x>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2022. www.rki.de/ratgeber
- Schmidt D, Kollan C, Schewe K, et al.: *Evaluation der Einführung der HIV-Präexpositionsprophylaxe als Leistung der gesetzlichen Krankenversicherung (EvE-PrEP)*. *Bundesgesundheitsbl* 2023;66(9). <https://doi.org/10.1007/s00103-023-03733-0>

6.30 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 73
- Gleiche Fallzahl wie im Vorjahr
- Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- Ägypten meistgenanntes ausländisches Infektionsland

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. 6.59) 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-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen). Ausgeschlossen werden die Erkrankungen, bei denen lediglich das unspezifische klinische Bild erfüllt ist. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.30.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 73 HUS-Erkrankungen übermittelt. Dies sind gleich viele wie im Vorjahr und liegt geringfügig über dem Median der Jahre 2018 bis 2022 ($n=67$). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen ($n=33$; 45 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.30.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,09 (2022: 0,09) Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchsten Inzidenzen wurden in Bayern (16 Fälle; 0,1 Erkr./100.000 Einw.), Brandenburg (3 Fälle; 0,1) und Niedersachsen (9 Fälle; 0,1) verzeichnet. Aus fünf Bundesländern (Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Saarland, Sachsen-Anhalt, Thüringen) wurden keine Fälle übermittelt. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen bereits einzelne Fälle vergleichsweise stark auf die berechnete Inzidenz auswirken.

Für 62 Fälle (85 %; 2022: 50 Fälle, 68 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 50-mal genannt (76 % der Nennungen; 2022: 84 %). Neunmal wurde Ägypten genannt, dreimal die Türkei, je einmal Dänemark, Griechenland, Kroatien und die Niederlande.

Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 1,1 Erkr./100.000 Einw. deutlich höher als in den anderen Altersgruppen; 42 (58 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Zusätzlich wurden 18 HUS-Erkrankungen (25 %) bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 13 HUS-Erkrankungen (18 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. In allen Altersgruppen (mit Ausnahme der 3-Jährigen) waren überwiegend weibliche Personen betroffen. Insgesamt waren 49 Fälle (67 %) weiblich und 24 (33 %) männlich. Alle 8 Erkrankten ab dem Alter von 50 Jahren waren weiblich (s. Abb. 6.30.2).

Klinische Aspekte

Es wurden 6 (2022: 2) HUS-bedingte Todesfälle übermittelt. Es handelte sich um ein einjähriges Kind, 2 Kinder im Alter von 5 bis 9 Jahren und 3 Erwachsene im Alter von 60 bis 89 Jahren. Bei 5 der 6 Fälle wurde EHEC nachgewiesen. Die Serogruppe war bei 3 Fällen angegeben, und zwar je einmal O26, O120 und O157.

Nachgewiesene Erreger

Bei 64 Erkrankungen (88 %; 2022: 85 %) lag ein labordiagnostischer Nachweis einer EHEC-Infektion vor. Bei 32 Erkrankungen (44 %; 2022: 44 %) wurden spezifische Angaben

Tab. 6.30.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	11	15 %	7	10 %
klinisch-epidemiologisch (B)	1	1 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	62	84 %	66	90 %
alle	74	100 %	73	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	73*	99 %	73	100 %

* Ein Fall der Kategorie A erfüllte 2022 nur das unspezifische klinische Bild und damit nicht die Referenzdefinition.

Abb. 6.30.1:
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023

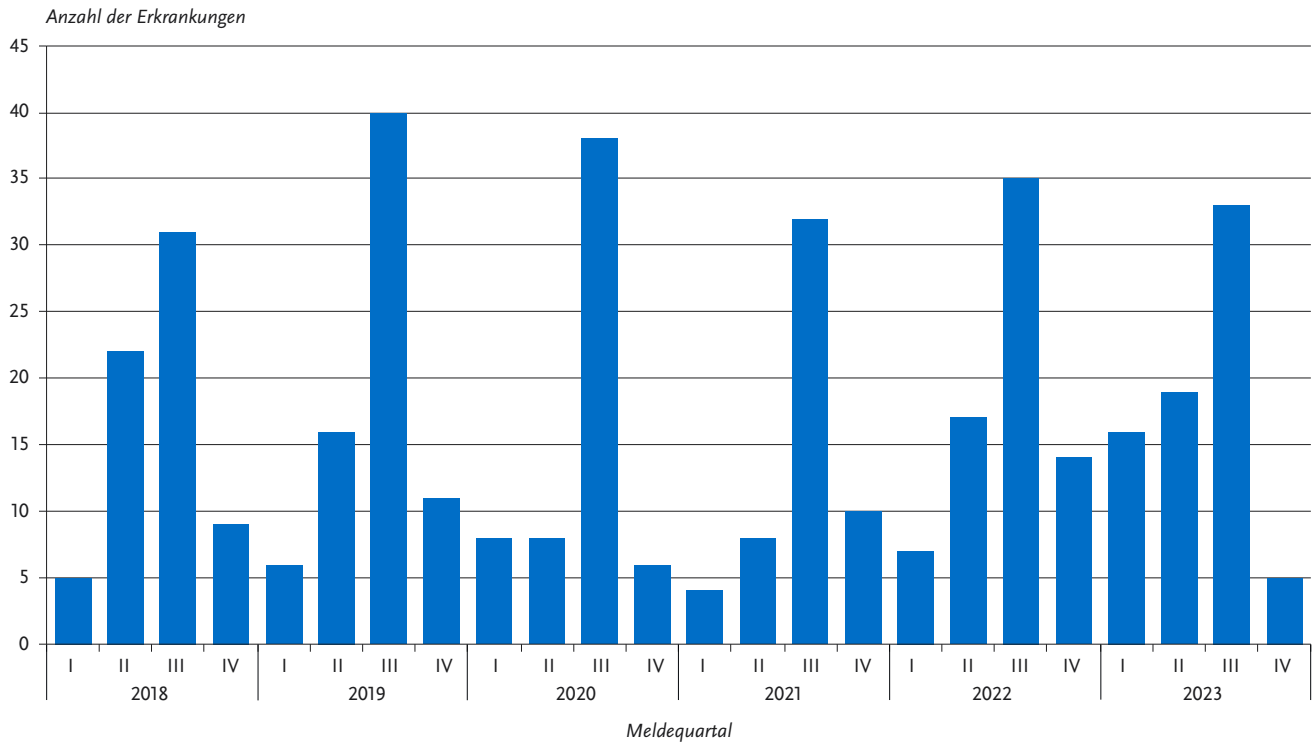
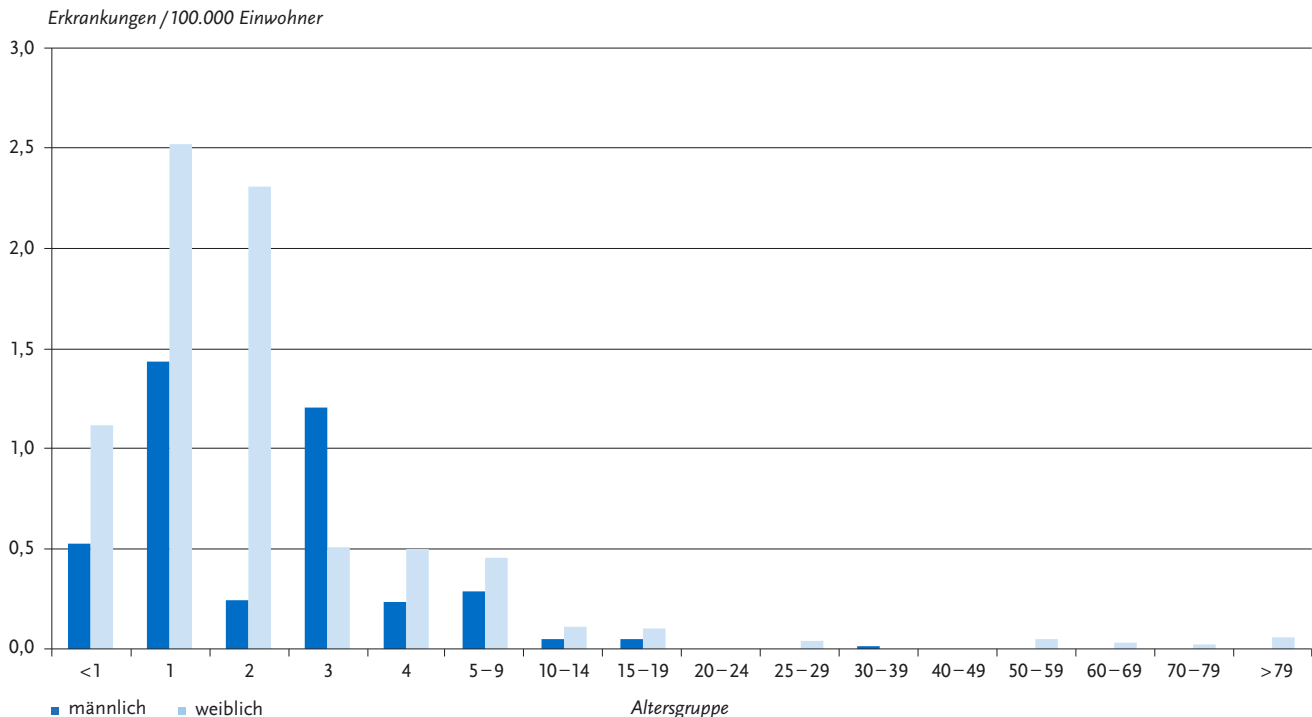


Abb. 6.30.2: Übermittelte HUS-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=73)



zur Serogruppe übermittelt. Die mit Abstand am häufigsten genannten Serogruppen waren O157 mit 18 Fällen (2022: 10) und O26 mit 9 Fällen (2022: 11 Fälle). Zweimal genannt wurde »Ont« (O-Antigen nicht typisierbar), je einmal O63, O76 und O120.

Ausbrüche

Durch EHEC bedingte Ausbrüche werden hier berichtet, wenn mindestens eine erkrankte Person HUS entwickelt hat, andernfalls im Kapitel EHEC-Gastroenteritis (Kap. 6.16). Im Jahr 2023 wurden 3 Ausbrüche übermittelt, die jeweils

einen HUS-Fall und einen Fall von EHEC-Gastroenteritis umfassten. Als Ausbruchsumfeld wurde einmal »Tiergarten, Zoo, Tierpark« und zweimal »andere/sonstige« übermittelt. Im Jahr 2022 waren es 4 Ausbrüche mit insgesamt 12 HUS-Fällen und 19 Fällen von EHEC-Gastroenteritis.

Datenqualität

Die Häufigkeit des Nachweises von EHEC oder anderen HUS-assoziierten Erregern in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Untersuchungen abhängig. Die kulturelle Isolierung von EHEC ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt die Diagnostik überwiegend durch Nachweis der Shigatoxin-Gene *stx1* und *stx2* mittels PCR. Dabei wird kein Isolat zur Bestimmung der Serogruppe gewonnen, was jedoch für die epidemiologische Beurteilung wünschenswert wäre.

Seit Mai 2008 führt das Robert Koch-Institut, unterstützt durch die Gesellschaft für Pädiatrische Nephrologie, zusätzlich eine aktive Surveillance von pädiatrischen HUS-Erkrankungen unter den pädiatrisch-nephrologischen Zentren (PNZ) in Deutschland durch. Dies trägt möglicherweise zu einer vollständigeren Erfassung von pädiatrischen HUS-Erkrankungen bei. Es finden sich jedoch nicht für alle von den PNZ berichteten HUS-Fällen entsprechende Übermittlungen im Meldesystem.

Fazit

Im Jahr 2023 wurden mit 73 HUS-Erkrankungen gleich viele Fälle wie im Jahr 2022 übermittelt. Die Zahl der Fälle mit Angabe eines Infektionslandes ist auf 85 % (2022: 68 %) gestiegen. Dabei wurde bei 16 Fällen, doppelt so oft wie 2022 (bei 8 Fällen), ein ausländisches Infektionsland genannt. Meistgenannte Infektionsländer waren Deutschland (50-mal) und Ägypten (9-mal).

Der Anteil der Fälle mit Angabe eines labordiagnostischen Nachweises einer EHEC-Infektion ist von 85 % im Jahr 2022 leicht auf 88 % gestiegen. Der Anteil der Fälle mit Angabe der Serogruppe betrug wie im Vorjahr 44 %. In Einzelfällen wurden Serogruppen nur im Freitext angegeben, was im Rahmen dieser Auswertung nicht berücksichtigt werden konnte. Das Fehlen von Serogruppen-Angaben wirkt sich erschwerend auf die Ausbruchserkennung aus.

Literaturhinweise

AMWF S2k-Leitlinie: *Hämolytisch-urämisches Syndrom im Kindesalter*. Stand 2022. <https://register.awmf.org/de/leitlinien/detail/166-002>

Pörtner K, Fruth A, Flieger A, et al.: *Überarbeitung der RKI Empfehlungen für die Wiederezulassung zu Gemeinschaftseinrichtungen gemäß § 34 IfSG nach EHEC-Infektion*. *Epid Bull* 2019;47. <https://doi.org/10.25646/6414>

RKI: *RKI-Ratgeber EHEC*. 2019. www.rki.de/ratgeber

6.31 Influenza



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 77.268
- ▶ Im Jahr 2023 gab es nach dem Abklingen einer frühen Winterwelle bis zur ersten Meldewoche (MW) eine zweite niedrige Grippewelle, die zwischen MW 9 und 14 auftrat (Saison 2022/23). Ab der MW 48 stieg die Influenza-Aktivität erneut an und setzte sich als Grippewelle mit Start in MW 50 bis ins Jahr 2024 fort (Saison 2023/24).
- ▶ Dominantes Virus: Influenza-A(H3N2)-dominierende Grippewelle bis 1. KW 2023, Influenza-B-dominierende Grippewelle zwischen 9. und 14. KW 2023 und Influenza-A(H1N1)pdm09-dominierende Grippewelle ab 50. KW 2023
- ▶ Höchste Inzidenz bei 0- bis 4-Jährigen
- ▶ Impfpräventabel (Impfempfehlung für bestimmte Personengruppen)
- ▶ 780 Ausbrüche mit 2.410 Fällen

Saisonale Influenza

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 2023 wurden von den Gesundheitsämtern 77.268 Influenza-Fälle übermittelt, welche der Referenzdefinition entsprachen (s. Tab. 6.31.1). Für Auswertungen bzw. Vergleiche ist zu beachten, dass seit dem 01.01.2019 eine neue Fall- und Referenzdefinition für Influenza gilt. Zum einen wurde die Referenzdefinition auf die Falldefinitions-kategorien D und E (und damit auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle) erweitert (zuvor ausschließlich B und C), zum anderen wurden die klinischen Kriterien akuter Krankheitsbeginn, Fieber, Muskel-, Glieder-, Rücken- oder Kopfschmerz-

Tab. 6.31.1:
Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	10.457	4 %	1.738	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	175.925	65 %	48.896	63 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	12.340	5 %	4.065	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	72.094	27 %	22.569	29 %
alle	270.816	100 %	77.268	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	270.816	100 %	77.268	100 %

zen und Husten zu einem Kriterium »grippetypische Symptome« zusammengefasst. Die nachfolgende Auswertung für das Jahr 2023 bezieht sich auf humane saisonale Fälle.

Zeitlicher Verlauf

Für die Beschreibung des zeitlichen Verlaufs der Influenza wird die Influenzasaison von einer Influenzawelle unterschieden. Die Influenzasaison 2022/23 begann mit der 40. Meldewoche (MW) 2022 und endete mit der 39. MW 2023. Die Saison 2023/24 begann mit der 40. MW 2023. In das Jahr 2023 fallen das Ende einer außergewöhnlich frühen und starken Grippewelle, eine zweite niedrige Welle im Frühjahr sowie der Beginn einer Winterwelle am Jahresende (Abb. 6.31.1).

Nach einem Höhepunkt der Fallzahlen in der 1. MW folgte bis zur 3. MW ein rascher Rückgang der Fallzahlen. Ein erneuter Anstieg der Fallzahlen war zwischen der 6. und 12. MW zu verzeichnen. Der Höhepunkt wurde in MW 12 erreicht. Ab der 48. MW (Saison 2023/24) kam es erneut zu einem Anstieg der Fallzahlen, mit Höhepunkt in MW 51. Die Influenzawelle setzte sich bis ins Folgejahr fort. Nähere Informationen sind im ARE-Wochenbericht nachzulesen. (Abb. 6.31.1).

Im Jahr 2022 lag das Minimum der pro Woche übermittelten Fälle bei 171 (MW 31), das Maximum bei 60.020 (MW 50); im Vergleich dazu lag im Jahr 2023 das Minimum der pro Woche übermittelten Fälle bei 40 (MW 31), das Maximum bei 14.399 (MW 1). Damit fällt die MW mit der höchsten Anzahl an übermittelten Fällen in die ausklingende Influenza-A-dominierte Winterwelle der Saison 2022/23. Die MW mit der niedrigsten Anzahl übermittelter Fälle liegt erwartbar im Sommer. Im Jahresverlauf 2023 wurden in den MW 1 bis 22 zwischen 156 und 14.399 Fälle übermittelt, im Anschluss bis MW 39 unter 150 Fälle pro Woche (mindestens 40). Mit Start der neuen Saison 2023/24 ab MW 40 stiegen der Fallzahlen erneut an bis zu einem Maximum in MW 51 (5.431).

Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Fälle für das Jahr 2023 betrug 92 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und lag damit deutlich niedriger als im Vorjahr 2022 (234 Infektionen pro 100.000 Einwohner). Laut virologischer ARE-Sentinelveillance wurde die ARE-Aktivität zu

Beginn des Jahres 2023 von Influenza A(H3N2) dominiert, im Frühjahr überwog Influenza B. Zum Jahresende dominierte Influenza A(H1N1)pdm09.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für das Jahr 2023 lag bei 92 Fällen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr: 234 Fälle pro 100.000 Einwohner). Dabei lag die Inzidenz in 9 Bundesländern über dem bundesweiten Wert, insbesondere in Sachsen (149), in Hamburg (133) und in Sachsen-Anhalt (132). Die niedrigste Inzidenz wurde in Bremen (36) und Schleswig-Holstein (51) beobachtet (s. Abb. 6.31.2).

Für 34.663 Fälle (45 %) war ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Unter diesen wurde für nahezu alle Fälle eine Exposition in Deutschland übermittelt, für 1,3 % der Fälle wurde eine Exposition im Ausland angegeben. Damit spielten importierte Fälle für das Infektionsgeschehen in Deutschland keine Rolle.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Infektionen 2023 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahre (238 Erkrankungen pro 100.000 Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel der Inzidenzen sowohl bei Jungen (249/100.000) als auch bei Mädchen (223/100.000) bei den 0- bis 4-Jährigen (s. Abb. 6.31.3). Bei feingliederiger Unterteilung waren insbesondere die Säuglinge (0 bis 1 Jahr) unter den Kleinkindern bis 4 Jahre am stärksten betroffen (286/100.000), sowohl bei Jungen (308/100.000) als auch bei Mädchen (257/100.000). Damit hat sich der altersspezifische Erkrankungsgipfel im Vergleich zum Vorjahr (5- bis 9-Jährige) wieder in die jüngeren Altersgruppen (0 bis 4 Jahre) verschoben, wie es auch bereits in den vorpandemischen Jahren beobachtet wurde.

Während einer saisonalen Grippewelle sind Kinder durch die fehlende bzw. geringere Grundimmunität sowie hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit, z. B. durch den Besuch von Gemeinschaftseinrichtungen, häufig von Influenza-Infektionen betroffen.

Über die Gesamtbevölkerung hinweg war die Inzidenz in allen Altersgruppen auf Frauen und Männer gleich ver-

Abb. 6.31.1:

Übermittelte **Influenza-Fälle** nach Meldewoche, Deutschland, 2023 (n = 77.268) im Vergleich mit den Vorjahren

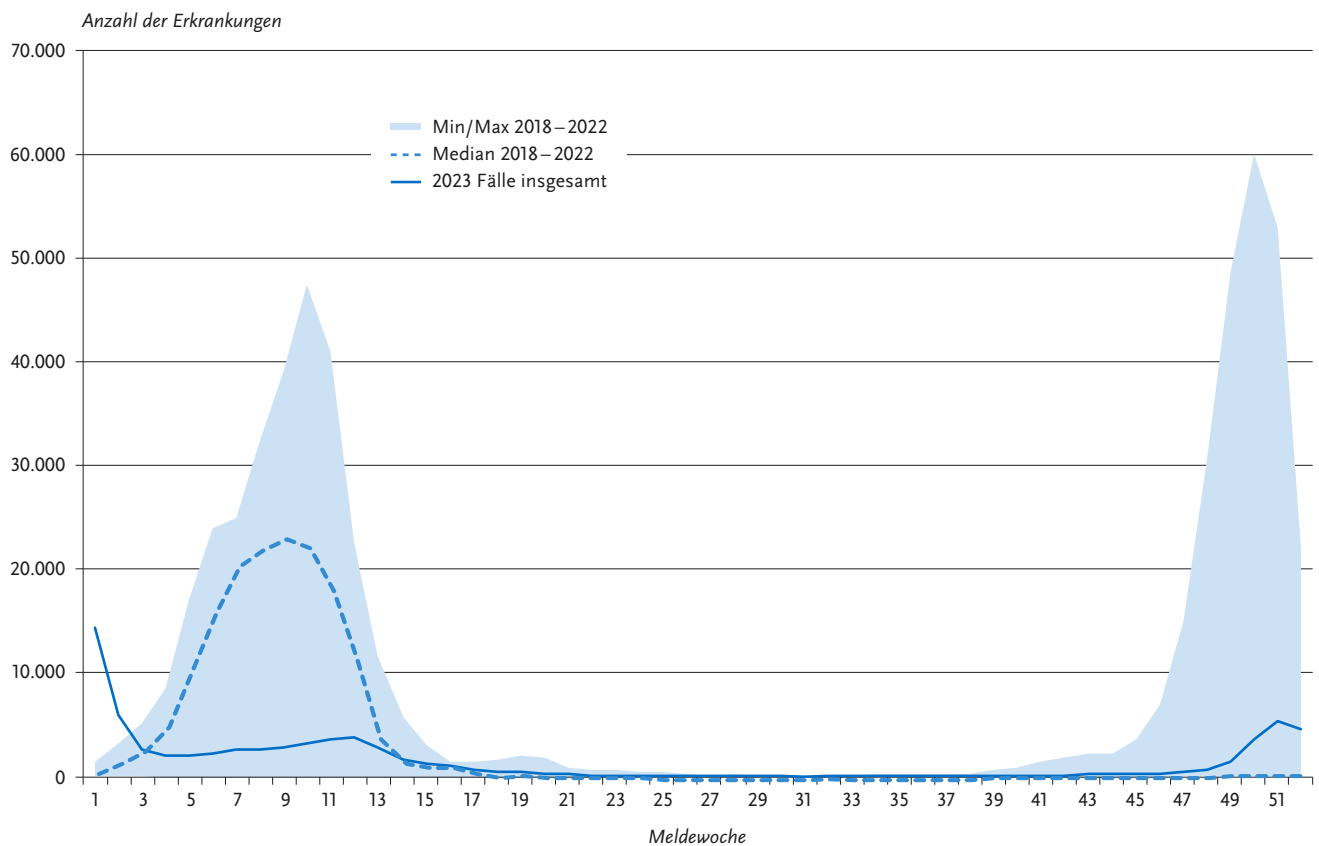


Abb. 6.31.2:

Übermittelte Influenza-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 77.268) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2018 bis 2022)

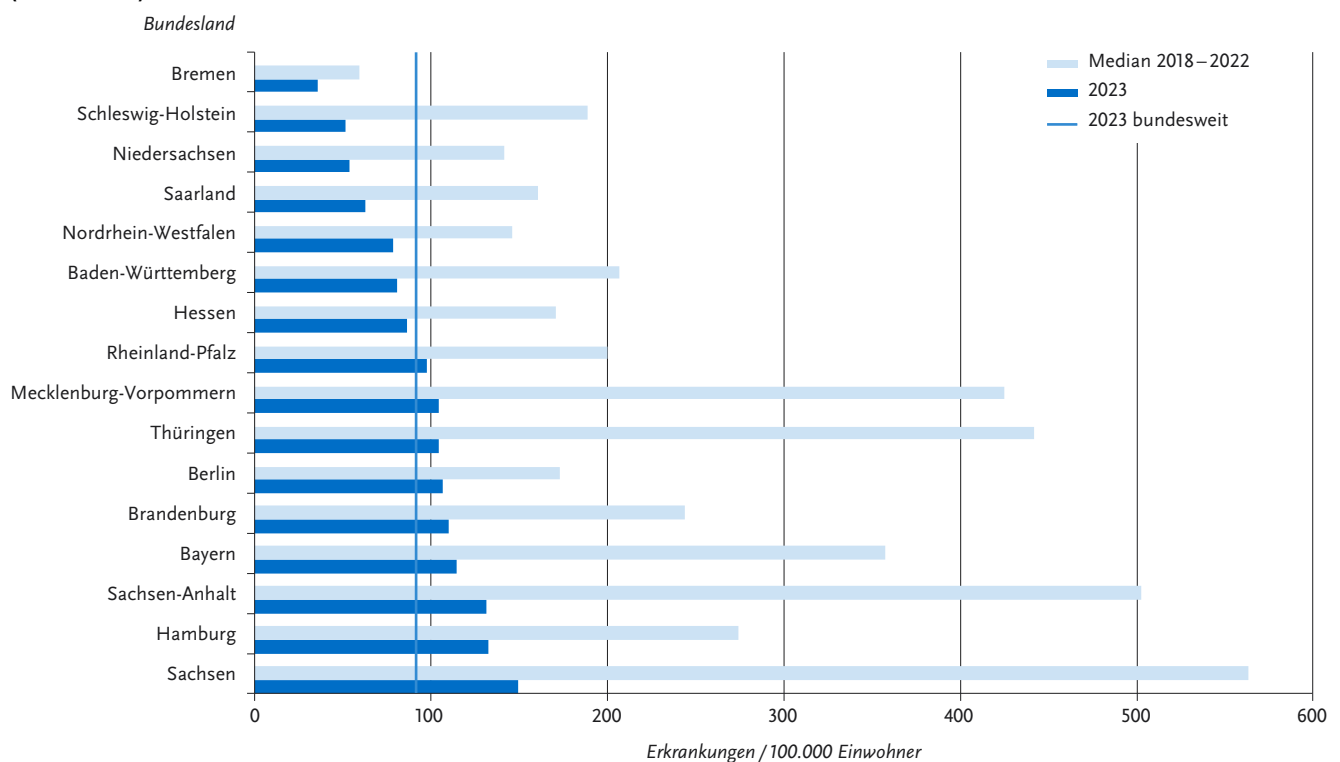
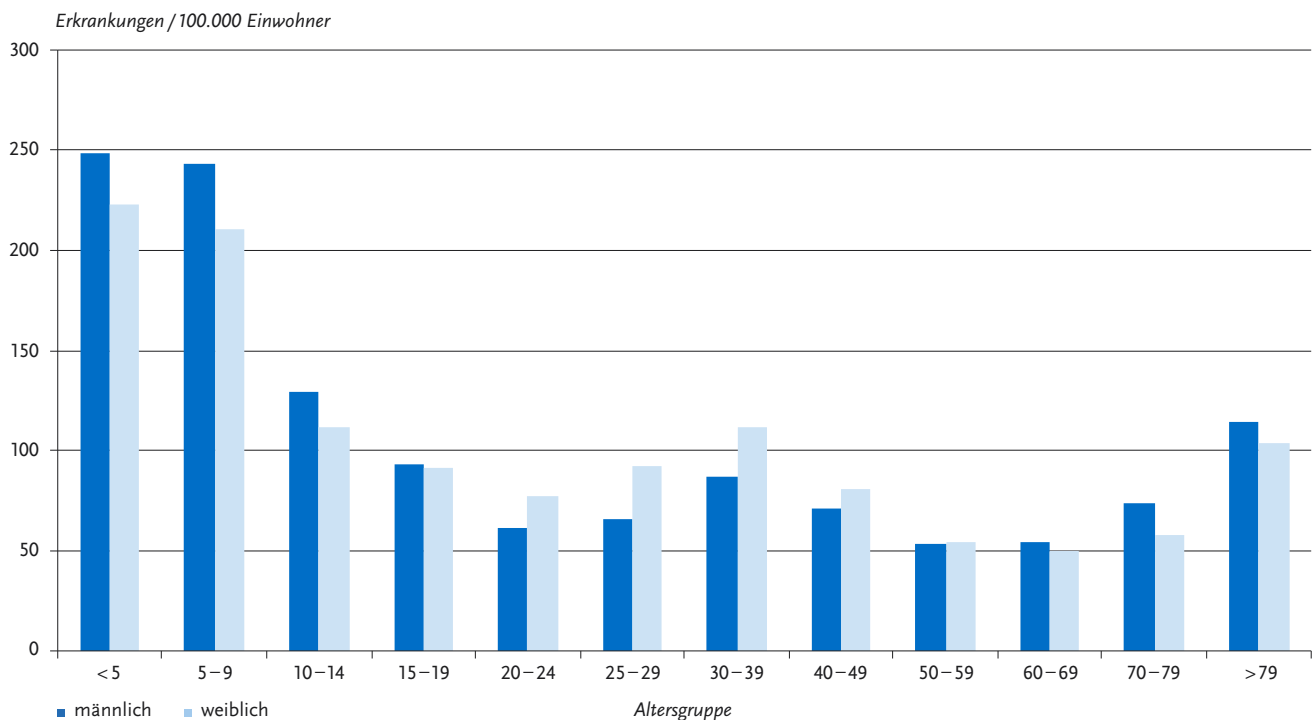


Abb. 6.31.3:
Übermittelte Influenza-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 76.933)



teilt (vgl. Abb. 6.31.3). Der Altersmedian aller übermittelten Influenza-Fälle des Jahres 2023 lag bei 34 Jahren und somit über dem des Vorjahres (26 Jahre).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2023 war der Anteil von Hospitalisierten an allen Fällen mit einer Angabe zum Hospitalisierungsstatus (16.157) mit 33 % höher als im Vorjahr (21 %). Besonders betroffen waren jedoch wie im Vorjahr Kinder unter 5 Jahren (44 %), Erwachsene zwischen 60 und 69 Jahren (46 %) und Erwachsene ab 70 Jahren (67 %).

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 Influenzaviren getestet. Zudem scheinen hospitalisierte Patienten und Patientinnen in den letzten Jahren labordiagnostisch verstärkt auf Influenzaviren untersucht zu werden (s. a. Abschnitt Datenqualität). Für das Jahr 2023, wie bereits in den Vorjahren, kann ein Einfluss durch die in der Folge der COVID-19-Pandemie häufig kombinierte Testung auf SARS-CoV-2 und Influenzaviren und anderer Atemwegserreger durch Multiplex-PCR – insbesondere im stationären Bereich – nicht ausgeschlossen werden. Auf diese Weise werden insbesondere stationäre Fälle erkannt und übermittelt.

Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenza-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Im Jahr 2023 wurden insgesamt 364 Influenza-assoziierte Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, und damit wesentlich weniger als im Jahr 2022 (903 Fälle). Von den Todesfällen entfielen 266 (73 %) auf einen Zeitpunkt zwischen der 1. bis 39. MW und 98 Fälle (27 %) entfielen auf den Zeitraum der MW 40 bis 52.

Unter den 364 Todesfällen des Jahres 2023 wurde für 219 Fälle angegeben, dass die Influenza-Infektion ursächlich zum Tod beigetragen habe; der Großteil dieser Fälle (122) entfiel auf die Influenza-A(H3N2)-dominierte Winterwelle in den ersten MW. In dieser Gruppe lag der Altersmedian der Verstorbenen über das gesamte Jahr 2023 bei 81 Jahren, und damit geringer zum Median des Vorjahres.

Impfstatus

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für schwere Krankheitsverläufe oder berufsbedingt ein erhöhtes Infektionsrisiko haben, wird die jährliche Influenzaimpfung im Herbst/Frühwinter durch die Ständige Impfkommission (STIKO) empfohlen. Für die saisonale Influenza betrifft dies alle Personen ab 60 Jahre, Personen jeden Alters mit chronischen Vorerkrankungen, Schwangere ab dem 2. Trimenon sowie Personen mit erhöhter Gefährdung, z. B. medizinisches Personal. Die Dauer bis zum Aufbau des Immunschutzes nach Impfung beträgt etwa 10 bis 14 Tage. Seit dem Jahr 2018 empfiehlt die STIKO einen quadrivalenten Impfstoff (Vierfach-Impfstoff) als Standardimpfung für alle Personen ab 60 Jahren bzw. mit entsprechender Indikation. Aufgrund der ausbleibenden Zirkulation von Influenza-B-

Viren der Yamagata-Linie seit 2020 wurden jedoch im September 2023 die Empfehlungen der WHO zur Zusammensetzung der saisonalen Influenza-Impfstoffe angepasst. In Anlehnung an diese Änderung empfiehlt die STIKO seit 2024 einen trivalenten Impfstoff (Dreifach-Impfstoff) als Standardimpfung. Adjuvantierte Impfstoffe gegen die saisonale Influenza sind nur für Personen zugelassen, die 65 Jahre oder älter sind. Bei Kindern mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung infolge eines Grundleidens, die das erste Mal gegen Influenza geimpft werden, wird laut Herstellerangaben bis zu einem gewissen Alter (meist 9 Jahre) eine 2-fache Impfung im Abstand von 4 Wochen empfohlen.

Für die **Saison 2022/2023**, in der das Ende einer außergewöhnlich frühen und starken (ersten) Grippewelle (1. MW) sowie eine zweite niedrige Welle lag (MW 9–14), waren folgende Komponenten des Impfstoffes gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen worden:

- ▶ A/Victoria/2570/2019 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für Ei-basierte Impfstoffe und A/Wisconsin/588/2019 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für zellbasierte Impfstoffe;
- ▶ A/Darwin/9/2021 (H3N2)-ähnliches Virus für Ei-basierte Impfstoffe und A/Darwin/6/2021 (H3N2)-ähnliches Virus für zellbasierte Impfstoffe;
- ▶ B/Austria/1359417/2021-ähnliches Virus;

- ▶ B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus der B/Yamagata-Linie.

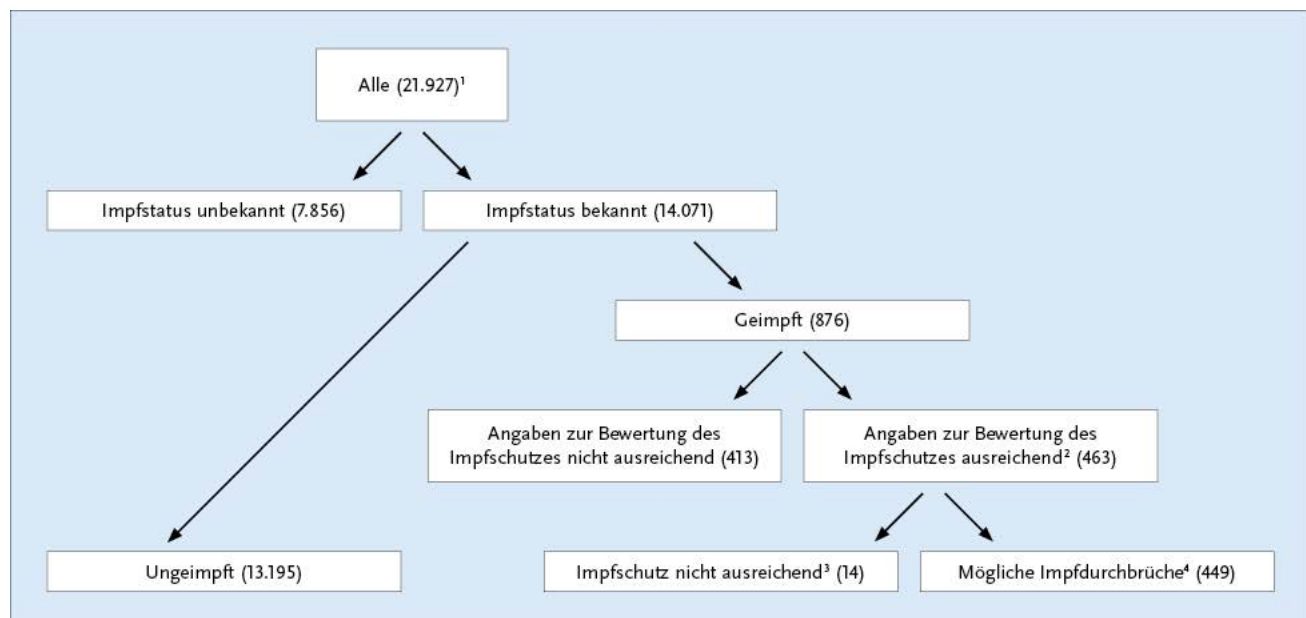
Für die **Saison 2023/24**, in die im Jahr 2023 der frühe Start der Grippewelle ab MW 50 fiel, wurden folgende Zusammensetzungen empfohlen:

- ▶ A/Victoria/4897/2022-ähnliches Virus für Ei-basierte Impfstoffe und A/Wisconsin/67/2022-ähnliches für zellbasierte Impfstoffe
- ▶ B/Austria/1359417/2021-ähnliches Virus;
- ▶ B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus der B/Yamagata-Linie.

Von den insgesamt 77.268 für das Jahr 2023 übermittelten Influenza-Fällen fielen 59.322 in die 1. bis 39. MW (davon 58.090 bis zur 22. MW) und 17.946 in den Zeitraum der 40. bis 52. MW. Da der Großteil der Fälle zwischen der 1. und 22. MW übermittelt wurde und hier auch eine in das Jahr 2023 vollständig fallende Influenza-Welle zu verzeichnen war, wird über die Informationen zum Impfstatus nur für diesen Zeitraum berichtet. Von den Fällen in der 1. bis 22. MW waren 21.927 Fälle labordiagnostisch bestätigt. Hiervon lag bei 14.071 Fällen (64 %) eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 13.196 (94 %) als nicht geimpft und 876 (6,2 %) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.31.4).

Abb. 6.31.4:

Labordiagnostisch bestätigte Influenza-Fälle nach Impfstatus, Deutschland, 2023 (n=21.927)



¹ Alle klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fälle mit angegebenem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. KW.

² Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Datum des Erkrankungsbeginns, Datum der letzten Impfung und Alter. Die Angaben zum Impfstatus 2023 beziehen sich auf die saisonale Impfung in der Saison 2022/23 mit einem Impfdatum zwischen 01.07.2022 und 30.06.2023. Zur Bewertung des Impfschutzes werden nur Personen ≥ 9 Jahren herangezogen. Gemäß Fachinformationen der Impfstoffe ist für Kinder unter 9 Jahren, die zum 1. Mal eine Influenza-Impfung erhalten, eine 2-malige Grippeimpfung für die bevorstehende Saison empfohlen. Da keine Erfassung der Anzahl der saisonalen Grippeimpfungen oder vorausgegangener Grippeimpfungen erfolgt, ist in dieser Altersgruppe (Kinder < 9 Jahren) keine Angabe zur Vollständigkeit der Impfung möglich.

³ Ein ausreichender Impfschutz wird bei Personen ≥ 9 Jahren angenommen, wenn nach der letzten Impfung > 14 Tage vergangen sind.

⁴ Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine Influenza-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

Die STIKO rät aufgrund des höheren Risikos für einen schweren Krankheitsverlauf allen Menschen ab 60 Jahren, Menschen mit chronischen Grunderkrankungen, Schwangeren ab dem 2. Trimenon sowie Menschen mit erhöhter Gefährdung (z. B. medizinisches Personal) zu einer jährlichen Influenza-Impfung. Unabhängig vom Impfstatus ist infektionshygienisches Verhalten wie die Vermeidung des engen Kontakts zu Erkrankten und das Abstandhalten zu anderen bzw. zu Hause bleiben bei eigener Atemwegssymptomatik insbesondere während der Grippewelle empfehlenswert.

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), wobei die Yamagata-Linie seit März 2020 nicht mehr nachgewiesen wurde. 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 ist. Für die Saison 2022/23 und 2023/24 wurden von der STIKO noch die Verwendung von quadrivalenten Influenza-Impfstoffen, in denen jeweils die von der WHO empfohlenen aktuellen Varianten von A(H3N2)-, A(H1N1)- und B-Viren der Yamagata- und der Victoria-Linie enthalten waren, empfohlen. Mit der ausbleibenden Zirkulation der Influenza B-Yamagata-Linie seit dem Jahr 2020 wurden jedoch im September 2023 die Empfehlungen der WHO zur Zusammensetzung der saisonalen Influenza-Impfstoffe und entsprechend auch im Jahr 2024 die Empfehlungen der STIKO zur saisonalen Influenza-Impfung angepasst.

Von den 77.268 übermittelten Fällen des Meldejahres 2023 wurde der Erreger bei 74.739 Fällen näher charakterisiert. Darunter fielen 57.290 in den Zeitraum der 1. bis 39. MW 2023 (davon 56.119 bis zur 22. MW) und 17.449 in den Zeitraum MW 40 bis 52. Unter allen Fällen des Jahres 2023 wurde für 46.681 Fälle (62 %) eine Infektion mit Influenza A und für 26.707 Fälle (36 %) eine Infektion mit Influenza B angegeben. Ein geringer Anteil der Fälle ($n = 2.545$; 3,4 %) wurde als »Influenza A/B, nicht näher differenziert« übermittelt. Bei 1.283 (1,7 %) der übermittelten Influenza-A-Infektionen des Jahres 2023 war der Subtyp bekannt: bei 819 der Fälle wurde der Subtyp Influenza A(H1N1)pdm09, und bei 462 Fällen Influenza A(H3N2) angegeben. Laut Sentinel der virologischen Surveillance der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) wurde die erste Welle der Saison 2022/23, welche in der ersten MW im Jahr 2023 endete, von Influenza A(H3N2) dominiert und die zweite, geringer ausfallende Welle durch Influenza B der Victoria-Linie (MW 9 bis 14). Für die dritte Welle ab der 50. KW 2023 (Saison 2023/24) wurde Influenza A(H1N1)pdm09 als dominierender Subtyp nachgewiesen.

Der Altersmedian bei Fällen, bei denen der Subtyp nachgewiesen wurde, lag im Jahr 2023 bei 25 Jahren für Influenza A(H3N2), bei 30 Jahren für Influenza A(H1N1)pdm09 und 18 Jahren für Influenza B.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 780 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 2.410 Fällen übermittelt (Vergleich 2022: 3.127 Ausbrüche mit 18.167 Fällen). 74 der 780 übermittelten Ausbrüche (9,5 %) sind auf Ausbrüche mit mehr als 5 Personen zurückzuführen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (86) wurden in MW 1 übermittelt. Von den übermittelten Fällen, die einem Ausbruch zugeordnet wurden, war für 3.074 Fälle das Alter bekannt; die Spanne reichte von 0 bis 105 Jahre. Der Altersmedian lag bei 32 Jahren und damit etwas unter dem Altersmedian aller Fälle (34 Jahre). Die Mehrzahl aller Ausbruchsfälle ($n = 1.211$, 39 %) waren zwischen 0 und 14 Jahre alt und damit im Kindergarten- oder Schulalter. Diese Fälle bildeten 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 400 (13 %) der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt. 189 dieser Fälle (53 %) wurden hospitalisiert, für 40 Fälle liegen keine Informationen zur Hospitalisierung vor. Die Anzahl der Ausbrüche sowie die Anzahl der gemeldeten Fälle sind damit deutlich gegenüber dem Vorjahr gesunken.

Datenqualität

Da die Meldung von Influenza-Infektionen an den labor-diagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippewelle aber rein klinisch diagnostiziert werden, liegt eine erhebliche Untererfassung von Influenza im Meldesystem vor – insbesondere für Fälle im ambulanten Bereich. 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. So ist anzunehmen, dass durch die Durchführung von Multiplex-PCR-Testungen auf u. a. SARS-CoV-2 und Influenzaviren im stationären Bereich insbesondere hospitalisierte Fälle im Meldesystem erfasst werden.

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 geographische Auswertung sind die Daten, die im Rahmen der Sentinelsurveillance 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 2022/23 konnte im Jahr 2023 das Ende einer außergewöhnlich frühen und starken (ersten) Grippewelle in der 1. KW und eine zweite niedrigere Welle zwischen KW 9 bis 14 beobachtet werden. Darüber hinaus fiel in das Jahr 2023 der frühe Beginn einer Winterwelle der Saison 2023/24 ab KW 50 2023.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Fälle sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2022/23 zeigen das Ende einer außergewöhnlich frühen und starken (ersten) Grippewelle (1. MW), eine zweite niedrigere Welle (MW 9 bis 14), und in der Saison 2023/24 eine frühe Winterwelle (ab MW 50), die bis ins Jahr 2024 reicht. Die Influenza-Aktivität im Jahr 2023 fiel vergleichsweise gering aus und unterscheidet sich erheblich zu den beiden Vorsaisons, in denen keine (2021) bzw. eine sehr starke Zirkulation von Influenza-Viren (2022) verzeichnet wurde. Die niedrige Anzahl an Influenza-Fällen im Jahr 2023 kann u. a. auf die erhöhte Immunität der Bevölkerung nach der starken Zirkulation im Vorjahr zurückgeführt werden, während 2021 durch strenge COVID-19-Maßnahmen die Verbreitung von Influenzaviren nahezu verhindert wurde. Ähnliche Zirkulationsmuster wurden auch in anderen europäischen Staaten beobachtet. Der Erkrankungsgipfel lag im beobachteten Zeitraum bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter von 0 bis 4 Jahren, wobei Jungen sowie Mädchen im Alter von bis zu einem Jahr die am stärksten betroffene Gruppe bildeten. Über die Gesamtbevölkerung hinweg war die Inzidenz in allen Altersgruppen auf Männer und Frauen gleich verteilt. Zu Ausbruchsgeschehen können 3,1 % aller Fälle zugeordnet werden, wobei in der Altersgruppe der 0- bis 14-Jährigen mit 39 % der Hauptteil der Ausbruchsfälle zu verzeichnen ist.

Im Jahr 2023 wurden neben Influenza-A-Viren auch Influenza-B-Viren nachgewiesen, die sich auf drei verschiedene Wellen und zwei Saisons verteilten. Influenza-A(H3N2) dominierte die im Jahr 2023 auslaufende Winterwelle der Saison 2022/23, auf die eine zweite Influenza-B-Welle folgte (Viktoria-Linie). In die Saison 2023/24 fiel der Start der Winterwelle am Ende des Jahres 2023, dominiert durch Influenza A(H1N1)pdm09. Im Vergleich zur Vorjahressaison wurde ein höherer Anteil an Hospitalisierungen unter den übermittelten Influenza-Erkrankungen verzeichnet, und lag bei

33 %. Es ist anzunehmen, dass dies v. a. auf den Rückgang der Testungen im ambulanten Bereich zurückzuführen ist. Der Anteil an hospitalisierten Fällen war unter Erwachsenen ab 60 Jahre (insbesondere Personen älter als 69 Jahre) und Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahren am höchsten.

Insgesamt wurden 364 Influenza-assoziierte Todesfälle gemäß Referenzdefinition im Jahr 2023 übermittelt; der Altersmedian lag bei 81 Jahren. Von denen im Jahr 2023 zwischen der 1. bis 22. MW labordiagnostisch bestätigten Meldefällen lagen bei 64 % Impfangaben vor; 94 % der gemeldeten Fälle waren ungeimpft, 6,2 % geimpft.

Literaturhinweise

- ECDC: *The European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVISS)*. 2024. <https://erviss.org/>.
- RKI: *Influenza Diagramme Deutschland*. <https://influenza.rki.de/Diagrams.aspx?agiRegion=0>
- RKI: *Charakterisierung der zirkulierenden Viren und Übereinstimmung mit den im Impfstoff enthaltenen Stämmen 2024/2025*. 2024. https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Nationale-Referenzzentren-und-Konsiliarlabore/Influenza/zirkulierende/Impfstoffzusammensetzung_2024_25.html?nn=16891928
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2018. www.rki.de/ratgeber
- RKI: *ARE Wochenberichte der AG Influenza*. <https://influenza.rki.de/Wochenberichte.aspx>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2023*. *Epid Bull* 2023. <https://doi.org/10.25646/10829.4>
- STIKO: *Beschluss für die Empfehlung der STIKO zum Wechsel von quadrivalenten zu trivalenten Influenza-Impfstoffen*. *Epid Bull* 2024;31. <https://doi.org/10.25646/12420>
- Uyeki TM, Hui DS, Zambon M, Wentworth DE, Monto AS: *Influenza*. *Lancet* 2022;400(10353). [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(22\)00982-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(22)00982-5)
- WHO: *Influenza Update N° 446*. 2023. <https://www.who.int/publications/m/item/influenza-update-n-446>
- WHO: *Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024 southern hemisphere influenza season*. 2023. <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2024-southern-hemisphere-influenza-season>
- WHO: *Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2023–2024 northern hemisphere influenza season*. 2023. <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2023-2024-northern-hemisphere-influenza-season>

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 auf den Menschen bekannt geworden. Im Jahr 2024 wurden erstmals Influenza-A-Viren bei Milchkühen in den USA beim Melkvorgang auf Menschen übertragen, wobei Influenza-A-Viren nicht in Kühen endemisch zirkulieren, sondern wahrscheinlich durch ein einmaliges Ereignis in den Kuheuter gelangten und dann durch den Melkvorgang verbreitet wurden. Auf das zum Zeitpunkt der Berichterstellung noch laufende Geschehen wird in diesem Kapitel, das sich wie die anderen Kapitel des Jahrbuchs auf 2023 fokussiert, nicht näher eingegangen. Bei zoonotischen Infektionen besteht potenziell die Gefahr, dass sich diese für das humane Immunsystem in der Regel unbekannten 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(H5N6), A(H9N2) und A(H3N8) ist in China im Jahr 2023 auch ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H10N5) identifiziert worden.

Der bislang letzte humane Fall mit A(H7N9) wurde in China im Jahr 2019 berichtet. Die im Jahr 2017 eingeführte Impfung mit bivalentem Totimpfstoff für Geflügel gegen H5/H7 führte zu einem drastischen Rückgang der Fälle bei Geflügel und scheint damit auch die Übertragung auf den Menschen beendet zu haben.

Zoonotische Übertragungen von porcinen Influenzaviren auf den Menschen sind in verschiedenen Ländern identifiziert worden.

Aviäre Influenza A(H5N1)

Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel) hochpathogenen aviären Influenza (HPAI) A(H5N1) bei Wildvögeln und Hausgeflügel ausgebreitet. Insbesondere die Viren der H5 Klade 2.3.4.4b haben sich seit Ende des Jahres 2022 weltweit ausgebreitet und zirkulierten nunmehr ganzjährig in Wildvogelpopulationen. In dem bisher größten bekannten Ausbruchsgeschehen mit A(H5N1) wurden zunehmend auch Übertragungen auf landlebende und marine Säugetiere berichtet.

Im Juni 2023 wurden Infektionen mit A(H5N1) unter mehreren Hauskatzen aus verschiedenen Landesteilen in Polen berichtet. Diese zeigten als Krankheitssymptome vor allem Pneumonien und zentralnervöse Störungen bis hin zum Tod. Eine Übertragung von Katze zu Katze bzw. von der Katze zum Menschen wurde nicht beobachtet. Die Infektionsquelle konnte nicht eindeutig ermittelt werden. Höchstwahrscheinlich handelte es sich aber um eine einzige bzw. wenige Infektionsquellen. Neben einer Übertragung durch infizierte Wildvögel oder deren Ausscheidungen wurde auch Katzenfutter bzw. rohes Geflügelfleisch als Quelle vermutet (Datenstand: 03.08.2023).

Parallel berichtete Finnland von Juni bis Oktober über mehrere A(H5N1)-Infektionen in Füchsen, Nerzen und Marderhunden auf insgesamt 27 Pelztierfarmen. Als Infektionsquelle werden infizierte Wildvögel vermutet, auch wenn der genaue Übertragungsweg in und zwischen den Farmen nicht abschließend ermittelt werden konnte. In der Folge wurden in Finnland weitere Biosicherheitsbestimmungen auf den Farmen und eine Impfung gegen A(H5) für das Personal auf den Farmen empfohlen (Datenstand: 20.06.2024).

Übertragungen auf den Menschen blieben weiterhin ein seltenes Ereignis. Zu Erkrankungen von Menschen kam es bisher vorwiegend durch engen, direkten Kontakt mit erkranktem oder totem Geflügel. Generell ist es jedoch möglich, dass sich Influenzaviren über Säugetiere besser an den Menschen anpassen.

Im Jahr 2023 wurden weltweit insgesamt 12 humane Fälle mit A(H5N1) aus Kambodscha (6), Chile (1), China (1) und dem Vereinigten Königreich (4) berichtet. Unter den Fällen im Vereinigten Königreich konnte jedoch eine aktive Infektion zumindest für 3 der 4 Fälle ausgeschlossen werden und es wird lediglich von einer Umweltkontamination ausgegangen. Beim vierten Fall waren die Ergebnisse nicht eindeutig zuordbar.

Laut WHO wurde seit dem Jahr 2003 bis Ende 2023 bei insgesamt 880 Personen aus 23 Ländern aviäre Influenza A(H5N1) nachgewiesen, von denen 52 % (460) verstarben (Datenstand: 05.01.2024).

Aviäre Influenza A(H5N6)

Seit dem Jahr 2014 wurden weltweit 90 humane Fälle mit einer Influenza-A(H5N6)-Virus-Infektion berichtet (89 in China, ein Fall in Laos), darunter 35 (39 %) Todesfälle (Datenstand 05.01.2024). Im Jahr 2022 wurde die H5-Komponente des in China für Geflügel genutzten Impfstoffs angepasst und in der Folge ein Rückgang der berichteten humanen Fälle beobachtet. Für das Jahr 2023 wurden insgesamt 6 humane Influenza-A(H5N6)-Fälle von China berichtet, wovon alle eine direkte Exposition zu infiziertem/verstorbenen Geflügel oder deren Produkten hatten.

Aviäre Influenza A(H9N2)

In den Jahren 2009 bis 2013 sind in China mehrere neuartige Influenza-A-Virussubtypen 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 selbstlimitierend.

Im Jahr 2023 wurden laut ECDC von China 9 humane Fälle mit aviärer Influenza A(H9N2) gemeldet. Seit Dezember 2015 wurden insgesamt 92 humane Fälle aus China und 2 humane Fälle aus Kambodscha an die WHO berichtet (Datenstand: 15.03.2024).

Aviäre Influenza A(H3N8)

Im April 2022 wurde weltweit erstmals ein humaner Fall mit aviärer Influenza A(H3N8) in China berichtet. Seitdem wurden insgesamt 3 Fälle aus China gemeldet, wovon ein Fall in das Jahr 2023 fiel. Alle Fälle hatten eine bekannte Exposition zu lebendem Geflügel. Die 2 Fälle aus dem Jahr 2022 betrafen Kinder, wovon eines mild und eines schwer erkrankte. Der Fall aus dem Jahr 2023 war eine 56-jährige Frau mit bekannter Exposition zu Hausgeflügel, die nach schwerem Krankheitsverlauf verstarb (Datenstand: 15.03.2024).

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 porcine 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 Grippeerkrankung 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 betroffenen Personen hatten Kontakt zu Schweinen.

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 7 Fälle mit porciner Influenza berichtet, davon 2 Fälle mit A(H1N1)v (China, Brasilien), 4 Fälle mit A(H1N2)v (USA, Taiwan, UK) und ein Fall mit A(H3N2)v in den USA (Datenstand: 02.12.2023).

Situation in Deutschland

Dem Gesundheitsamt wird gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 Buchst. s IfSG der Krankheitsverdacht, die Erkrankung sowie der Tod in Bezug auf zoonotische Influenza sowie gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 25 IfSG der direkte Nachweis von Influenzaviren namentlich gemeldet. Beim Eingang einer Verdachtsmeldung von zoonotischer Influenza am Gesundheitsamt sollte unverzüglich eine Übermittlung gemäß § 12 IfSG erfolgen. Das RKI hat für humane (Verdachts-) Fälle von Influenza A(H5) die Falldefinition zur Fallfindung, Meldung und Übermittlung aktualisiert und veröffentlicht.

In Deutschland wurden bisher und auch im Jahr 2023 keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza-A-Viren übermittelt. In 2023 wurden auch keine humanen Fälle mit porciner Influenza-A-Virusinfektion übermittelt.

Insgesamt wurden in Deutschland bislang 8 humane zoonotische Fälle mit porcinen Influenzaviren identifiziert: Von 2020 bis 2022 wurden 3 Infektionen mit A(H1N1)v-Viren im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren bestätigt und gemäß der seit 2016 geltenden Meldepflicht für zoonotische Influenza, die auch Infektionen mit porcinen Influenzaviren umfasst, gemeldet und an das RKI übermittelt. In den Jahren 2007 bis 2011 wurden 5 weitere Fälle (1 x A(H1N2)v, 3 x A(H1N1)v und 1 x A(H3N2)v)

im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren bestätigt und sind im Epidemiologischen Bulletin 39/2011 beschrieben.

Literaturhinweise

- ECDC: *Swine Influenza in humans. Communicable disease threat reports week 25/2023, 32/2023, 39/2023, 48/2023.* 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/swine-influenza-humans>
- EFSA, ECDC, EURL, et al.: *Scientific report: Avian influenza overview Juni 2023 – September 2023.* 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/avian-influenza-overview-june-september-2023.pdf>
- EFSA, ECDC, EURL, et al.: *Scientific report: Avian influenza overview December 2023 – March 2024.* 2024. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AI-Report-XXVIII_0.pdf
- FAO, WHO, WOA: *Joint FAO/WHO/WOAH preliminary assessment of recent influenza A(H5N1) viruses.* 2024. [https://www.who.int/publications/m/item/joint-fao-who-woah-preliminary-assessment-of-recent-influenza-a\(h5n1\)-viruses](https://www.who.int/publications/m/item/joint-fao-who-woah-preliminary-assessment-of-recent-influenza-a(h5n1)-viruses)
- Friedrich-Löffler-Institut: *Risikoeinschätzung zur Hochpathogenen Aviären Influenza H5 (HPAI H5) Klade 2.3.4.4B, Januar – Dezember 2023.* 2023. <https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/aviaere-influenza-ai-gefluegelpest/>
- Friedrich-Löffler-Institut: *Geflügelpest H5N1: Infizierte Katzen in Polen, Stand: 19.07.2023.* 2023. <https://www.fli.de/de/aktuelles/kurznachrichten/neues-einzelsicht/gefluegelpest-h5n1-infizierte-katzen-in-polen/>
- Friedrich-Löffler-Institut: *FAQ Hochpathogene Aviäre Influenza (HPAI, Geflügelpest, »Vogelgrippe«), Stand: 02.08.2024.* 2024. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00060753/FLI-Information-FAQ-Gefluegelpest-2024-08-02_bf.pdf
- Nohynek H, Helve OM: *One health, many interpretations: vaccinating risk groups against H5 avian influenza in Finland.* Euro Surveill 2024;29(25). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.25.2400383>
- Rabalski L et al.: *Emergence and potential transmission route of avian influenza A (H5N1) virus in domestic cats in Poland, June 2023.* Euro Surveill 2023;28(31). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.31.2300390>
- RKI: *Zoonotische Influenza.* 2024. <https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/ZoonotischeInfluenza/ZoonotischeInfluenza.html>
- WHO: *Monthly risk assessment summary: influenza at the human-animal interface.* 2024. <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/monthly-risk-assessment-summary>
- WHO: *Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003 – 2024.* 2024. [https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a\(h5n1\)-reported-to-who--2003-2024--1-november-2024](https://www.who.int/publications/m/item/cumulative-number-of-confirmed-human-cases-for-avian-influenza-a(h5n1)-reported-to-who--2003-2024--1-november-2024)
- WHO Western Pacific Region: *Avian Influenza Weekly Update Number 928.* 2024. <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/375483/AI-20240105.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Zeng X, Tian G, Shi J, et al.: *Vaccination of poultry successfully eliminated human infection with H7N9 virus in China.* Sci China Life Sci 2018;61(12). <https://doi.org/10.1007/s11427-018-9420-1>

6.32 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 3.428
- ▶ Zunahme der Erkrankungszahlen um 97 % gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern
- ▶ Weiterhin hoher Anteil der Erkrankungen durch *B. parapertussis* (34 %)
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ 65 % der Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ 126 Ausbrüche im Jahr 2023 zumeist in Kindergärten und Horteinrichtungen sowie Privathaushalten

Kurzbeschreibung

Keuchhusten ist eine hochansteckende respiratorische Infektionskrankheit, die durch das gramnegative Bakterium *Bordetella (B.) pertussis*, seltener durch *B. parapertussis*, verursacht wird. Nach unspezifischen, erkältungsähnlichen Symptomen von 1 bis 2 Wochen Dauer entwickelt sich der charakteristische anfallartige Husten, der häufig mit Atemnot und Erbrechen einhergeht und erst nach mehreren Wochen bis Monaten abklingt. Bei Jugendlichen und Erwachsenen wie auch bei vielen geimpften Kindern ist das klinische Bild häufig weniger stark ausgeprägt. Bei Säuglingen können klinisch Apnoen (Atemstillstände) im Vordergrund stehen. Komplikationen wie Lungenentzündungen, Atelektasen, Mittelohrentzündungen, seltener zerebrale Krampfanfälle oder Enzephalopathien treten vor allem bei Säuglingen auf. Gegen *B. pertussis* stehen verschiedene Totimpfstoffe zur Verfügung. Eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore gemäß IfSG besteht seit dem 29.03.2013.

Falldefinition

Von 8.964 im Jahr 2023 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten nur 3.428 (38 %) die Referenzdefinition, da bei den restlichen Fällen Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren (Vorjahr: 41 %). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 3.428 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.32.1).

Zeitlicher Verlauf

Der auf die niedrigen Fallzahlen während der COVID-19-Pandemie folgende Anstieg der Fallzahlen setzte sich im Jahr 2023 fort. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 97 % weiter deutlich zu (2022: 1.742), erreichte jedoch nicht die jährlichen Fallzahlen, wie sie vor der COVID-19-Pandemie beobachtet wurden. Keuchhusten-Erkrankungen traten mit leichten Schwankungen im gesamten Jahresverlauf auf (s. Abb. 6.32.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 4,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 2,1 Erkr./100.000 Einw.). Die höchsten Inzidenzen wurden in Thüringen (25,5 Erkr./100.000 Einw.), Brandenburg (11,4 Erkr./100.000 Einw.) und Sachsen-Anhalt (8,1 Erkr./100.000 Einw.) beobachtet (s. Abb. 6.32.2). In den meisten Bundesländern lag die Inzidenz 2023 weiterhin unter dem jeweiligen Median der jährlichen Inzidenz der 5 Vorjahre.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 2.089 von 3.428 Erkrankungen (61 %) vor (2.140 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (96 % der Nennungen).

Demografische Verteilung

Kinder unter 5 Jahren waren mit einer Inzidenz von 21,6 Erkr./100.000 Einw. wie in den Vorjahren am stärksten von Keuchhusten-Erkrankungen betroffen. Es folgten Kinder und Jugendliche bzw. junge Erwachsene in den Altersgruppen 5–9 Jahre (12,0 Erkr./100.000 Einw.), 10–14 Jahre (6,5 Erkr./100.000 Einw.) sowie 15–19 Jahre (5,2 Erkr./100.000 Einw.). Die Inzidenzen bei Erwachsenen (≥ 20 Jahre) waren in allen Altersgruppen zum Teil deutlich niedriger als bei Kleinkindern, Kindern und Jugendlichen. Insgesamt lag die Inzidenz bei Erwachsenen ≥ 20 Jahren zw. 1,0 bis 3,1 Erkr./100.000 Einw.. Hier wurden die höchsten Inzidenzen bei Frauen im Alter von 60–69 sowie 30–39 Jahren verzeichnet.

Insgesamt lag die Inzidenz bei Mädchen und Frauen mit 4,3 Erkr./100.000 Einw. etwas höher als bei Jungen und Männern (3,8 Erkr./100.000 Einw.), v. a. im Säuglings- (< 1 Jahr) und Jugendlichenalter (10–19 Jahre) waren männliche Personen jedoch etwas stärker betroffen (s. Abb. 6.32.3).

Tab. 6.32.1:
Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	50	1 %	74	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.692	40 %	3.354	37 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.705	40 %	4.294	48 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	776	18 %	1.242	14 %
alle	4.223	100 %	8.964	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.742	41 %	3.428	38 %

Abb. 6.32.1:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2023 (n=3.428) im Vergleich mit den Vorjahren

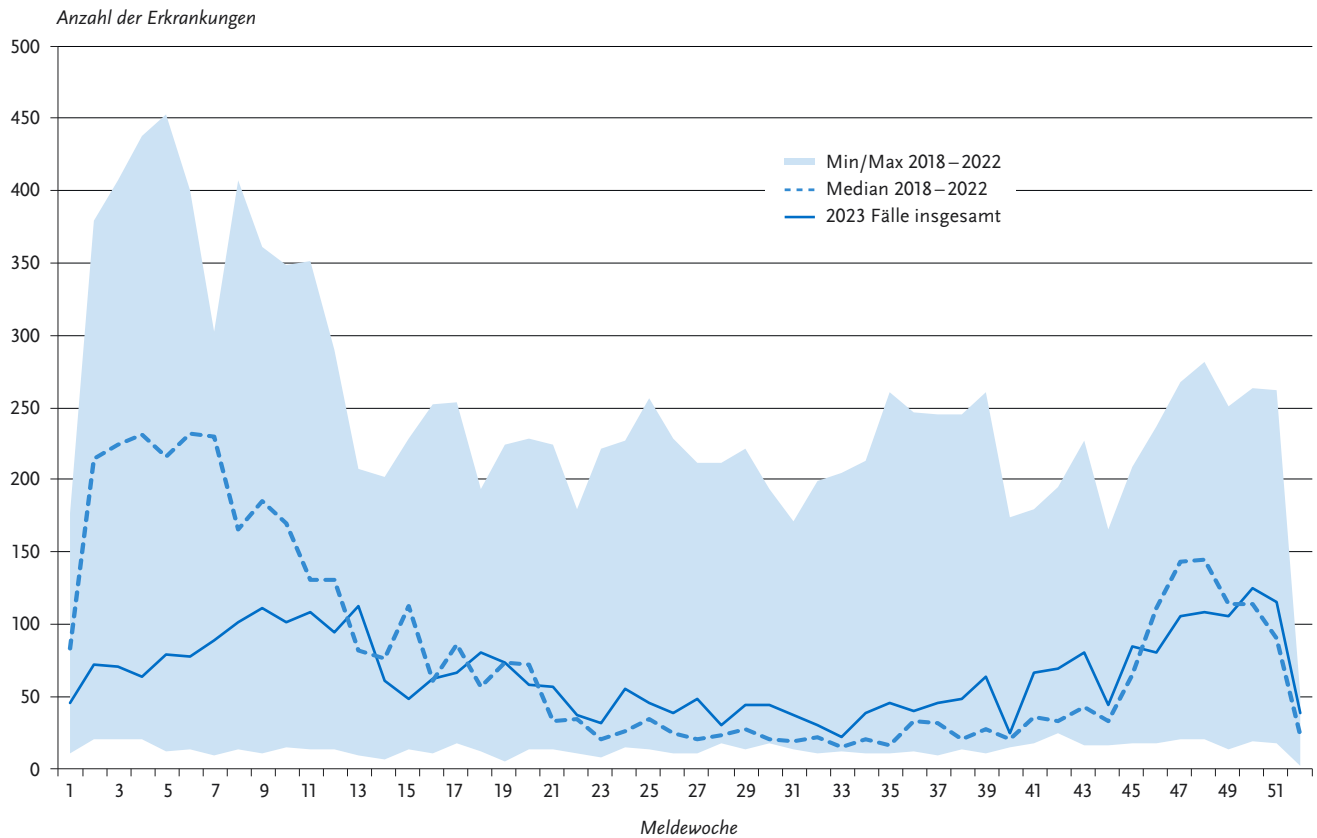


Abb. 6.32.2:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=3.428)

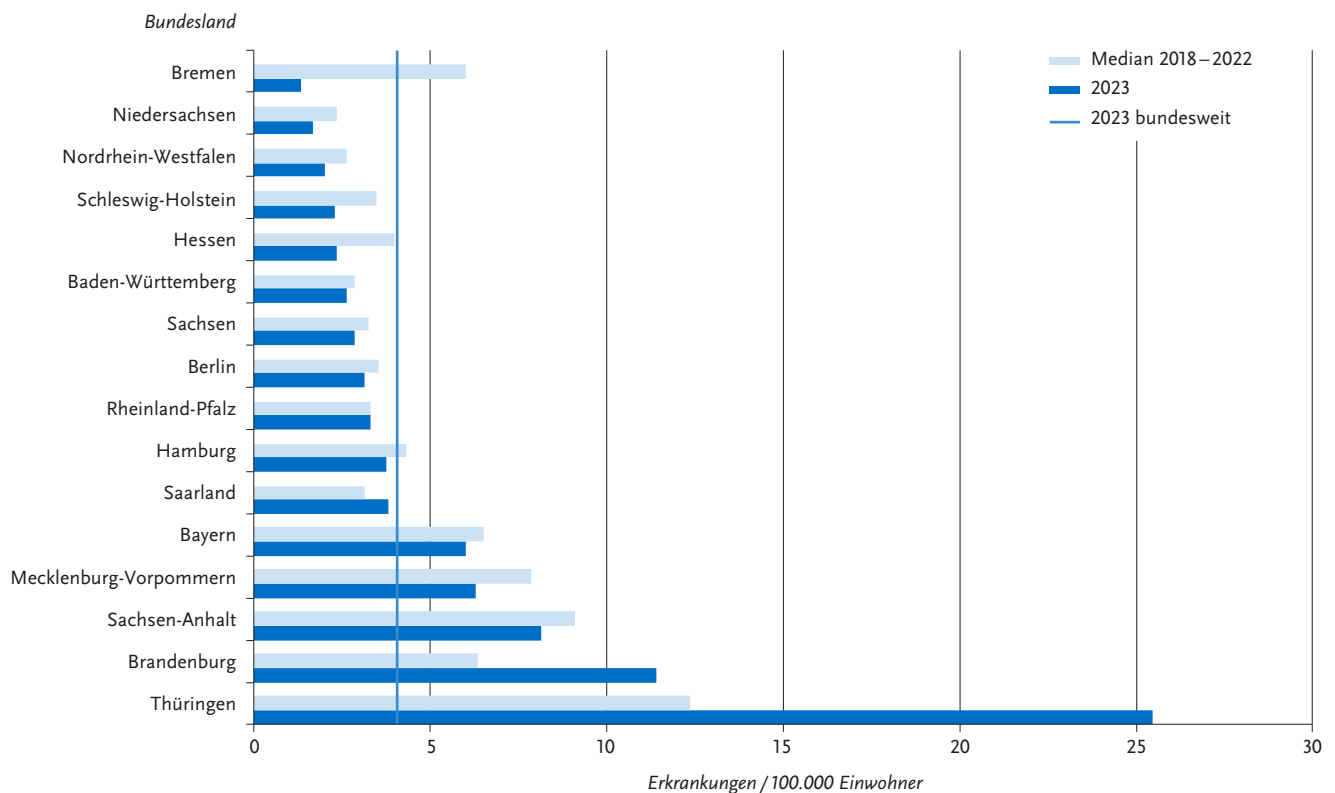
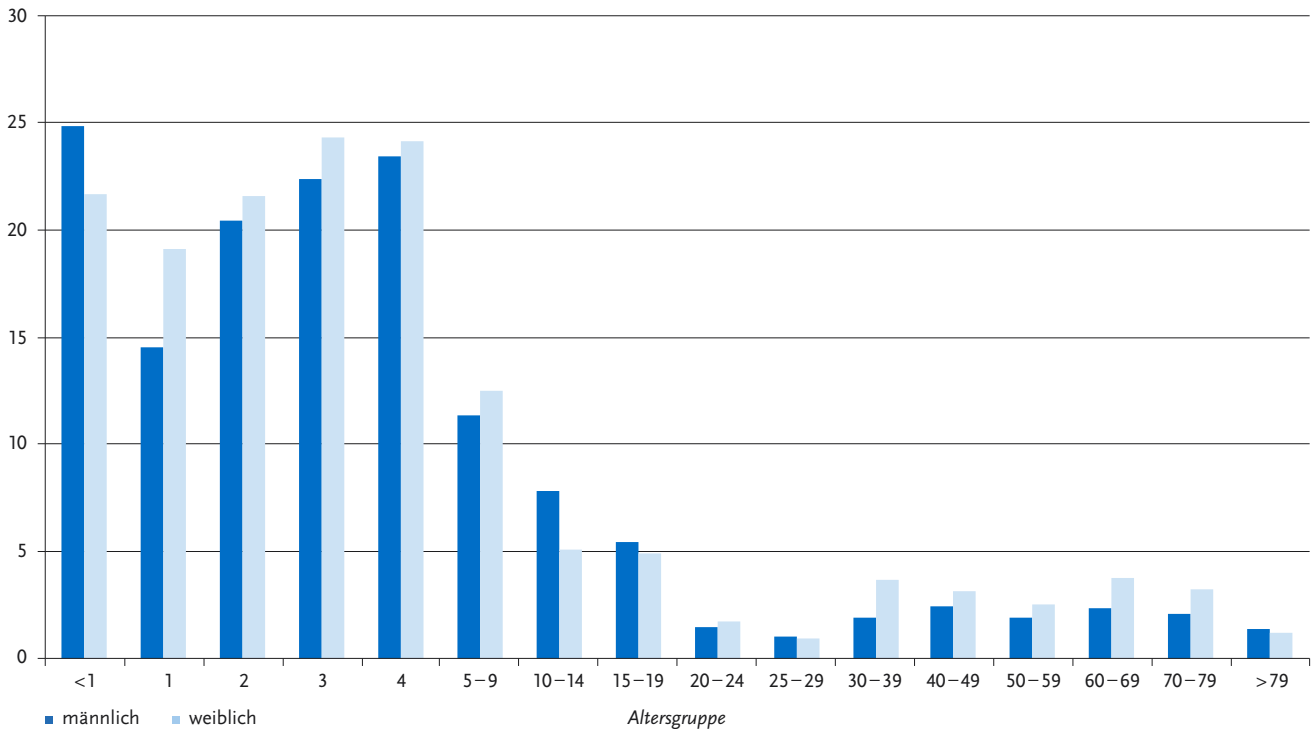


Abb. 6.32.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 3.424)
Erkrankungen / 100.000 Einwohner



Klinische Aspekte

Für 2.953 Erkrankte (86 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 182 (6 %) im Zusammenhang mit ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei Säuglingen mit 33 % (53 von 159), Personen ab dem Alter von 80 Jahren mit 19 % (13 von 68), 1-Jährigen mit 12 % (13 von 108) und 70- bis 79-Jährigen mit 9 % (15 von 174) teilweise deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen. Apnoen wurden bei 4 (2,3 %) der 172 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Unter den 3.425 Fällen mit Angaben hierzu wurde ein Todesfall aufgrund von Keuchhusten übermittelt (0,3 ‰; 2022: 1 von 1.738 bzw. 0,6 ‰).

Impfstatus

Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 3 Impfstoffdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) für alle Kinder im Alter von 2, 4 und 11 Monaten (sogenanntes 2+1-Impfschema). Bis Mitte 2020 empfahl die STIKO eine Grundimmunisierung bestehend aus 4 Impfstoffdosen für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten; dieses 3+1-Impfschema gilt weiterhin für Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene). Zudem empfiehlt die STIKO Auffrischimpfungen im Vorschul-, im Jugendalter sowie einmalig für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung mit einem niedrigdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoff (ap). Darüber hinaus empfiehlt die STIKO seit 2020 Schwangeren eine Impfung gegen Pertussis in

jeder Schwangerschaft. Die Bewertung, ob anhand der vorliegenden Angaben zum Impfstatus ein Immunschutz zu erwarten ist, basiert auf den Empfehlungen der STIKO sowie auf den Fachinformationen der verfügbaren Impfstoffe, die wiederum auf Studien zur Immunogenität und Impfeffektivität beruhen. Tab. 6.31.2 zeigt die Mindestanzahl erforderlicher Impfstoffdosen und die erwartete Dauer des Immunschutzes für verschiedene Altersgruppen, wobei der Impfschutz erst 3 Wochen nach der letzten Impfung als zuverlässig gewertet wurde. Aktuelle Daten deuten darauf hin, dass der Schutz nach der letzten Impfung bei einem Teil der Geimpften bereits vor der nächsten empfohlenen Auffrischung nachlässt. Für diese Auswertung wird ein als ausreichend anzunehmender Impfschutz nach den Kriterien in Tabelle 6.32.2 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 (2.213 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 (1.215 Erkrankungen). Von den eingeschlossenen Erkrankungen lag für 1.768 (80 %) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 638 (36 %) nicht geimpft und 1.130 (64 %) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Erkrankten waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl

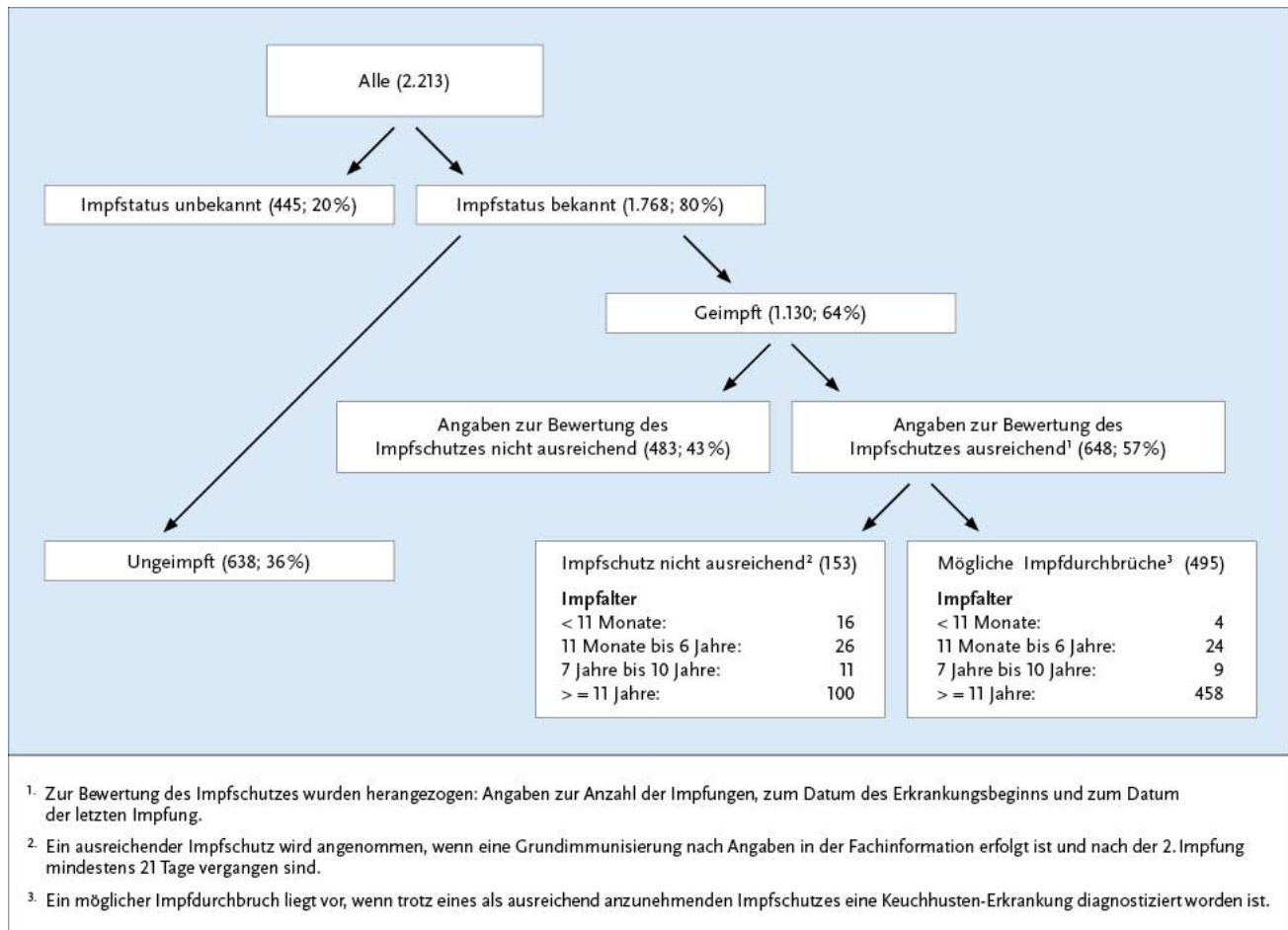
Tab. 6.32.2:

Anzahl erforderlicher Dosen eines pertussishaltigen Impfstoffs und erwartete Dauer des Immunschutzes nach Alter bei der letzten Impfung (entsprechend der seit Mitte 2020 geltenden STIKO-Empfehlung)

Alter bei letzter Impfung	Bis 10 Monate	11 Monate bis 6 Jahre	7 bis 10 Jahre	Ab 11 Jahre
Anzahl erforderlicher Impfstoffdosen	2	>= 3	>= 4	>= 1
Erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung	1 Jahr	5 Jahre	10 Jahre	10 Jahre

Abb. 6.32.4:

Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen durch *B. pertussis* nach Impfstatus, Deutschland, 2023 (n=2.213)



der Impfstoffdosen, das Datum der letzten Impfung oder das Datum des Erkrankungsbeginns bei 483 (43 %) unvollständig, sodass der Impfstatus nur von 648 (57 %) der geimpften Erkrankten bewertet werden konnte.

Zusammengenommen war der Impfstatus bei insgesamt 1.286 Erkrankten bewertbar (638 Erkrankte mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 648 Erkrankte mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen). Von diesen 1.286 Fällen mit ausreichenden Angaben zum Impfstatus hatten 495 (38 %) einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz; bei diesen Personen ist ein möglicher Impfdurchbruch anzunehmen (Abb. 6.32.4). Für die Beurteilung, ob ein ausreichender Impfschutz vorgelegen hat, wurde das seit Mitte 2020 empfohlene 2+1-Impfschema der STIKO zugrunde gelegt. Es kann davon ausgegangen

werden, dass dieses neue Impfschema für die 2022 erkrankten Säuglinge verwendet wurde und gegebenenfalls auch schon für ältere Altersgruppen. Wahrscheinlich wird hiermit die Anzahl der möglichen Impfdurchbrüche jedoch überschätzt, weil ein relevanter Anteil der Kinder ab einem Jahr noch nach dem alten 3+1-Impfschema geimpft worden sein dürfte.

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 3.283 (96 %) der 3.428 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 95 %). Davon waren 66 % *B. pertussis* (Vorjahr: 67 %) und 34 % *B. parapertussis* (Vorjahr: 33 %). Damit hat sich der ungewöhnlich hohe Anteil der durch *B. parapertussis* bedingten Erkrankungen wie im Vorjahr gehalten.

Ausbrüche

Insgesamt wurden 416 der 3.428 (12 %) Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 126 Ausbrüchen übermittelt. 110 dieser Ausbrüche umfassten jeweils weniger als 5 Erkrankungen, bei 16 Ausbrüchen wurden 5 oder mehr Fälle pro Ausbruch übermittelt. Bei 14 Häufungen mit mindestens 5 Erkrankungen lag eine Angabe zum Umfeld vor: Diese traten überwiegend in Schulen (6; 43 %), Kindergärten/Horteinrichtungen (4; 29 %) und im privaten Haushalt (4; 29 %) auf. Bei 109 Ausbrüchen mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen wurden Angaben zum Infektionsumfeld gemacht, diese waren vorwiegend Privathaushalte (53; 49 %) und Kindergärten/Horteinrichtungen (46; 42 %).

Datenqualität

Der Anteil von übermittelten Fällen, die die Kriterien für das klinische Bild und damit die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.32.1), ist mit 38 % (2022: 41 %) weiterhin niedrig. Dieser Anteil ist seit Einführung der bundesweiten Meldepflicht kontinuierlich gesunken und insbesondere durch die zunehmende Verwendung der PCR zur Diagnostik bedingt, wodurch sich *Bordetella pertussis*-Infektionen nach kürzerer Hustendauer labordiagnostisch bestätigen lassen als mit der früher häufiger verwendeten Serologie. Dadurch ist eine für die Referenzdefinition geforderte 14-tägige Hustendauer zunehmend nicht gegeben. Bei 14 % der Fälle ist zudem das klinische Bild nicht bekannt (2022: 18 %).

Die Angabe zum Erregernachweis fehlte bei 4 % aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; dieser Anteil konnte im Vergleich zum Vorjahr leicht gesenkt werden, es besteht jedoch noch Verbesserungsbedarf.

Die Auswertungen zum Impfstatus unterliegen einigen wichtigen Limitationen. Bei jeder fünften übermittelten Keuchhusten-Erkrankung durch *B. pertussis* fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 43 % der als geimpft übermittelten Erkrankungen die Angaben nicht ausreichend, um den Impfstatus zu bewerten. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen Angaben zum Erreger, zum Datum der letzten Impfung und zur Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Erkrankungsbeginn möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden. Insbesondere bei Säuglingen werden die Angaben zur mütterlichen Impfung in der Schwangerschaft häufig gar nicht oder nicht vollständig übermittelt.

Zusätzlich wurde bei 57 der 457 Fälle (12 %), die als ausreichend geimpft eingestuft wurden, lediglich 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 durch das Gesundheitsamt.

Fazit

Mit 4,1 Erkr. pro 100.000 Einw. im Jahr 2023 ist die Keuchhusten-Inzidenz in Deutschland nach ausgesprochen niedrigen Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 weiter gestiegen. Säuglinge (23,3 Erkr./100.000 Säuglinge) sind neben Klein- und Grundschulkindern weiterhin besonders stark betroffen: Diese müssen häufig hospitalisiert werden und haben ein hohes Risiko für Komplikationen. Mehr als die Hälfte (62 %) der übermittelten Fälle konnten zwar labordiagnostisch gesichert, erfüllten jedoch nicht die Kriterien des klinischen Bildes – und daher nicht die Referenzdefinition. Die tatsächliche Keuchhusten-Inzidenz wird damit wahrscheinlich deutlich unterschätzt.

Bei Fällen mit einer Angabe zum Erreger machten Erkrankungen durch *B. paraptussis* mit 34 % wie schon im Jahr 2022 einen deutlich höheren Anteil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus als in den Jahren seit Einführung der bundesweiten Meldepflicht 2013 (zwischen 3 % und 9 %).

Angaben zur mütterlichen Impfung in der Schwangerschaft im Falle von erkrankten Säuglingen sollten unbedingt ermittelt werden, um Aufschluss über die Wirkung der seit 2020 empfohlenen Impfung für Schwangere sammeln zu können. Im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten geht ein hoher Anteil der Fälle auf Impfdurchbrüche bei vollständig Geimpften zurück (36 %). Auch wenn dieser Anteil sicher durch die Anwendung des seit 2020 empfohlenen 2+1-Impfschemas auf die Bewertung der Impfdurchbrüche überschätzt ist, steht dies jedoch im Einklang mit Erkenntnissen zu einer relativ schnellen Abnahme der Impfeffektivität in den Jahren nach der Impfung. Dennoch war die Mehrzahl der Erkrankten – sofern die Angaben ausreichend waren – unzureichend oder gar nicht geimpft (64 %) und die Erkrankung hätte mit einem ausreichenden Impfschutz wahrscheinlich zu einem großen Teil verhindert werden können.

Literaturhinweise

- AG 6-fach-Impfung (DTaP-IPV-Hib-HepB) der STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung der 6-fach Impfung (DTaP-IPV-Hib-HepB) nach dem 2 + 1-Impfschema*. Epid Bull 2020;26. <https://doi.org/10.25646/6955.2>
- AG Pertussis der STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung der Pertussisimpfung mit einem Tdap-Kombinationsimpfstoff in der Schwangerschaft*. Epid Bull 2020;14. <https://doi.org/10.25646/6584>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;48. <https://doi.org/10.25646/10838>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2023*. Epid Bull 2023;4. <https://doi.org/10.25646/10829.4>
- STIKO: *Überprüfung der Impfempfehlung für eine einmalige Pertussis(ap) – Impfung im Erwachsenenalter (Stand: 15.3.2019)*. Epid Bull 2019;15. <https://doi.org/10.25646/6045.2>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2022. www.rki.de/ratgeber

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;20(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-020-4824-3>

6.33 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **2.663**
- ▶ Zunahme der Inzidenz um 45 % im Vergleich zum Median der Jahre 2018 bis 2022
- ▶ Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen (32 % der Nennungen) ist im Vergleich zum Vorjahr (21 %) gestiegen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen ein und 9 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-Jährigen
- ▶ 47 Ausbrüche mit 123 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die Kryptosporidiose ist eine Darminfektion, die durch Parasiten der Gattung *Cryptosporidium* (C.) verursacht wird. *C. parvum* wird von infizierten Menschen und Tieren, z. B. Hunden, Katzen, Rindern und Schafen, mit dem Kot ausgeschieden.

C. hominis kommt fast ausschließlich beim Menschen vor. Bei der Spezies *C. hominis*, die auch Ausbrüche beim Menschen verursacht, handelt es sich um den ehemaligen Genotyp 1 von *C. parvum*. Die Übertragung der Erreger erfolgt fäkal-oral, über verunreinigtes Wasser oder kontaminierte Lebensmittel. Normalerweise heilt die Erkrankung nach oft wochenlang anhaltenden Bauchschmerzen und Durchfällen von selbst aus, allerdings kann es bei abwehrgeschwächten Personen zu schweren chronischen und unter Umständen tödlichen Verläufen kommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.33.1).

Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 gilt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) als labordiagnostischer Nachweis einer Kryptosporidiose.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 2.663 Kryptosporidiosen nach Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme um 35 % gegenüber dem Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 3,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit um 45 % höher als der Median der 5 Vorjahre (2,2).

Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2023 trat die höchste Anzahl von Erkrankungen im Zeitraum Ende August bis Ende September (35. bis 39. Meldewoche; n = 637) auf (s. Abb. 6.33.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich (s. Abb. 6.33.2). Während Bremen (0,6 Erkr./100.000 Einw.), Bayern (1,5) und Schleswig-Holstein (1,6) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (13,9), Sachsen (6,9) und Sachsen-Anhalt (5,4) die höchsten Inzidenzen festgestellt. In allen Bundesländern, mit Ausnahme von Bremen, lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre. Die größte relative Zunahme wurde im Saarland (+ 323 %), in Baden-Württemberg (+ 122 %), Thüringen (+ 82 %) und Sachsen (+ 76 %) verzeichnet. In Bremen (relative Abnahme – 43 %) lag die Inzidenz unter dem Median der 5 Vorjahre. In 8 Bundesländern (Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Berlin, Brandenburg, Thüringen, Nordrhein-Westfalen und Hamburg) lag die Inzidenz im Jahr 2023 über der bundesweiten Inzidenz (3,2 Erkr./100.000 Einw.).

Bei 1.724 Erkrankungen (65 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 1.799 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 68 % der Nennungen auf Deutschland (1.225 Nennungen). Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren die Türkei (84), Spanien (59) und Italien (52).

Tab. 6.33.1:
Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	5	0 %	24	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.964	82 %	2.639	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	100	4 %	88	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	337	14 %	429	13 %
alle	2.406	100 %	3.180	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.969	82 %	2.663	84 %

Abb. 6.33.1:
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2023 (n=2.663) im Vergleich mit den Vorjahren

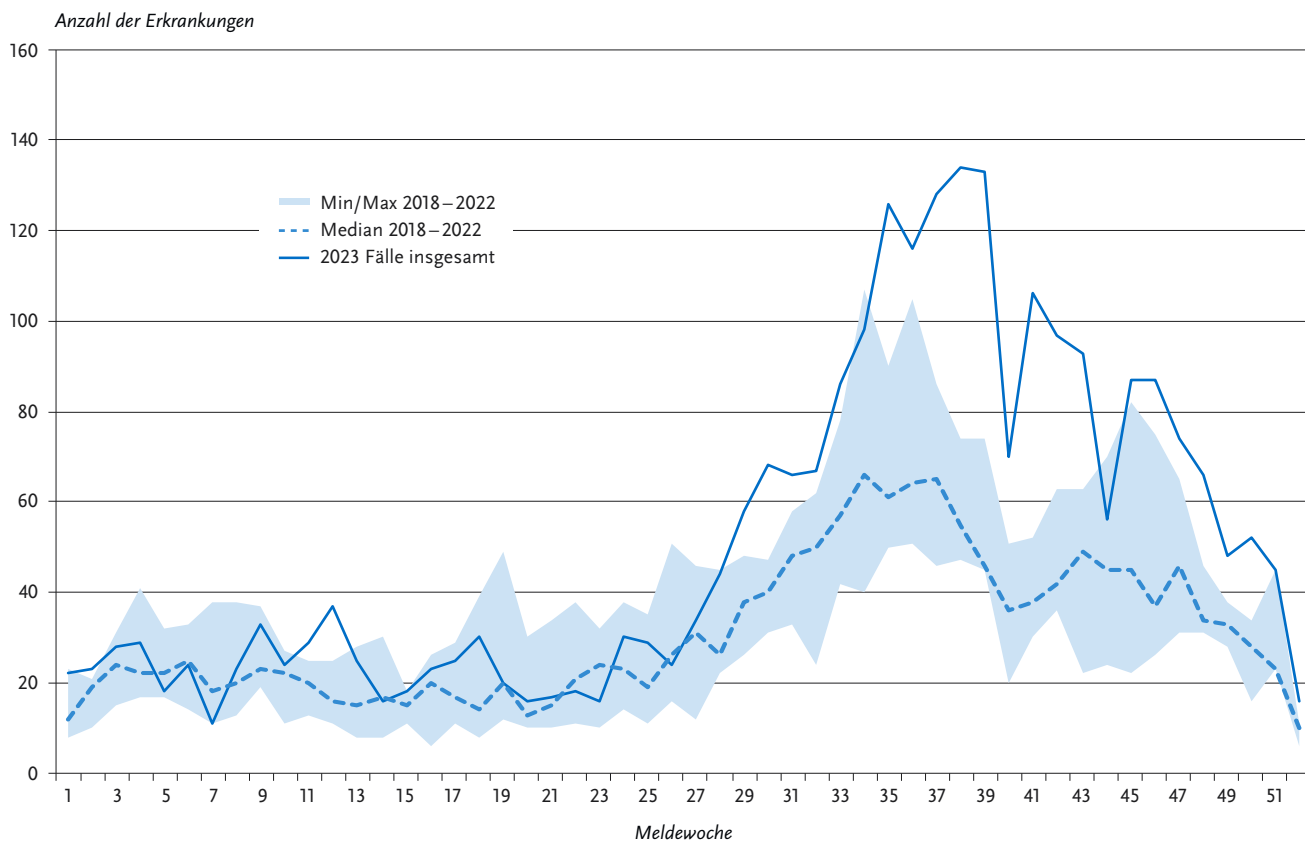
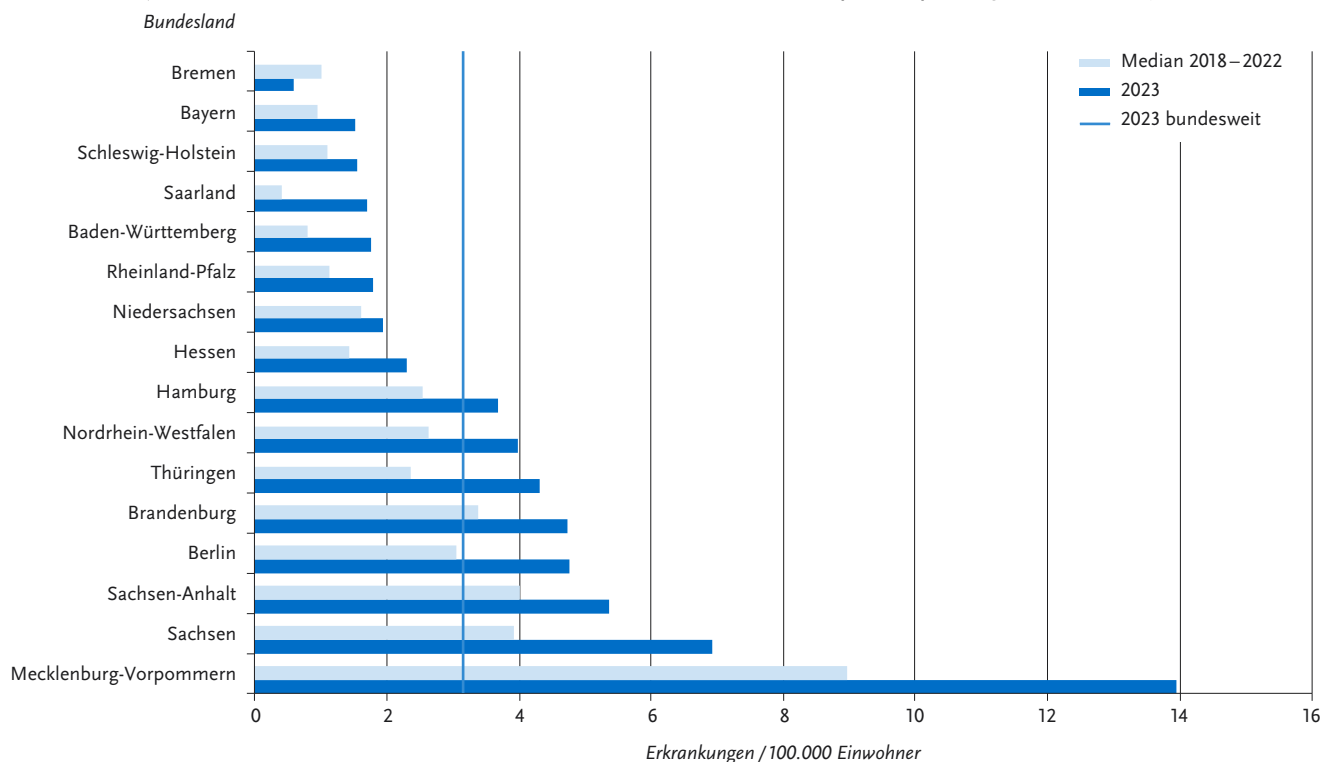


Abb. 6.33.2:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=2.663) im Vergleich mit den Vorjahren



Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern im Alter von ein bis 9 Jahren auf (s. Abb. 6.33.3). Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (13,4 bzw. 17,7 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 53 % der Erkrankten waren weiblich; dementsprechend war die Inzidenz bei weiblichen Personen höher als bei männlichen (3,3 bzw. 3,0). Außer bei den Kindern unter einem Jahr war die Inzidenz bei Jungen unter 15 Jahren höher als bei Mädchen. In fast allen älteren Altersgruppen dagegen war die Inzidenz bei weiblichen Personen höher als bei männlichen. Nur bei den 40- bis 49-Jährigen war die Inzidenz bei Frauen und Männern etwa gleich. In der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen (4,8) mehr als doppelt so hoch wie bei den Männern (2,1).

Klinische Aspekte

Bei allen übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 93 % der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 76 % der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2023 wurde kein Kryptosporidiose-Fall als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 47 Ausbrüche mit insgesamt 123 Erkrankungen übermittelt (2022: 11 Ausbrüche mit 26 Erkrankungen). Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Aus-

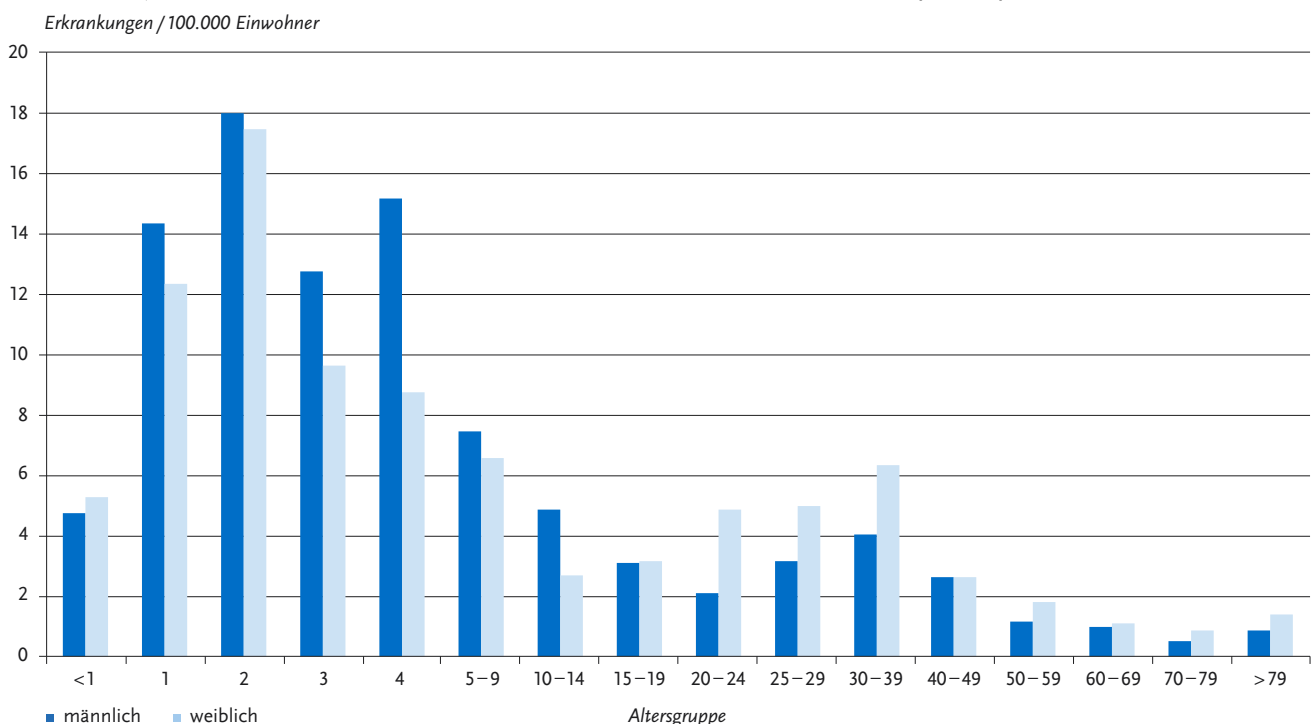
brüchen auftraten, betrug knapp 5 %. Im Jahr 2023 wurde kein Ausbruch mit 5 oder mehr Fällen übermittelt. Acht Ausbrüche umfassten jeweils 4 Erkrankungen. Vier dieser 8 Ausbrüche standen mit einer Auslandsreise der Erkrankten in Zusammenhang. Bei 3 der 4 anderen Ausbrüche wurde eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung als wahrscheinlich angesehen; einmal blieb der Ausbruchstyp unbekannt. Die übrigen Ausbrüche wurden mit jeweils 3 Erkrankungen (13 Ausbrüche) oder 2 Erkrankungen (26 Ausbrüche) übermittelt.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass vor allem bei erwachsenen Personen mit Durchfallsymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet wird und dementsprechend von einer 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. Die Zunahme der Kryptosporidiose-Fälle im Jahr 2023 könnte mit der Zunahme der Anwendung von sogenannten Multiplex-PCR-Panels in der Primärdiagnostik von gastrointestinalen Infektionen in Zusammenhang stehen.

Abb. 6.33.3:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=2.659)



Fazit

Während in den Jahren 2015 bis 2019 zwischen 1.700 und 2.000 Fälle übermittelt worden waren (Median: 1.810), wurden in den Jahren 2020 (1.193) und 2021 (1.514), vermutlich pandemiebedingt, deutlich weniger Fälle verzeichnet, vor allem bei reiseassoziierten Erkrankungen. Im Jahr 2022 wurde sowohl im Vergleich zum Vorjahr als auch zum Median des vorpandemischen Vergleichszeitraums 2015 bis 2019 eine deutliche Zunahme der Fallzahlen beobachtet, die sich im Jahr 2023 weiter fortgesetzt hat. Die Zahl der übermittelten Erkrankungen war im Jahr 2023 (2.663) deutlich höher als in den vorpandemischen Jahren (Median: 1.810). Auch der Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen ist im Jahr 2023 weiter gestiegen.

Literaturhinweise

Cacciò SM, Chalmers RM: *Human cryptosporidiosis in Europe*. Clin Microbiol Infect 2016;22(6). <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2016.04.021>

Schoeps A, Röbl K, Walter N et al.: *Increased number of cryptosporidiosis cases with travel history to Croatia might be related to swimming pools, Germany, 2023*. Eurosurveillance 2024;29(1). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.1.2300699>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2020. www.rki.de/ratgeber

6.34 Läuserückfallfieber

- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 0
- ▶ Erkrankung durch *Borrelia recurrentis*
- ▶ Übertragen durch Kleiderläuse
- ▶ Zuletzt 2016 fünf Fälle bei Asylsuchenden in Deutschland

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 2023 wurden keine Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt. Im Jahr 2016 waren es 5, im Jahr 2015 45 Erkrankungen; dabei handelte es sich um Asylsuchende vom Horn von Afrika, die über Libyen nach Europa eingereist waren. Davor wurde in den Jahren 2002 und 2004 jeweils eine Erkrankung an Läuserückfallfieber erfasst.

Läuserückfallfieber ist endemisch in Äthiopien, Eritrea, Somalia und im Sudan, tritt jedoch vor allem in Form von saisonalen Ausbrüchen auf. Obwohl auch in den Jahren nach 2016 Asylsuchende aus diesen Ländern nach Deutschland gekommen sind, wurden nur 2015 und 2016 Erkrankungen in Deutschland gemeldet.

Fazit

Läuserückfallfieber kommt momentan in Deutschland nicht vor.

Literaturhinweise

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;10(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004522>

Fingerle V, Ackermann N, Beltig A, et al.: *Zur aktuellen Situation des Läuserückfallfiebers*. Hyg Med 2016;41(11).

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;20(42). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2015.20.42.30046>

Warrell DA: *Louse-borne relapsing fever (Borrelia recurrentis infection)*. Epidemiol Infect 2019;147. <https://doi.org/10.1017/S0950268819000116>

6.35 Legionellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **2.162**
- ▶ Mit 32,6 % deutlicher Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr (1.457 Fälle); höchster registrierter Wert seit IfSG-Einführung
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Erwachsenen – insbesondere Männern – ab einem Alter von 50 Jahren
- ▶ Saisonaler Verlauf mit deutlich höheren Erkrankungszahlen in den Sommer- und Herbstmonaten (3. Quartal)
- ▶ Erkrankungen hauptsächlich im privaten/beruflichen Umfeld erworben (75 %)
- ▶ Anteil reiseassoziierten Erkrankungen mit 19 % wieder auf dem Niveau vorpandemischer Jahre

Kurzbeschreibung

Die Legionellose ist eine Atemwegserkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Legionella* hervorgerufen wird. Als virulenzassoziiert gelten Legionellen der Spezies *Legionella pneumophila* Serogruppe 1, die einem MAb 3/1-positiven Subtyp angehören (dazu zählen die MAb-Subtypen: Knoxville, Benidorm, Philadelphia und Allentown/France). Man unterscheidet zwei typische Krankheitsbilder: Pontiac-Fieber, welches durch Fieber, Husten und Muskelschmerzen charakterisiert ist, und die Legionärskrankheit, die mit einer Lungenentzündung (Pneumonie) einhergeht. Als Risikogruppen gelten Immungeschwächte, Personen mit chronischen Erkrankungen der Lunge bzw. des Herzens sowie ältere Menschen; besonders gefährdet sind Rauchende. Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerrhaltiger 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. 6.35.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit der Referenzdefinition, das Pontiac-Fieber nicht.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 2.162 Legionellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (1.457 Erkrankungen) wurden somit 705 Erkrankungen mehr registriert, was einer deutlichen Erhöhung der Fallzahlen um fast ein Drittel (32,6 %) entspricht. Seit Einführung des IfSG wurde damit im Jahr 2023 die bisher höchste Zahl an Fällen registriert. Die Erkrankungszahlen sind in erster Linie auf im privaten/beruflichen Umfeld erworbene Fälle zurückzuführen. Aber auch die reiseassoziierten Fälle sind nach dem Rückgang während der COVID-19-Pandemie wieder angestiegen und machen – ähnlich wie sonst auch – wieder einen Anteil von knapp 20 % aus.

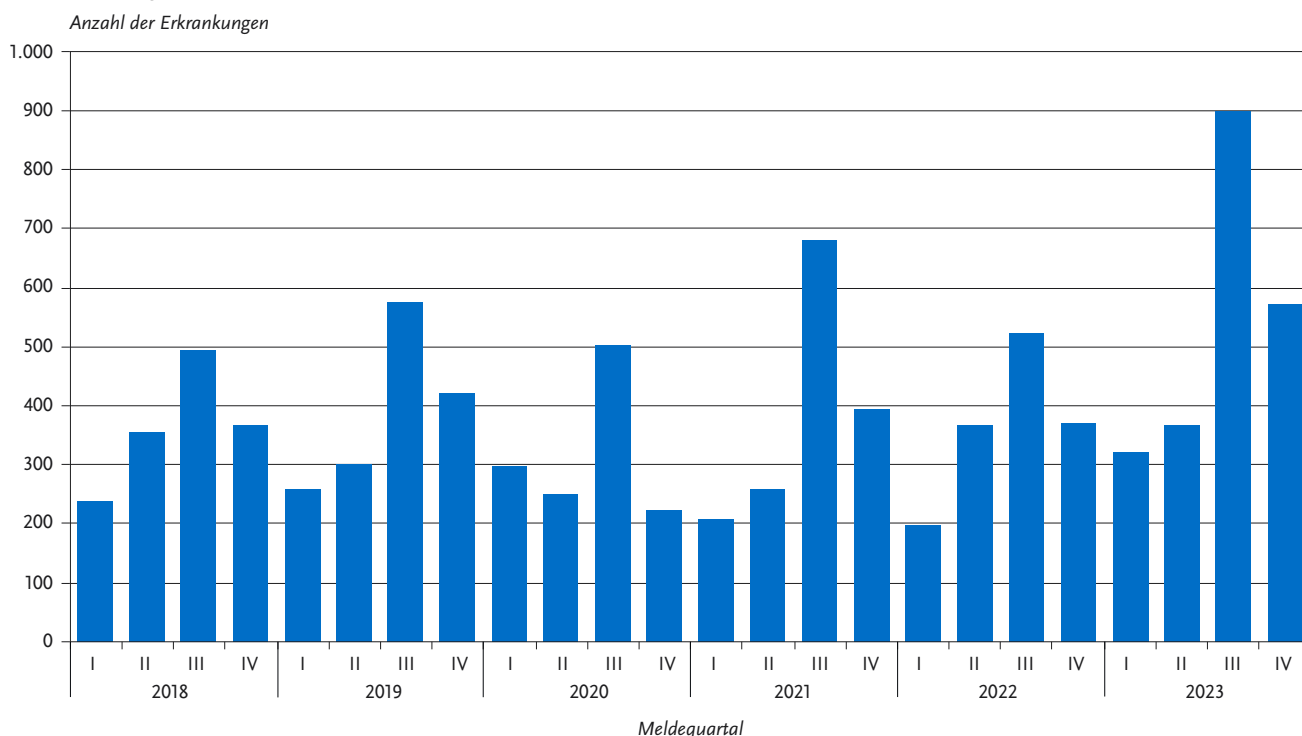
Wie in jedem Jahr weist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen einen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im III. Quartal auf (s. Abb. 6.35.1). Mit insgesamt 901 Fällen war der saisonale Höhepunkt im III. Quartal im Vergleich zu den Vorjahren besonders deutlich ausgeprägt.

Die höheren Erkrankungszahlen in den Sommermonaten sind generell sowohl auf im privaten und beruflichen Umfeld erworbene als auch auf reiseassoziierte Legionellosen zurückzuführen. Bei ersteren spielen vermutlich höhere Wassertemperaturen sowie höhere Lufttemperaturen in Verbindung mit einem feuchten, niederschlagsreichen Klima eine Rolle, da diese Faktoren das Wachstum von Legionellen in der Umwelt begünstigen. Die relativ feuchten und warmen Wetterbedingungen im Sommer 2023 könnten mit dem besonders ausgeprägten Peak im 3. Quartal in Verbindung stehen. Bei reiseassoziierten Legionellosen sind dagegen eine vermehrte Reiseaktivität in

Tab. 6.35.1:
Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.457	81 %	2.160	84 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	209	12 %	293	11 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	143	8 %	131	5 %
alle	1.809	100 %	2.586	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.457	81 %	2.162	84 %

Abb. 6.35.1:
Übermittelte Legionellose nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023



den Sommerferien und die damit verbundenen Infektionsrisiken (z. B. Aufenthalte in Hotels oder anderen Reiseunterkünften) von Bedeutung.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 2,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und zeigt damit gegenüber dem Vorjahr (Inzidenz 1,7) einen deutlichen Anstieg. In allen 16 Bundesländern war die Inzidenz im Jahr 2023 im Vergleich zum

Median der vergangenen 5 Jahre zum Teil deutlich angestiegen. Die höchste Inzidenz wurde mit 3,8 Erkr/100.000 Einw. in Hamburg registriert (s. Abb. 6.35.2). Hier ist die Inzidenz im Vergleich zum Median der vergangenen fünf Jahre (1,0 Erkr/100.000 Einw.) um fast das vierfache angestiegen. Ebenfalls sehr hohe Inzidenzen wurden in Bremen und Berlin übermittelt.

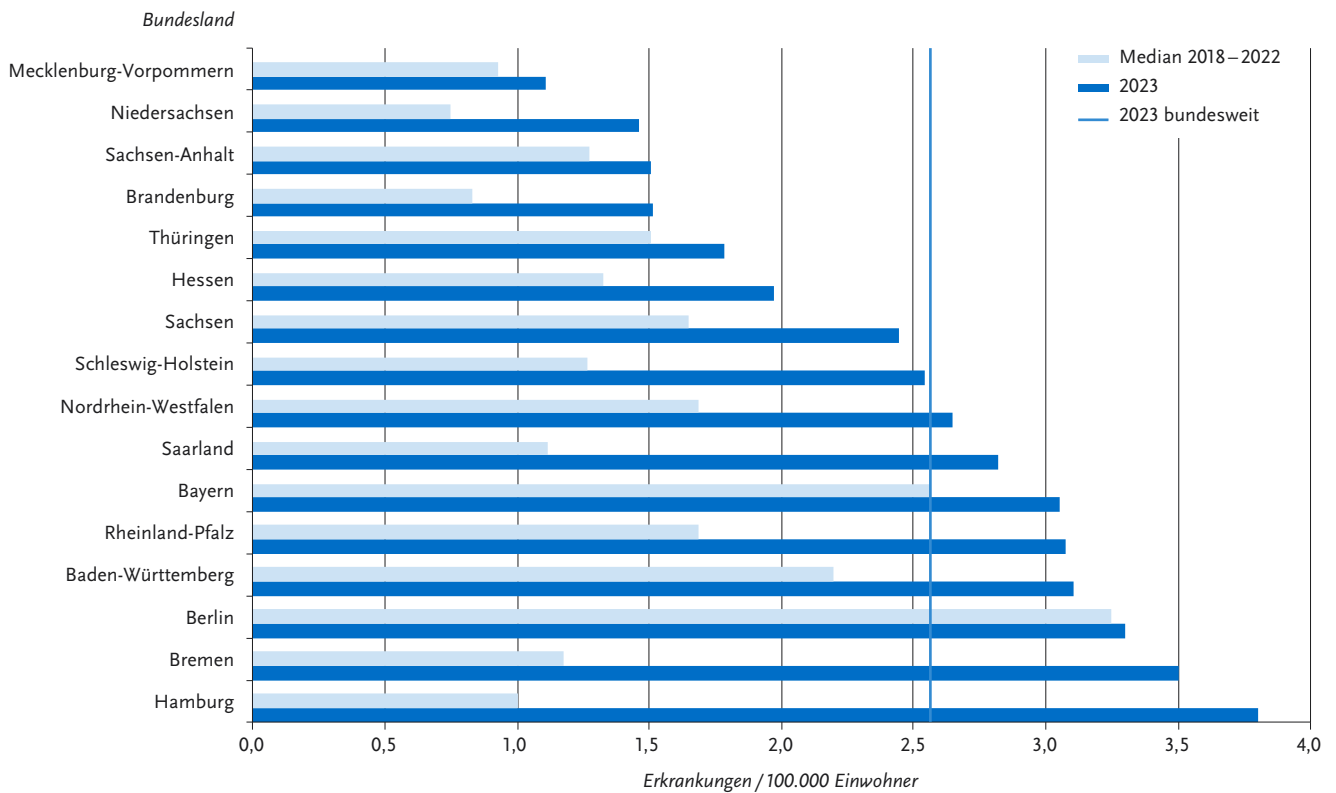
Vergleichsweise niedrigere Inzidenzen wurden in Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Niedersachsen und in Mecklenburg-Vorpommern registriert (s. Abb. 6.35.2).

Bei 1.394 (64 %) der 2.162 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland 75 % (1.127 von 1.495) der Nennungen entfielen. Das nach Deutschland mit Abstand am häufigsten angegebene Land war – wie im vergangenen Jahr – Italien mit insgesamt 102 Nennungen, gefolgt von der Türkei mit 37 Nennungen (s. Tab. 6.35.2).

Tab. 6.35.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellose, Deutschland, 2023 (Mehrfachnennungen möglich, n=1.394 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.127	75 %
Italien	102	7 %
Türkei	37	2 %
Österreich	26	2 %
Griechenland	20	1 %
Spanien	17	1 %
Kroatien	16	1 %
Vereinigte Arabische Emirate	14	1 %
Thailand	10	1 %
Frankreich	10	1 %
Andere	116	8 %
Summe	1.495	100 %

Abb. 6.35.2:
Übermittelte Legionellose pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=2.162) im Vergleich mit den Vorjahren

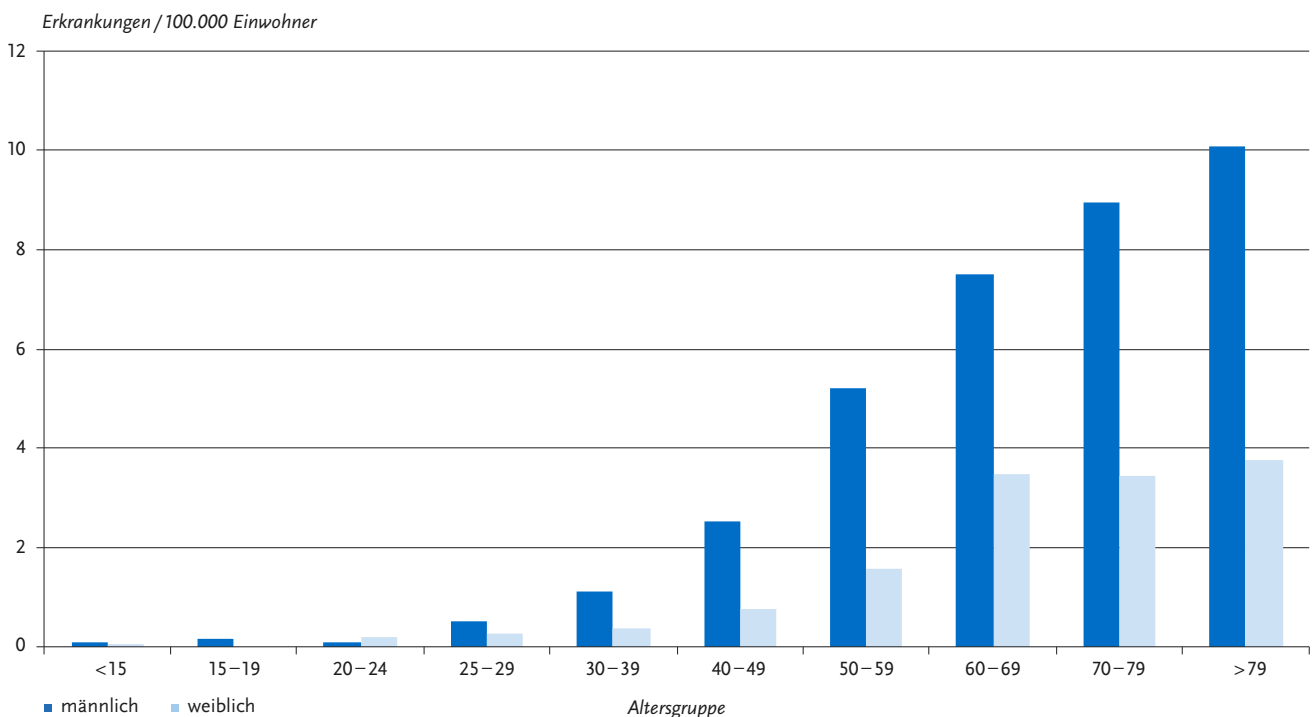


Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere im höheren Alter – übermittelt, während Kinder und Erwachsene bis zu einem Alter von 39 Jahren nur geringfügig betroffen waren. Die altersgruppenspezifische Inzidenz stieg bei Männern mit zunehmendem Alter an.

Auch bei Frauen wurden die höchsten Inzidenzen in den höheren Altersgruppen ab 60 Jahren beobachtet (s. Abb. 6.35.3). Der Altersmedian aller Erkrankten lag bei 65 Jahren. Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern fast zweieinhalbmal so hoch wie bei Frauen (Inzidenz 3,6 vs. 1,5 Erkr./100.000 Einwohner).

Abb. 6.35.3:
Übermittelte Legionellose pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=2.161)



Klinische Aspekte

Von 2.160 übermittelten Erkrankungen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 113 Patienten (78 Männer, 35 Frauen) an den Folgen der Legionärskrankheit. Dies entspricht einer Letalität von 5,2 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität somit gesunken (2022: Letalität 6,6 %; 96 Todesfälle unter 1.454 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

Nachgewiesene Erreger

Für 2.128 (98 %) der 2.162 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 349 (16 %) Erkrankungen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 1.779 der 2.128 Erkrankungen (84 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon wurden 1.764 Erkrankungen (99 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet. Insgesamt 6 Erkrankungen wurden von der Spezies *L. longbeachae* und 2 durch *L. anisa* verursacht. Für 4 Erkrankungen wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt. Und in 3 weiteren Fällen wurde die allgemeine Angabe »andere/sonstige« übermittelt.

Von den 1.764 *L. pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 1.083 (61 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 1.049 Erkrankungen (97 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor: Die Serogruppe 2 wurde 3-mal und die Serogruppen 3 und 10 jeweils einmal genannt. Bei 26 Erkrankungen (gut 2 %) wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (21 Fälle mit einem Serumpool inklusive Serogruppe 1 und 5 Fälle mit einem Serumpool exklusive Serogruppe 1). In 3 Fällen wurde lediglich die Angabe »*Legionella pneumophila*, andere Serogruppe« übermittelt.

Von den insgesamt 1.049 Fällen mit der Angabe »*Legionella pneumophila* Serogruppe 1 wurden in 72 Fällen (7 %) auch weiterführende Ergebnisse zum vorliegenden MAb-Typ übermittelt: Mit 22 Fällen (31 %) wurde Knoxville am häufigsten registriert gefolgt von Allentown/France (13 Fälle; 18 %). Die MAb 3/1 positiven-Typen Benidorm und Philadelphia wurden jeweils 5-mal genannt (je 7 %) und in 7 Fällen (10 %) lag nur die Angabe vor, dass der Erreger MAb 3/1 positiv war jedoch ohne weitere Spezifizierung des konkreten MAb-Typen. MAb 3/1 negative Stämme wurden 10-mal (14 %) registriert: Bellingham (5 Fälle), OLDA (4 Fälle) und Camperdown (1 Fall). In weiteren 10 Fällen (14 %) wurde nur die Angabe »andere/sonstige« übermittelt. Somit waren 52 (72 %) der 72 Fälle mit konkret benanntem MAb-Typ oder MAb-Subtyp mit einem MAb 3/1-positiven Stamm infiziert.

Infektionsquellen

Von insgesamt 2.162 Erkrankungen konnten 1.305 (60 %) anhand konkreter Angaben einer der möglichen Expositionskategorien (Krankenhaus oder andere medizinische Einrichtung; Pflegeeinrichtung; reiseassoziiert; privater/beruflicher Bereich), in deren Umfeld die Infektion möglicher-

weise erfolgt ist, zugeordnet werden. Für 857 (knapp 40 %) der 2.162 Erkrankungen 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 (von den 1.305 Fällen mit Angaben zur Expositionskategorie) weitere 751 Fälle (knapp 35 %) mit der expliziten Angabe »privates/berufliches Umfeld« übermittelt wurden, steht mit insgesamt 1.608 Fällen (74 %) die Exposition im privaten und beruflichen Umfeld an erster Stelle. An zweiter Stelle folgten reiseassoziierte Erkrankungen bei Personen, die sich im Zeitraum der wahrscheinlichen Infektion (Expositionsperiode) in einem Hotel oder einer ähnlichen Reiseunterkunft übernachtet hatten (418 Erkrankungen; 19 %). Bei 61 Erkrankungen (3 %) wurde ein Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben und bei 18 weiteren Erkrankten (1 %) der Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung wie beispielsweise einer Reha- oder Kurklinik. Bei 44 Erkrankungen (2 %) lag ein Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung vor und in 13 Fällen (1 %) wurde zum möglichen Expositionsort die Angabe »andere/sonstige« übermittelt.

Mit 74 % ist der Anteil der Erkrankungen die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, im Vergleich zum Vorjahr (73 %) weitgehend unverändert geblieben, wenngleich die absoluten Fallzahlen zugenommen haben (1.608 Fälle vs. 1.059 Fälle im Jahr 2022). Der Anteil der reiseassoziierten Fälle, der sich während der COVID-19-Pandemie (2020) aufgrund der seinerzeit bestehenden Reisebeschränkungen praktisch halbiert hatte, liegt mit einem Anteil von 19 % (418 Fälle; Vorjahr: 22 %, 323 Fälle) wieder auf dem Niveau vorpandemischer Jahre, wo der Anteil der reiseassoziierten Fälle jährlich bei etwa 20 % lag.

Der Anteil der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen ist mit 2,8 % gegenüber dem Vorjahr (1,9 %) leicht gestiegen, wobei sich die absoluten Fallzahlen dabei von 27 auf 61 Fälle nahezu verdoppelt haben. Gleiches gilt auch für Erkrankungen im Zusammenhang mit einem Aufenthalt in einer »anderen medizinischen Einrichtung« – wie beispielsweise einer Reha-Klinik. Auch hier haben sich die Fallzahlen – wenngleich auf insgesamt niedrigem Niveau – von 9 auf 18 Fälle im Jahr 2023 verdoppelt.

Bei Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung lag der Anteil 2023 bei 2,0 % und blieb damit im Vergleich zum Vorjahr (2,1 %) weitgehend stabil (44 vs. 31 Fälle).

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden dem RKI 18 Häufungen mit insgesamt 90 bestätigten Fällen übermittelt. Es handelte es sich dabei überwiegend um kleinere – meist reiseassoziierte – Cluster mit jeweils 2 bis 4 Erkrankungen. Zwei Häufungen umfassten jeweils 5 Fälle. Dabei handelte es sich einmal um eine reiseassoziierte Häufung im Zusammenhang mit einer Unterkunft in Italien, in der sich die Erkrankten während des Expositionszeitraums in den 2 bis 10 Tagen vor Erkranken

kungsbeginn aufgehalten hatten. Bei der anderen Häufung wurde als Ursache ein nosokomiales Geschehen in einem Krankenhaus vermutet. Ferner wurde ein größeres Geschehen mit insgesamt 37 Fällen registriert. Die assoziierten Fälle hatten eine Exposition zu einem kontaminierten Rückkühlwerk, welches als wahrscheinliche Infektionsquelle identifiziert werden konnte. Zu einer weiteren Häufung mit jeweils 12 assoziierten Fällen wurde keine Infektionsquelle übermittelt.

Datenqualität

Auch wenn die registrierten Fallzahlen im vergangenen Jahr deutlich angestiegen sind, ist nach wie vor davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen nur einen Bruchteil der tatsächlichen Erkrankungen repräsentieren. Da das klinische Bild allein keine Rückschlüsse auf den ursächlichen Erreger einer Lungenentzündung zulässt, kann dieser nur durch eine spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden. Es ist jedoch anzunehmen, dass in der Praxis nach wie vor zu selten eine entsprechende Legionellen-Diagnostik veranlasst wird und daher viele Erkrankungen nicht als solche erkannt werden. Gemäß einer Studie des deutschen Kompetenznetzwerks für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) aus dem Zeitraum 2002 bis 2008 wurde die jährliche Zahl der Legionärskrankheit auf etwa 15.000 bis 30.000 Fälle geschätzt.

Auch wenn *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1 in Europa die am häufigsten identifizierte Spezies und Serogruppe für Fälle von Legionärskrankheit ist, wird die Häufigkeit der Spezies und Serogruppe vor allem durch die in der klinischen Praxis vorwiegende Verwendung von Urin-Antigentests beeinflusst, die speziell auf den Nachweis von *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1 ausgerichtet sind. Die häufigere Verwendung anderer diagnostischer Verfahren, z. B. einer PCR auf das Genus *Legionella* aus Sputum oder anderen tiefen Atemwegsproben, könnte möglicherweise ein vielschichtigeres epidemiologisches Erregerprofil von Legionellen zeigen.

Nach wie vor lückenhaft und daher nur eingeschränkt aussagekräftig sind die Angaben zu Expositionen während der Inkubationszeit, die als mögliche Infektionsursachen in Frage kommen. Hier wurden 2023 lediglich in 60 % der Fälle konkrete Angaben gemacht. Im Vergleich zum Vorjahr (59 %) hat sich hier keine nennenswerte Verbesserung ergeben.

Seit 2019 besteht die Möglichkeit, Informationen zur Trinkwasserinstallation, aber auch zu Ergebnissen früherer sowie aktueller (anlassbezogener) Wasseruntersuchungen bzgl. der vermuteten Infektionsquellen, in die Meldesoftware einzugeben und zu übermitteln. Auch hier sollten nach Möglichkeit die Informationen vom Gesundheitsamt erfasst und übermittelt werden, einschließlich der Angaben zum Erreger (Mab-3/1 positiver Stamm?) – v. a., sofern *L. pneumophila* Serogruppe 1 in der vermuteten Quelle nachgewiesen wurde.

Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle bei gleichzeitig nicht erfülltem bzw. unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorien D und E) lag 2023 bei 16 %

(424 Fälle) und ist damit gegenüber dem Vorjahr (20 %) leicht gesunken. Er liegt aber weiterhin über dem Niveau früherer Jahre (2017 bis 2019), als dieser Anteil zwischen 11 % und 13 % lag. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis auf eine bestehende Arbeitsbelastung in den Gesundheitsämtern sein, so dass die notwendigen Recherchen zur Abklärung der klinischen und weiteren epidemiologisch relevanten Angaben nicht immer durchgeführt werden konnten.

Fazit

Die Legionärskrankheit kommt insbesondere bei Erwachsenen vor, wobei die Inzidenz mit zunehmendem Alter ansteigt. Männer haben dabei ein höheres Erkrankungsrisiko als Frauen. Nach den vorliegenden Daten wird die Legionärskrankheit hauptsächlich im privaten und beruflichen Umfeld erworben oder im Rahmen einer Reise und den damit verbundenen Aufenthalten in entsprechenden Reiseunterkünften. Aber auch der stationäre Aufenthalt in einem Krankenhaus oder einem Pflegeheim kann – insbesondere für ältere Menschen mit vorhandenen Grunderkrankungen oder einem geschwächten Immunsystem – ein erhöhtes Infektionsrisiko darstellen. Erkrankungsfälle kommen hauptsächlich sporadisch vor, größere Häufungen sind vergleichsweise selten.

Nachdem die Zahlen im Jahr 2020 – wahrscheinlich aufgrund der COVID-19-Pandemie und dem damit verbundenen Rückgang durchgeführter Reisen – deutlich gesunken waren, wurde 2023 ein deutlicher Anstieg der Fallzahlen beobachtet und erstmals seit Inkrafttreten des IfSG über 2.000 Fälle übermittelt. Dies war hauptsächlich auf eine Zunahme der im privaten bzw. beruflichen Umfeld erworbenen Erkrankungen zurückzuführen. In diesem Zusammenhang könnten verändernde klimaassoziierte Umwelt- und Wetterbedingungen zunehmend eine Rolle spielen.

Bei einer Lungenentzündung sollte differentialdiagnostisch immer auch die Legionärskrankheit in Betracht gezogen und insbesondere für die im Krankenhaus erworbenen Pneumonien eine entsprechende Diagnostik veranlasst werden, um schwere Verläufe mittels adäquater und frühzeitiger Antibiotika-Therapie sowie weitere Fälle zu verhindern.

Die Identifikation einer Infektionsquelle über den Abgleich entsprechender Stämme bei Patient und vermuteter Infektionsquelle gelingt nur selten. Wichtig und realistisch ist jedoch die Beprobung vermuteter Infektionsquellen mit dem Ziel, die Anwesenheit Mab 3/1-positiver Legionellen zu eruieren. Solche Infektionsquellen oder Infektionsquellen, zu denen schon einmal ein Fall assoziiert war, sollten eine hohe Priorität für die Sekundärprävention erhalten. In Krankenhäusern und Pflegeeinrichtungen sollte angesichts der vulnerablen Population besonders auf mögliche Fälle von Legionärskrankheit geachtet werden und schon beim Auftreten eines einzelnen Falles eine umgehende epidemiologische Untersuchung zur Aufdeckung und Beseitigung der Infektionsquelle eingeleitet werden.

Literaturhinweise

- Brodhun B, Buchholz U: *Epidemiologie der Legionärskrankheit in Deutschland – Entwicklungen in den Jahren 2010 bis 2020*. *Epid Bull* 2021;42. <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. <https://doi.org/10.25646/7195>
- Buchholz U, Altmann D, Brodhun B: *Differential seasonality of Legionnaires' disease by exposure category*. *Int J Environ Res Public Health* 2020;17(9). <https://doi.org/10.3390/ijerph17093049>
- 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;15(11). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0241724>
- Buchholz U, Lehfeld AS, Brodhun B, et al.: *Einfluss der häuslichen Trinkwasser-Installation auf das Risiko, an Legionärskrankheit zu erkranken – Ergebnisse aus der Berliner LeTriWa-Studie und den bundesweiten Meldedaten*. *Epid Bull* 2022;35. <https://doi.org/10.25646/10428>
- Buchholz U, Lehfeld AS, Jahn HJ: *Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016 – 2020 – Teil 1 (Studienmethodik)*. *Epid Bull* 2022;27. <https://doi.org/10.25646/10169>
- Buchholz U, Stöcker P, Brodhun B: *Legionnaires disease – reordered*. *Infect Control Hosp Epidemiol* 2010;31(1). <https://doi.org/10.1086/648664>
- Lehfeld AS, Buchholz U, Jahn HJ, et al.: *Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016 – 2020 – Teil 2 (Ergebnisse und Diskussion)*. *Epid Bull* 2022;28. <https://doi.org/10.25646/10170>
- 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. <https://doi.org/10.25646/9262>
- Orkis LT, Harrison LH, Mertz KJ, et al.: *Environmental sources of community-acquired legionnaires' disease: A review*. *Int J Hyg Environ Health* 2018;221(5). <https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2018.04.013>
- Phin N, Parry-Ford F, Harrison T, et al.: *Epidemiology and clinical management of Legionnaires' disease*. *Lancet Infect Dis* 2014;14(10). [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(14\)70713-3](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(14)70713-3)
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2019. www.rki.de/ratgeber
- RKI: *Leitfaden für Gesundheitsämter zur Bearbeitung von Legionellose-Fällen. Allgemeine Hinweise und Hilfestellungen*. 2024. https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/L/Legionellose/OEGD/Leitfaden.pdf?__blob=publicationFile&v=7
- von Baum H, Ewig S, Marre R, et al.: *New insights from the German Competence Network for community acquired pneumonia*. *Clin Infect Dis* 2008;46(9). <https://doi.org/10.1086/586741>
- von Baum H, Lück C: *Ambulant erworbene Legionellenpneumonie*. *Bundesgesundheitsbl* 2011;54. <https://doi.org/10.1007/s00103-011-1287-0>

6.36 Lepra



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 3
- Klinisches Bild: 1 lepromatöse Lepra, 1 tuberkuloide Lepra, 1 Borderline-Lepra.
- Für alle 3 Fälle wurde ein wahrscheinliches Infektionsland außerhalb Deutschlands angegeben.

Kurzbeschreibung

Lepra wird durch *Mycobacterium (M.) leprae* hervorgerufen. Nach einer Inkubationszeit von etwa 9 Monaten bis zu 20 Jahren können verschiedenartige klinische Symptome auftreten. Diese umfassen Hauterscheinungen und Nervenschädigungen, die zu Sensibilitätsstörungen und Lähmungen führen können. Das Frühstadium der Erkrankung wird als indeterminierte Lepra bezeichnet. Nach Art der Gewebereaktion werden lepromatöse Lepra, tuberkuloide Lepra und Übergangsformen zwischen beiden (sogenannte Borderline-Lepra) unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden 3 Erkrankungen an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt. Bezüglich des klinischen Bildes der Erkrankungen handelte es sich um jeweils einen Fall einer lepromatösen Lepra, einer tuberkuloiden Lepra und einer Borderline-Lepra. Die lepromatöse Lepra betraf eine 24-jährige Frau, bei der als wahrscheinliches Infektionsland die Philippinen angegeben waren. Die tuberkuloide Lepra wurde bei einem 32-jährigen Mann diagnostiziert, der vermutlich in Kamerun exponiert war. An Borderline-Lepra erkrankte ein 51-jähriger Mann, bei dem als wahrscheinliches Infektionsland Indonesien angegeben war.

Im Vorjahr waren 3 Erkrankungen an Lepra übermittelt worden, 2 mit dem klinischen Bild einer lepromatösen Lepra und eine Erkrankung mit dem klinischen Bild einer Borderline-Lepra.

Fazit

Bei der Lepra handelt es sich um eine in Deutschland sehr selten übermittelte Erkrankung (im Median der vergangenen zehn Jahre eine Erkrankung jährlich). Wurde ein wahrscheinlicher Expositionsort angegeben, so lag dieser bei den bislang übermittelten und die Referenzdefinition erfüllenden Fällen – wie auch im Jahr 2023 – immer außerhalb Deutschlands.

Literaturhinweise

- Fastenau A, Friedl C, Kasang C: *Stigmatisierung beenden und Würde anerkennen: Von Herausforderungen und Hoffnungen zum Welt-Lepra-Tag 2024*. *Epid Bull* 2024;5. <https://doi.org/10.25646/11906>

Fastenau A, Kreibich S, Kasang C: *Mit vereinten Kräften Lepra beenden!* Epid Bull 2023;3. <https://doi.org/10.25646/10979.2>

Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023.* Epid Bull 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>

RKI: *Lepra.* <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/L/Lepra/lepra-node.html>

6.37 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 235
- ▶ Fallzahlen deutlich höher als im Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Frauen zwischen 20 und 24 Jahren
- ▶ Etwa 63 % 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, grippe-ähnliche Erkrankung, jedoch treten auch lebensbedrohliche Formen mit Blutungsneigung (Hämorrhagien), Leber- und Nierenversagen (Morbus Weil) auf.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.37.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 235 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

entsprach. Die Anzahl der Erkrankungen war damit deutlich höher als im Vorjahr. Die Anzahl variiert stark von Jahr zu Jahr, langfristig scheint es jedoch 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. 6.37.1).

Geografische Verteilung

Erkrankungen traten in allen Bundesländern, mit der Ausnahme von Sachsen-Anhalt, auf, wobei die Inzidenzen von 0,1 Erkr./100.000 Einw. in Thüringen und Bremen bis zu 0,5 Erkr./100.000 Einw. in Mecklenburg-Vorpommern variierten. Für 182 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 197 Nennungen). Deutschland wurde bei 63 % der Nennungen als Infektionsland angegeben (2022: 64 %). Die meisten Erkrankungen mit Angabe eines Infektionslands außerhalb von Deutschland wurden in Asien (23 Nennungen) und Amerika (10) erworben.

Demografische Verteilung

Insgesamt waren 156 Erkrankte (66 %) männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen mit einer Inzidenz von über 0,6 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Bei den Frauen war die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen am stärksten betroffen (0,6 Erkr./100.000 Einw.). Im Jahr 2023 wurden 11 Erkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren (4 Mädchen und 7 Jungen) übermittelt.

Klinische Aspekte

Für 230 Leptospirose-Erkrankungen (98 %) wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 551 Nennungen). Am häufigsten waren dies Fieber (72 % der Erkrankungen) und allgemeine Krankheitszeichen (63 % der Erkrankungen). Bei 34 % der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 21 % Ikterus, bei 20 % Husten und bei 15 % Dyspnoe übermittelt. Des Weiteren wurden bei 5 % der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 5 % Hämorrhagien und bei 3 % eine Myokarditis übermittelt. Es wurde ein Todesfall im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt.

Tab. 6.37.1:
Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	154	75 %	234	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	18	9 %	39	13 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	32	16 %	26	9 %
alle	204	100 %	300	100 %
Referenzdefinition (B+C)	154	75 %	235	78 %

Abb. 6.37.1:
Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

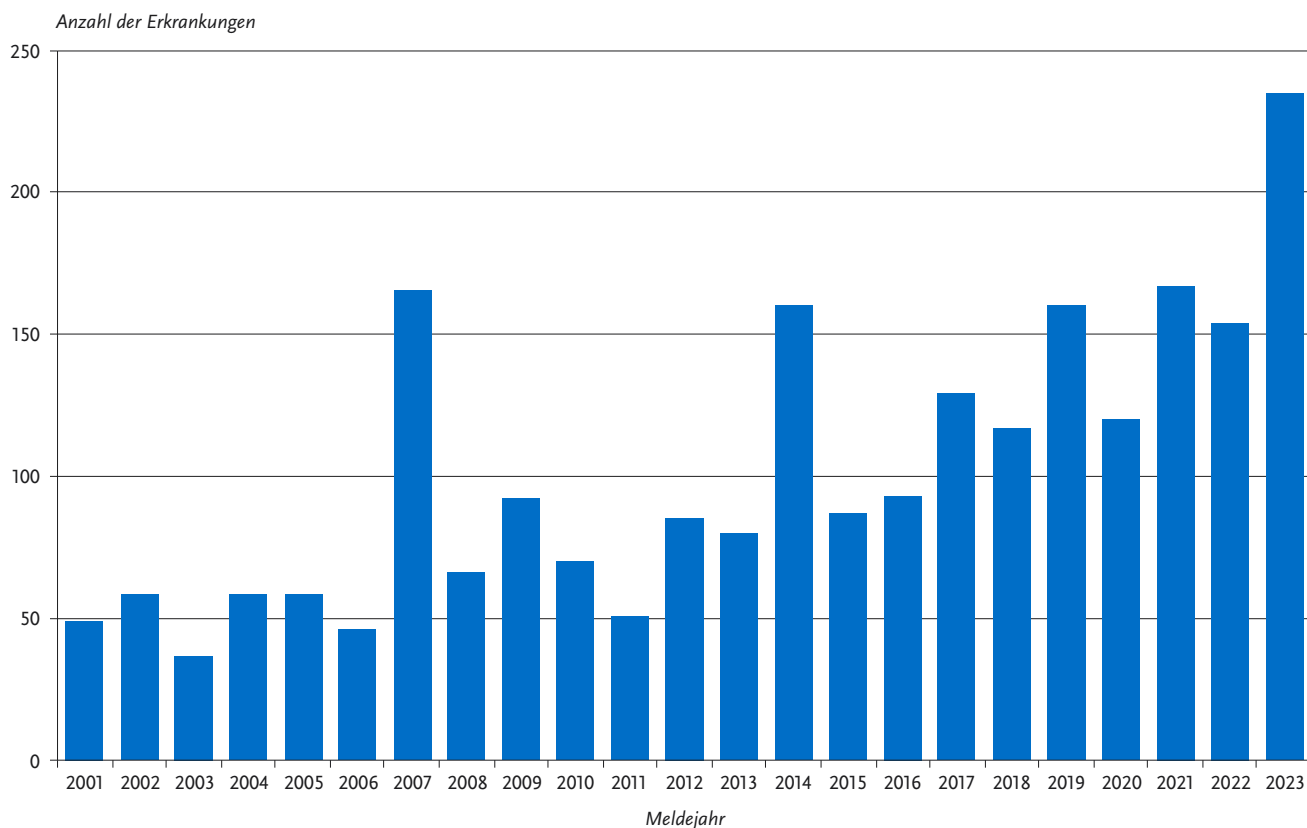


Abb. 6.37.2:
Übermittelte Leptospirosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=235) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2018 – 2022)

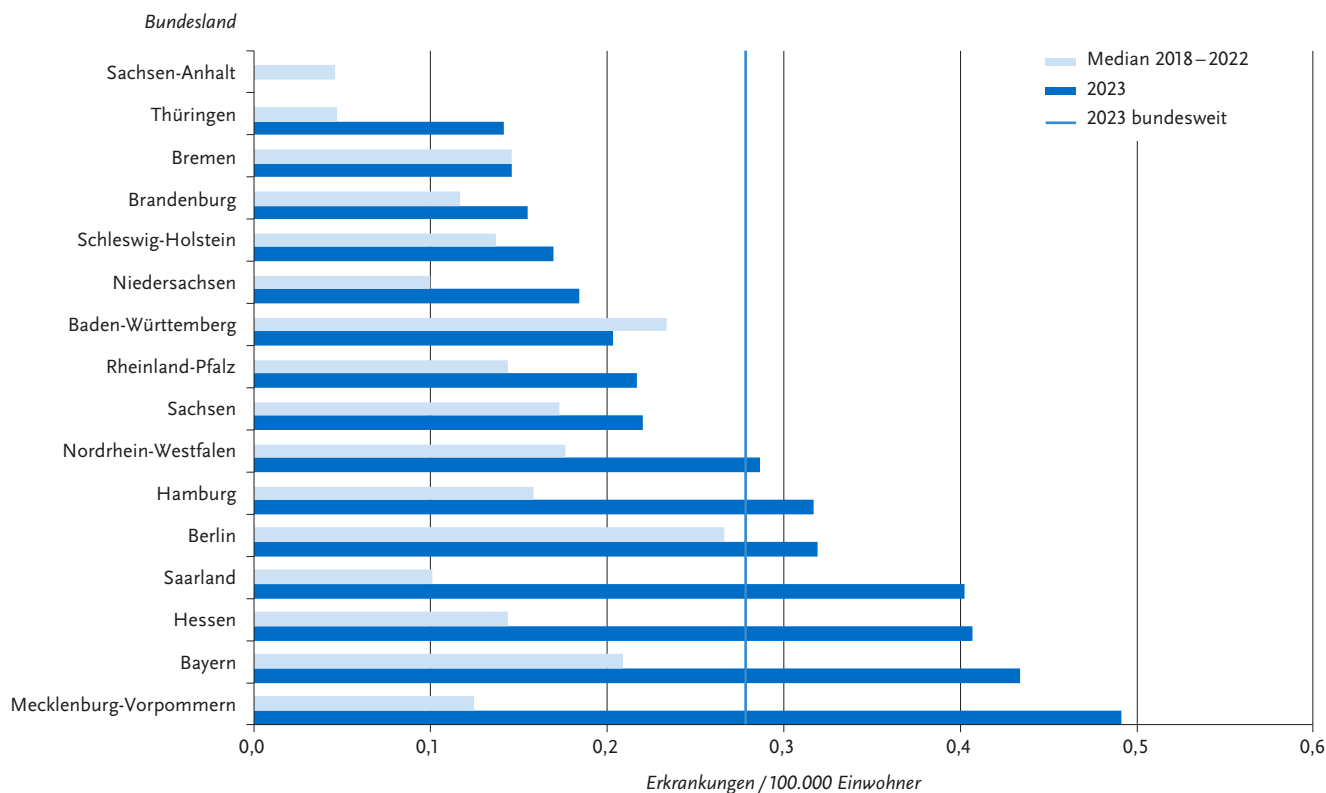
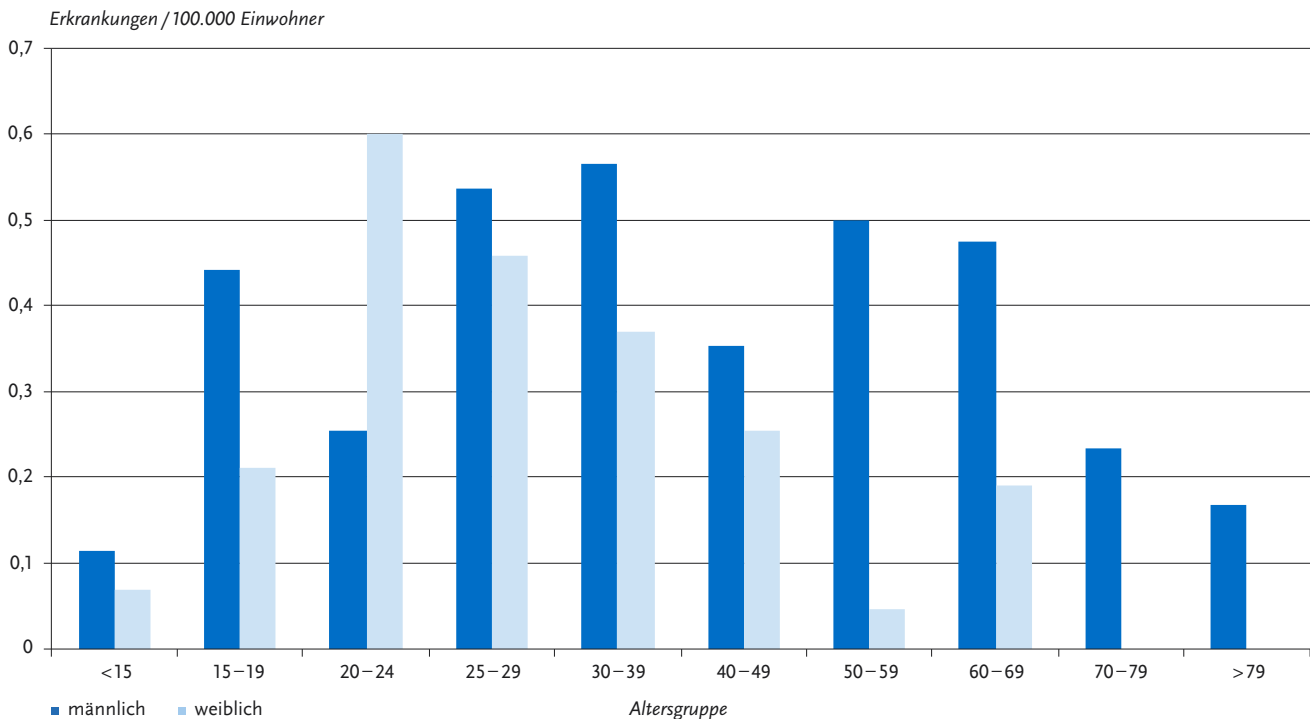


Abb. 6.37.3:
Übermittelte Leptospirosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=235)



Nachgewiesene Erreger

Bei 4 Erkrankungen lagen Angaben zu einem Serovar vor. Das Serovar Icterohaemorrhagiae wurde bei 3 gemeldeten Fällen ermittelt, das Serovar Pyrogenes bei einem Fall.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Fällen übermittelt.

Datenqualität

Bei den übermittelten Erkrankungen ist nur selten eine 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 167 Erkrankungen pro Jahr (Median 142 Erkrankungen) mit einem längerfristig zunehmenden Trend. Im Jahr 2023 wurde erstmals die 200er Marke der übermittelten Fälle überschritten.

Der Anteil von Meldungen reiseassoziiierter Leptospirosen im Jahr 2023 ist vergleichbar mit den Anteilen im Vorjahr und in den Vorpandemiejahren.

Literaturhinweise

- Beauté J, Innocenti F, Aristodimou A, et al.: *Epidemiology of reported cases of leptospirosis in the EU/EEA, 2010 to 2021*. Eurosurveillance 2024;29(7). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.7.2300266>
- Brockmann, S O, Ulrich L, Piechotowski I, et al.: *Risk factors for human Leptospira seropositivity in South Germany*. SpringerPlus 2016;5(1). <https://doi.org/10.1186/s40064-016-3483-8>
- Fischer S, Mayer-Scholl A, Imholt C, et al.: *Leptospira Genomespecies and Sequence Type Prevalence in Small Mammal Populations in Germany*. Vector Borne Zoonotic Dis 2018;18(4). <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2140>
- Jansen A, Schöneberg I, Frank C, et al.: *Leptospirosis in germany, 1962 – 2003*. Emerging infectious diseases 2005;11(7). <https://dx.doi.org/10.3201/eid1107.041172>
- Nau L H, Emirhar D, Obiegala A, et al.: *Leptospire in Deutschland: Aktuelle Erkenntnisse zu Erregerspezies, Reservoiren und Erkrankungen bei Mensch und Tier*. Bundesgesundheitsblatt Gesundheitsforschung Gesundheitsschutz 2019;62(12). <https://doi.org/10.1007/s00103-019-03051-4>
- Schmitz S, Princk C, Meyer-Schlinkmann K, et al.: *Risk factors for Leptospira seropositivity in rural Northern Germany, 2019*. Epidemiol Infect 2022;151. <https://doi.org/10.1017/S0950268822001972>
- Wilking H, Beermann S, Boone I, et al.: *Bakterielle Zoonosen mit Bedeutung für den öffentlichen Gesundheitsschutz in Deutschland – Vorkommen, Verbreitung und Übertragungswege*. Bundesgesundheitsblatt-Gesundheitsforschung-Gesundheitsschutz 2023;66(6). <https://doi.org/10.1007/s00103-023-03703-6>

6.38 Listeriose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **692**
- ▶ Fallzahlen sind im Vergleich zu den Vorjahren gestiegen
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassozierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern ab 80 Jahren

Kurzbeschreibung

Erkrankungen durch das Bakterium *Listeria (L.) monocytogenes* treten in verschiedenen Formen auf. Die Listeriose-Gastroenteritis äußert sich durch Durchfall mit unterschiedlichem Schweregrad. Invasive Infektionen während der Schwangerschaft (Schwangerschafts-Listeriose) können sich als Fieber oder grippeähnliche Beschwerden äußern und infolge einer intrauterinen oder perinatalen Übertragung zu Fehl-, Früh-, Totgeburt oder zur Geburt eines erkrankten Kindes (Neugeborenen-Listeriose) führen. Bei anderen invasiven Listeriosen, die nicht mit einer Schwangerschaft im Zusammenhang stehen und die vor allem bei älteren oder abwehrgeschwächten Personen auftreten, kann es auch zu Blutstrominfektionen (Sepsis) und Entzündungen der Hirnhäute (Meningitis) oder des Gehirns (Enzephalitis) kommen. Die Übertragung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel.

Falldefinition

Die Referenzdefinition erfüllen labordiagnostisch bestätigte Fälle bei Nachweis des Erregers aus normalerweise sterilen Materialien, aus Abstrichen vom Neugeborenen oder aus Abstrichen von mütterlichem Gewebe. Ebenso erfüllen klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen die Referenzdefinition, auch bei nicht-invasiven Erkrankungen. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.38.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 692 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Von 2011 bis 2017 stiegen die Fallzahlen kontinuierlich an. Nach vier Jahren mit vergleichbaren Fallzahlen stiegen die Zahlen im Jahr 2023 wieder um 21 % an (572 Fälle in 2022) (s. Abb. 6.38.1).

Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,5 Erkrankten/100.000 Einwohner in Hamburg und Hessen, die höchste Inzidenz mit 1,5 Erkr./100.000 Einw. wurde in Thüringen verzeichnet. Die Inzidenzen in Bayern, Rheinland-Pfalz, Brandenburg, Schleswig-Holstein, Niedersachsen, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen lagen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.38.2).

Für 365 Erkrankungen (53 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 97 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Im Jahr 2023 wurden 641 Fälle von nicht schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die nicht schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen betrafen 249 Frauen (39 %) und 392 Männer (61 %).

Die Inzidenz der nicht schwangerschaftsassozierten Listeriosen stieg mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,2 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen bis auf 4,1 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.38.3). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 26 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 25 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Es konnten 16 Mutter-Kind-Paare identifiziert werden, zehn Mütter wurden ohne Meldung eines erkrankten Neugeborenen übermittelt und neun Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter. Von 40 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 21 und 49 Jahren waren 26 als Schwangerschafts-Listeriosen (65 %) übermittelt.

Tab. 6.38.1:
Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	1 %	4	1 %
klinisch-labor diagnostisch (C)	451	79 %	562	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	51	9 %	52	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	67	12 %	74	11 %
alle	572	100 %	692	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	572	100 %	692	100 %

Abb. 6.38.1:
Übermittelte Listeriosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

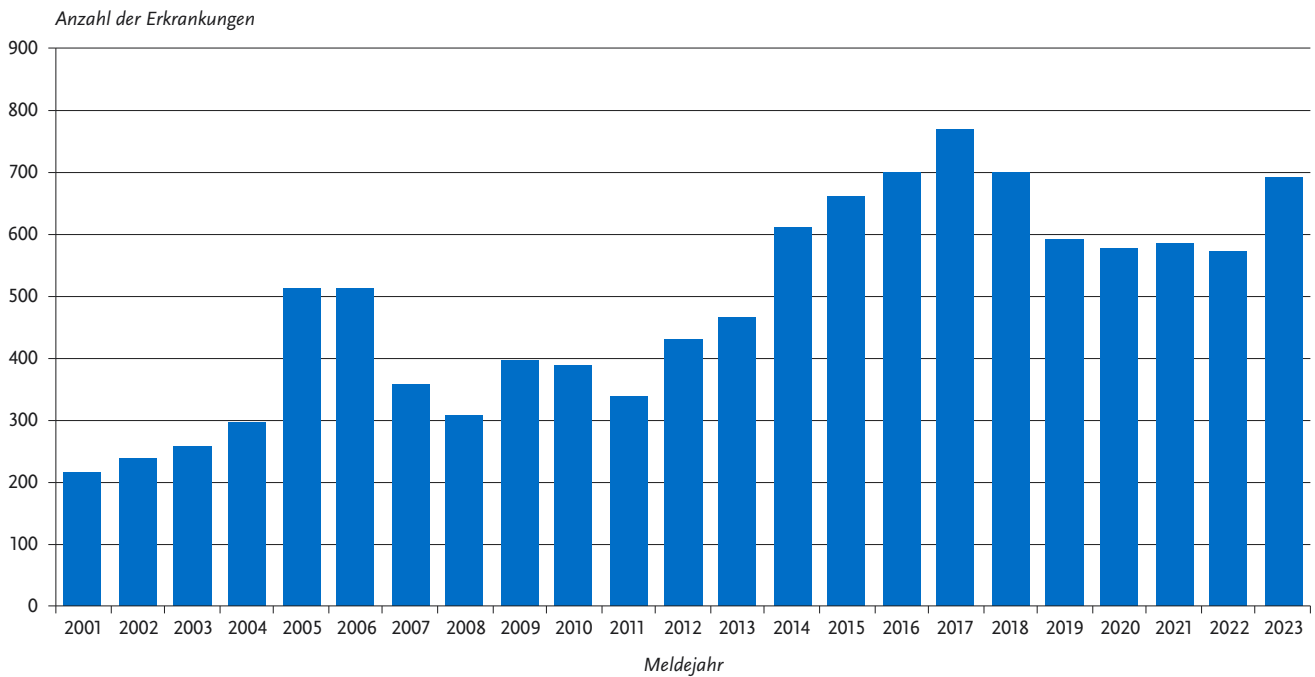
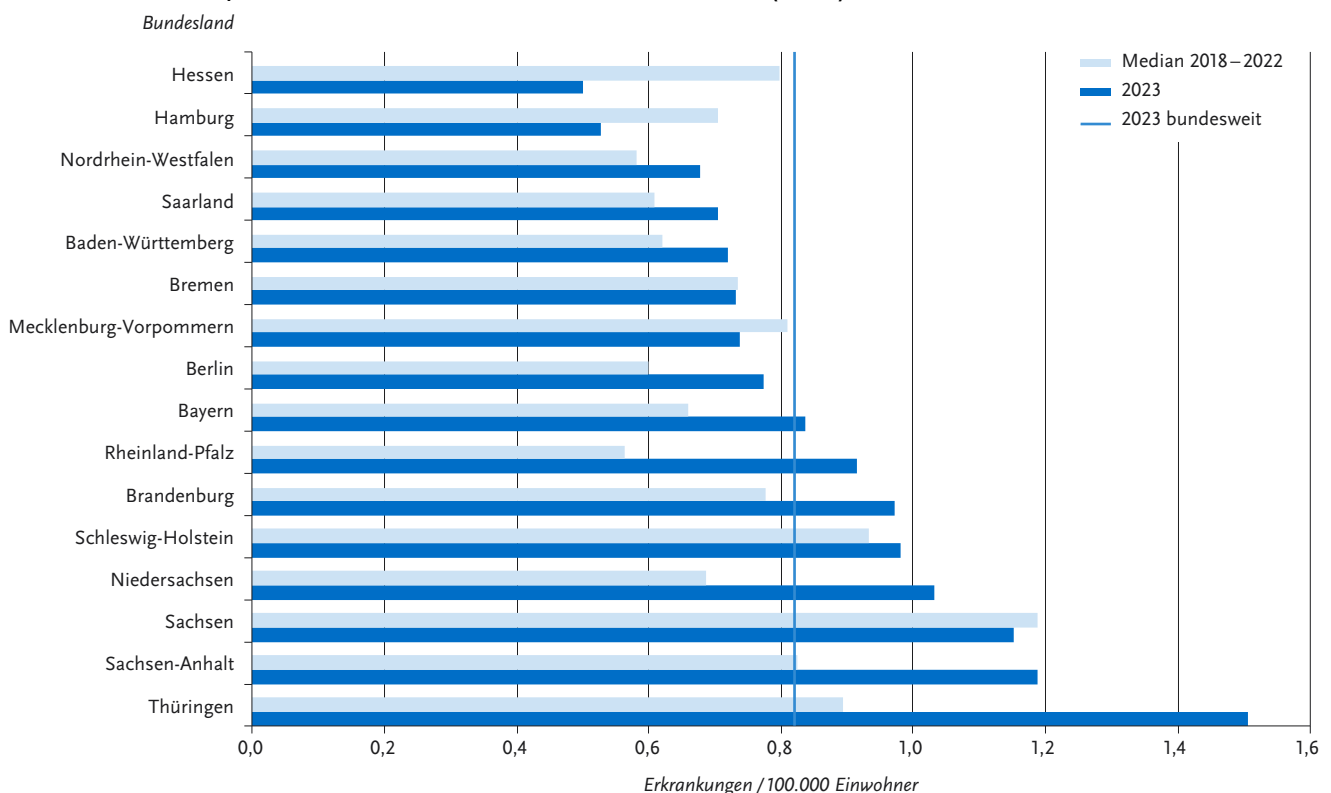


Abb. 6.38.2:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=692)



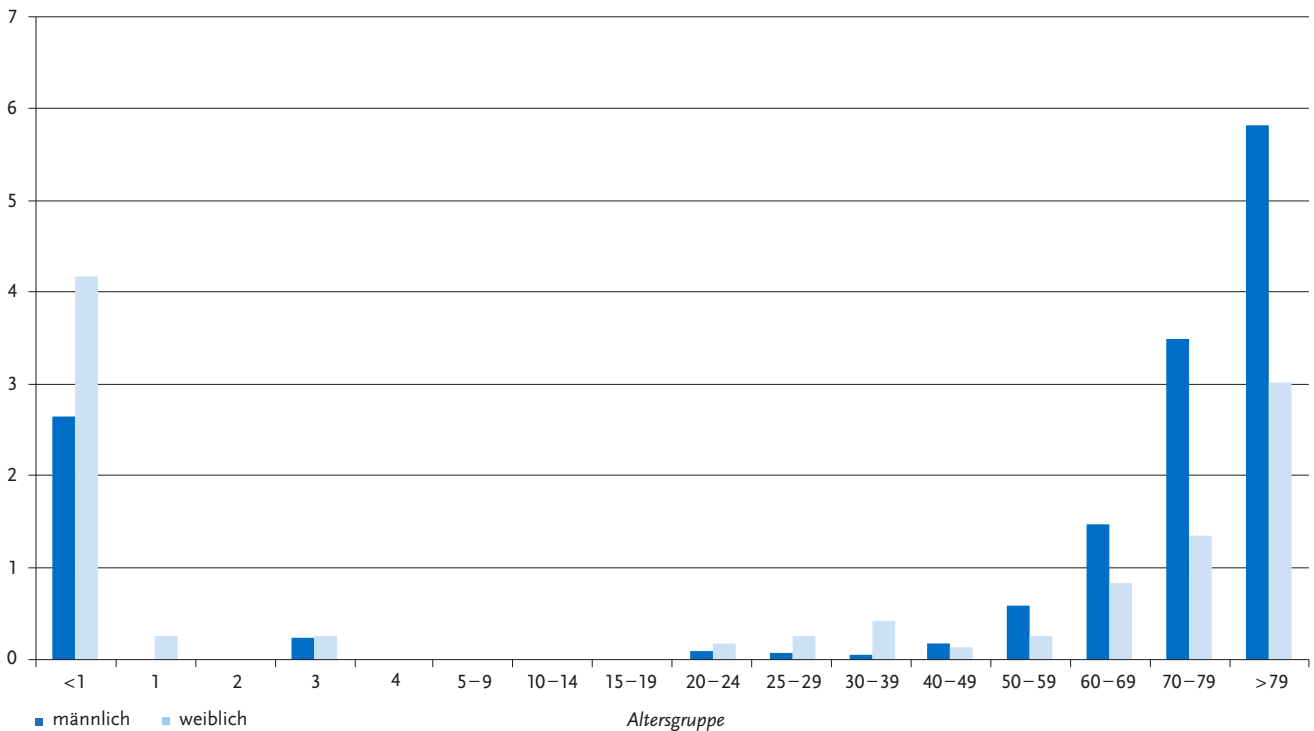
Klinische Aspekte

Bei 174 (27 %) der 641 nicht schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 95 (15 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Zweiundzwanzig der 26 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (85 %) gaben grippeähnliche Symptome oder

Fieber an. Zwei Frauen (8 %) mit Schwangerschafts-Listeriose hatten eine Sepsis. Unter den 26 Fällen von Schwangerschafts-Listeriose wurden bei zwei Fällen eine Fehlgeburt und bei vier eine Frühgeburt angegeben. Acht (35 %) der 23 lebend geborenen Neugeborenen zeigten ein septisches Krankheitsbild, zehn (43 %) eine Atemstörung, drei Neugeborene

Abb. 6.38.3:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=692)
 Erkrankungen / 100.000 Einwohner



(13 %) hatten eine Meningitis oder Enzephalitis, ein Neugeborenes hatte eine Bindehautläsion und ein Kind erkrankte an einer Granulomatosis (4 %) (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 58 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2022: 35). Unter diesen waren 56 nicht schwangerschaftsassoziierte Listeriosen und 2 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2023 bei 8 %.

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

Ausbrüche

Da viele Listeriose-Ausbrüche sehr wenige Fälle beinhalten und sich häufig über mehrere Jahre erstrecken, werden hier keine Ausbrüche berichtet.

Datenqualität

Da das klinische Bild allein keine Rückschlüsse auf den Erreger zulässt, kann dieser nur durch eine spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden. Daher ist davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen nur einen Teil der tatsächlichen invasiven Erkrankungen repräsentieren und es somit eine Untererfassung gibt. Eine Zuordnung zu Ausbrüchen ist nur möglich, wenn die Isolate sequenziert werden.

Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Die Inzidenz der übermittelten Listeriose-Fälle ist nun wieder nach einigen stagnierenden Jahren auf relativ hohem Niveau weiter angestiegen.

Literaturhinweise

- Halbedel S, Sperle I, Lachmann R, et al.: *Large multicountry outbreak of invasive listeriosis by a *Listeria monocytogenes* ST394 clone linked to smoked rainbow trout, 2020 to 2021*. Microbiol Spectr 2023;11(3). <https://doi.org/10.1128/spectrum.03520-22>
- 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;26(7). <https://doi.org/10.3201/eid2607.200225>
- 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;27(7). <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2020.09.020>
- Lachmann R, Halbedel S, Lüth S, et al.: *Invasive listeriosis outbreaks and salmon products: a genomic, epidemiological study*. Emerg Microbes Infect 2022;11(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2063075>
- 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;9(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2020.1784044>

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;10(11). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0142986>

RKI: RKI-Ratgeber. 2015. www.rki.de/ratgeber

Willing H, Lachmann R, Holzer A, et al.: *Ongoing high incidence and case-fatality rates for invasive listeriosis, Germany, 2010 – 2019*. Emerg Infect Dis 2021;27(9). <https://doi.org/10.3201/eid2709.210068>

6.39 Malaria



- Fälle 2023: 985
- 28 % mehr Fälle als im Vorjahr
- 96 % der Infektionen mit Angaben zum Infektionsort wurden in Afrika erworben
- Umstellung der Meldepflicht im Juli 2023

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 (Erreger: *Plasmodium (P.) falciparum*), kann bei fehlender oder zu spät erfolgter Behandlung tödlich verlaufen.

Falldefinition

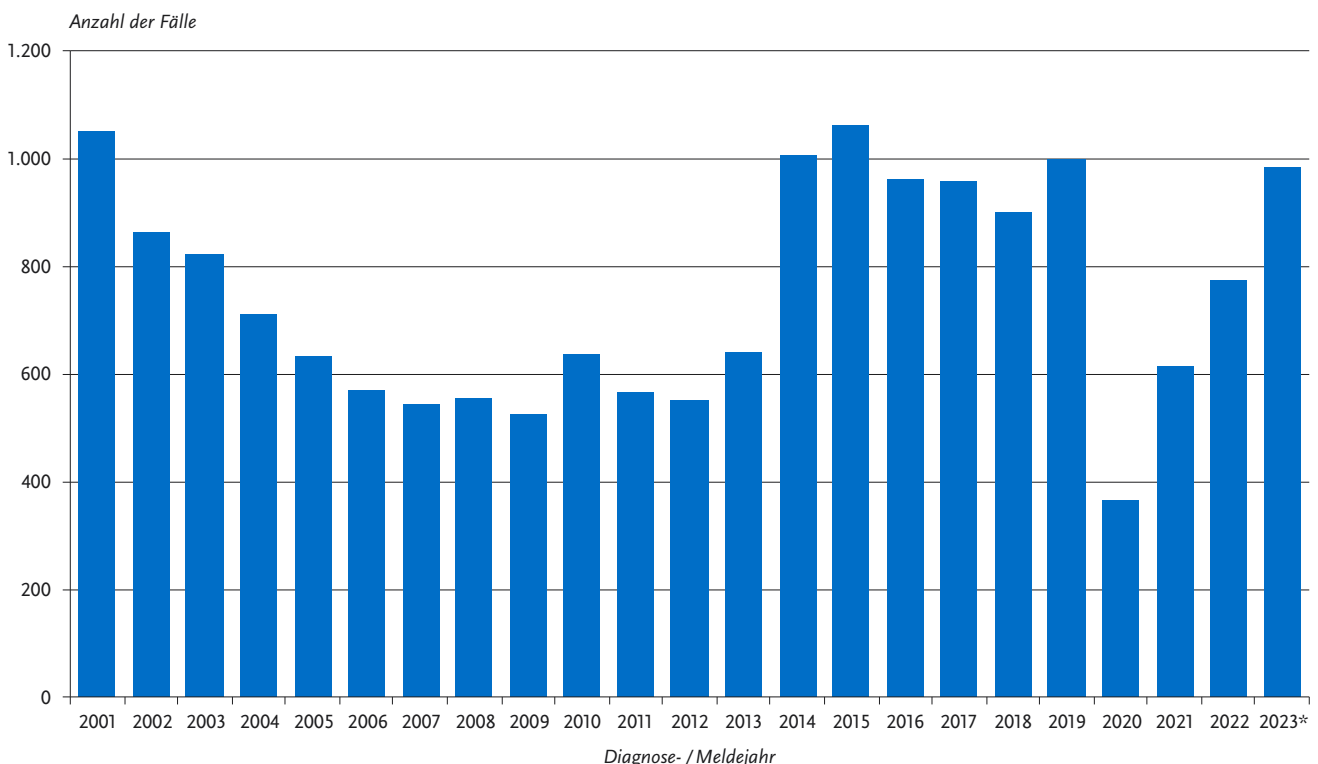
Im Juli 2023 wurde die nichtnamentliche Meldepflicht von Malaria an das RKI (gemäß § 7 Abs. 3 IfSG) in eine namentliche Meldepflicht an das zuständige Gesundheitsamt (gemäß § 7 Abs. 1 IfSG) geändert. Durch die damit einhergehenden Änderungen in der Datenerhebung und -übermittlung kommt es zu einem Datenbruch und die Vergleichbarkeit mit den Daten der Vorjahre ist eingeschränkt.

Für die nachfolgenden Auswertungen wurden die im Jahr 2023 nach § 7 Abs. 1 und die nach § 7 Abs. 3 IfSG an das RKI übermittelten bzw. gemeldeten Fälle unter Entfernung von erkennbaren Duplikaten in einem Datensatz zusammengeführt.

Zeitlicher Verlauf

2023 wurden insgesamt 985 Fälle von Malaria an das RKI gemeldet bzw. übermittelt: 645 nach § 7 Abs. 3 IfSG und 340 nach § 7 Abs. 1 IfSG. Dies entspricht im Vergleich zum Vorjahr einer Zunahme um 28 %. Nach dem Einbruch der Fallzahlen im Jahr 2020 stiegen diese seit 2021 wieder deutlich an und lagen 2023 wieder auf dem Niveau vor der COVID-19-Pandemie (s. Abb. 6.39.1). Bei Vergleichen mit den Vorjahren ist die Änderung des Meldewegs im Juli 2023 zu berücksichtigen (s. Falldefinition und Datenqualität).

Abb. 6.39.1:
Gemeldete und übermittelte Malaria-Fälle nach Diagnose- bzw. Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



* Änderung der Meldepflicht von nichtnamentlicher Meldung gemäß § 7 Abs. 3 IfSG zu namentlicher Meldung gemäß § 7 Abs. 1 IfSG im Juli 2023

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern gemeldet wurden, differierte sehr stark (s. Abb. 6.39.2). Wie in den Vorjahren hatten die Stadtstaaten Hamburg (4,0 Fälle/100.000 Einw.; 75 Fälle), Bremen (2,9; 20 Fälle) und Berlin (2,3; 85 Fälle) die höchsten Inzidenzen. Die niedrigsten Inzidenzen traten in Thüringen (0,2; 5 Fälle) und Mecklenburg-Vorpommern (0,3; 5 Fälle) auf.

Insgesamt wurden für 779 Fälle (79 %, Vorjahr: 74 %) 790 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachangaben möglich). Bis auf einen Fall mit *P. vivax*-Infektion, für den Ägypten als Infektionsort übermittelt wurde, hatten sich alle Personen mit Auslandsaufenthalt in einem bekannten Malaria-Endemiegebiet aufgehalten. Bei Personen, die sich in einem bekannten Malaria-Endemiegebiet aufgehalten hatten, wurden zusätzlich übermittelte Aufenthalte am Wohnort nicht als mögliche Infektionsorte berücksichtigt. Bei einem Fall mit *Malaria tropica* wurde die Infektion in Deutschland erworben. Betroffen war eine am Flughafen Frankfurt/Main beschäftigte Person mit Erkrankungsbeginn im Juli.

Der weitaus größte Teil der Nennungen (725; 92 %) entfiel wie in den Vorjahren auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.39.1). Am häufigsten wurden – wie im Vorjahr – Kamerun, Nigeria und Ghana genannt.

Bei 34 Fällen (4 %) wurden Infektionsorte außerhalb Afrikas angegeben. Für 27 Fälle lagen diese in Asien: Afghanistan (14 Fälle), Indien (6), Pakistan (5), Thailand (1),

mehrere Länder in Asien (1). Für 6 Fälle wurden Infektionsorte in den Amerikas angegeben: Kolumbien (5), Panama (1) und ein Fall wurde von den Salomonen importiert.

Tab. 6.39.1:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten und übermittelten Malaria-Fälle, Deutschland, 2023 (n=790)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kamerun	145	18 %
Nigeria	142	18 %
Ghana	69	9 %
Togo	48	6 %
Sierra Leone	41	5 %
Uganda	40	5 %
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	38	5 %
Guinea	37	5 %
Tansania	27	3 %
Benin	23	3 %
Andere	180	23 %
Summe	790	100 %

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wiesen die mittleren Altersgruppen von 25 bis 49 Jahren auf. Jungen und Männer hatten mit 1,6 Fällen/100.000 Einw. eine mehr als doppelt so hohe Inzidenz wie Mädchen und Frauen mit 0,7 Fällen/100.000 Einw.

Abb. 6.39.2:

Gemeldete und übermittelte Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=985) im Vergleich mit den Vorjahren

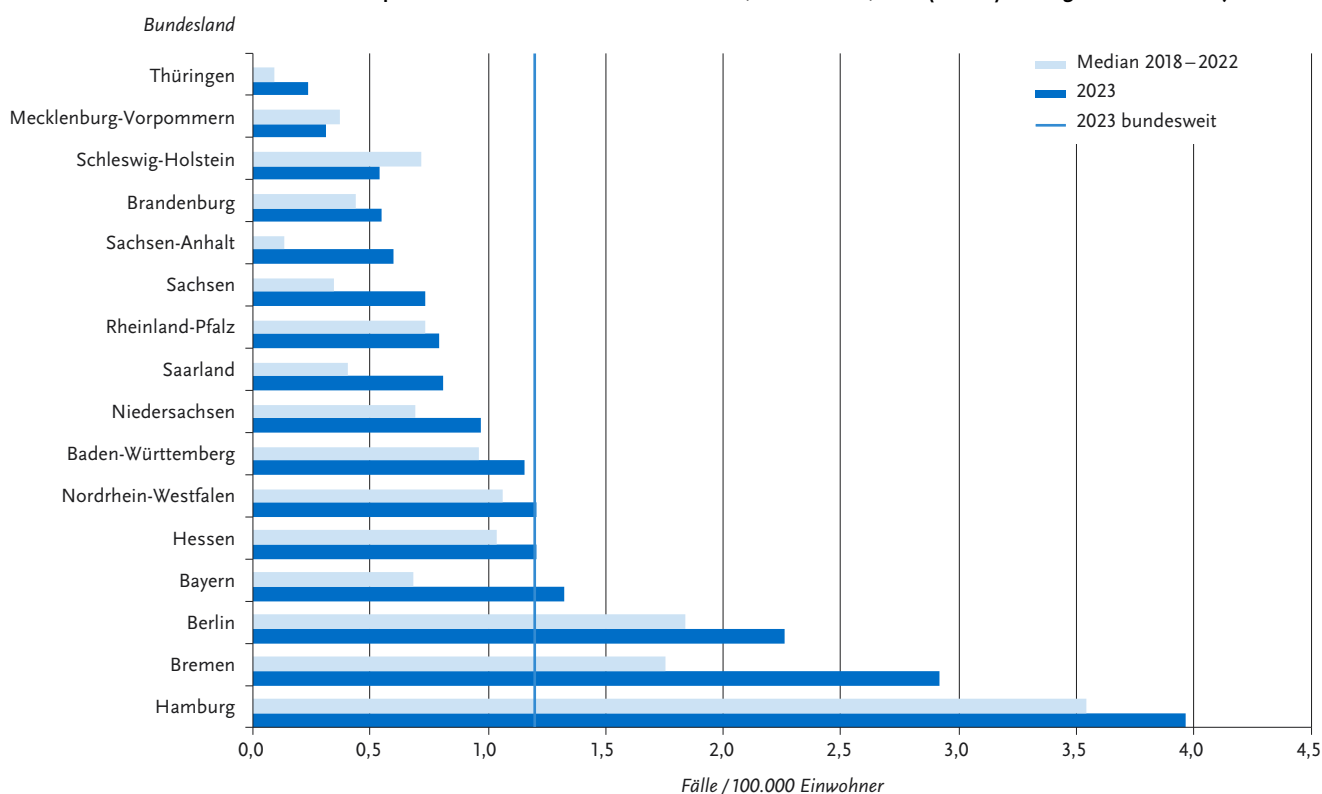
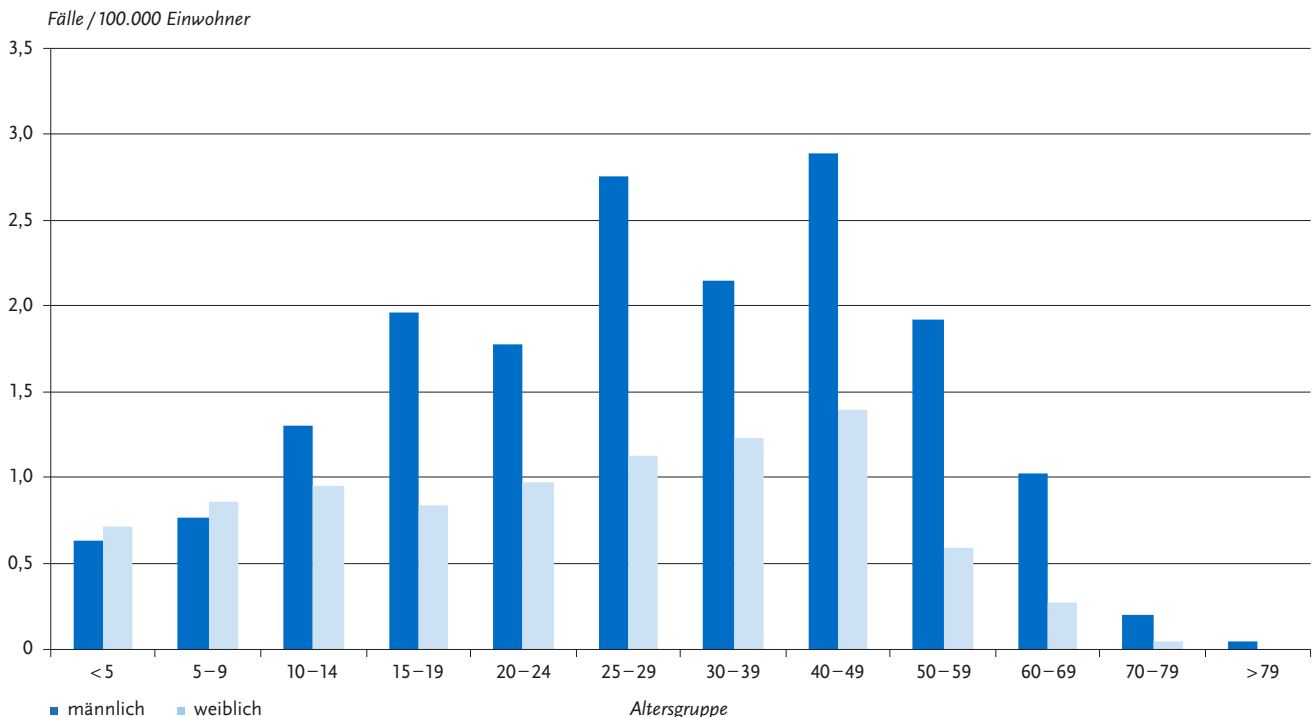


Abb. 6.39.3:

Gemeldete und übermittelte Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=972)



(s. Abb. 6.39.3). Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen bei Männern und Frauen, die auch in den Vorjahren ausgeprägt waren, sind vermutlich auf ein unterschiedliches Reise- oder Präventionsverhalten zurückzuführen.

Klinische Aspekte

Im Jahr 2023 wurden 3 Malaria-Todesfälle gemeldet bzw. übermittelt (2022: 9 Todesfälle). Alle Verstorbenen waren an Malaria tropica (Erreger: *P. falciparum*) erkrankt und hatten sich in Afrika infiziert. Es handelt sich um 3 Männer im Alter von 59 bis 69 Jahren. Für einen der Verstorbenen wurde angegeben, dass die Person keine Chemoprophylaxe eingenommen hatte, bei den übrigen 2 Fällen war dies nicht ermittelbar.

Nachgewiesene Erreger

Unter den 886 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (90 % aller Fälle, Vorjahr 97 %) wurde *P. falciparum* mit 748 Fällen (84 %; 2022: 642 Fälle, 87 %) am häufigsten diagnostiziert. An zweiter Stelle lag *P. vivax* mit 49 Fällen (2022: 19 Fälle), gefolgt von *P. malariae* mit 44 Fällen (2022: 30), *P. ovale* mit 25 Fällen (2022: 29 Fälle), Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers) mit 4 Fällen (2022: 6 Fälle) und *P. knowlesi* mit 2 Fällen (ein Fall mit Angabe von Thailand als Infektionsland). Bei 14 Fällen wurde eine Mischinfektion (2022: 16) angegeben (s. Tab. 6.39.2). Im Vergleich zum Vorjahr nahm der Anteil gemeldeter *P. falciparum*-Infektionen leicht ab. Auffällig war die deutliche Zunahme der Fälle mit *P. vivax*. Dazu hat vor allem ein Anstieg der *P. vivax*-Fälle aus Afghanistan beigetragen (13 Fälle; 2022: 2; 2021: 0).

Tab. 6.39.2:

Gemeldete und übermittelte Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2023 (n=886)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Plasmodium falciparum</i> (M. tropica)	748	84,4 %
<i>Plasmodium vivax</i> (M. tertiana)	49	5,5 %
<i>Plasmodium malariae</i> (M. quartana)	44	5,0 %
<i>Plasmodium ovale</i> (M. tertiana)	25	2,8 %
Mischinfektion	14	1,6 %
<i>Plasmodium knowlesi</i>	2	0,2 %
M. tertiana (ohne Differenzierung)	4	0,5 %
Summe	886	100 %

Ausbrüche

Nach der neuen Meldepflicht wurden 5 Häufungen mit insgesamt 13 Fällen übermittelt. Es handelte sich um Personen, die gemeinsam in Malaria-Endemiegebiete in Afrika gereist waren (11 Reisende besuchten befreundete oder verwandte Personen und 2 waren Touristen). Alle 11 Infektionen mit Angaben zum Erreger wurden durch *P. falciparum* ausgelöst.

Datenqualität

Von 645 Erkrankungen, die nach der alten nichtnamentlichen Meldepflicht gemeldet wurden, lagen für 487 Fälle (76 %, Vorjahr 68 %) die Meldebögen sowohl vom Labor als auch von Ärztinnen und Ärzten vor, für 154 Fälle nur der Laborbogen, für 4 Fälle nur der Arztbogen. Das wahrscheinliche Infektionsland ist meist nur im Arztmeldebogen angegeben.

Aufgrund der geänderten Meldepflicht hat sich die Datenerhebung verändert. Die Meldung des Plasmodiennachweises erfolgt nun namentlich vom Labor an das zuständige Gesundheitsamt, das die gemeldeten und zusätzlich ermittelten Informationen elektronisch an die zuständige Landesgesundheitsbehörde und von dort an das RKI übermittelt. In der Übergangsphase konnten für Fälle gemäß § 7 Abs. 1 IfSG in der Meldesoftware zeitweise nicht alle Informationen strukturiert übermittelt werden. Dadurch kann es zu einer reduzierten Datenqualität gekommen sein.

Fazit

Die Gesamtzahl der gemeldeten und übermittelten Malaria-Fälle ist 2023 weiter angestiegen und hat wieder das Niveau der Jahre vor Beginn der COVID-19-Pandemie erreicht. Die Zahl der Todesfälle lag mit 3 Fällen im Bereich des langjährigen Durchschnitts und deutlich unter der ungewöhnlich hohen Zahl von 9 Todesfällen 2022. Bei einem Fall wurde unerwartet Ägypten als Infektionsort angegeben. Laut WHO wurden in Ägypten zuletzt 2014 autochthone Malariafälle gemeldet. Möglicherweise handelt es sich um einen Rückfall einer früher anderswo erworbenen *P. vivax*-Infektion.

Literaturhinweise

- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. Epid Bull 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023;28(7). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Hallmaier-Wacker LK, van Eick MD, Briët O, et al.: *Airport and luggage malaria in Europe: a systematic review*. Euro Surveill 2024;29(41). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.41.2400237>
- Kessel J, Rosanas-Urgell A, Dingwerth T, et al.: *Investigation of an airport-associated cluster of falciparum malaria in Frankfurt, Germany, 2022*. Euro Surveill 2024;29(5). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.5.2300298>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2015. www.rki.de/ratgeber
- WHO: *World malaria report 2022*. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240064898>
- Welters I, Eisermann P, Borgans F, et al.: *Two cases of airport-associated falciparum malaria in Frankfurt am Main, Germany, October 2019*. Euro Surveill 2019;24(49). <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;17(1). <https://doi.org/10.1186/s12936-018-2175-y>

6.40 Masern



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 79
- Inzidenz: 0,09 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- Es wurden 9 Ausbrüche mit > 2 Fällen übermittelt.
- Nach Jahren mit niedrigen Inzidenzen aufgrund der Maßnahmen gegen die SARS-CoV-2 Pandemie steigen die Fallzahlen nun wieder an.

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. 6.40.1). Im Jahr 2023 wurden 139 Fälle übermittelt, von denen 79 der Referenzdefinition entsprachen.

Ein Teil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit nicht erfülltem klinischem Bild könnte z. B. auf Masernerkrankung bei bereits Geimpften mit einem sekundären Impfversagen und einer abgeschwächten Symptomatik, die nicht der klinischen Falldefinition entsprach, zurückzuführen sein. Um die Spezifität der Surveillance zu erhöhen und die Inzidenz der Masern besser einschätzen zu können, wurde ein spezifisches und unspezifisches klinisches Bild in die Falldefinition aufgenommen. Ein Fall mit einem unspezifischen Bild entspricht nun der Referenzdefinition, wenn er durch eine PCR-Untersuchung labordiagnostisch bestätigt wurde. Im August 2023 ist die neue Falldefinition in Kraft getreten.

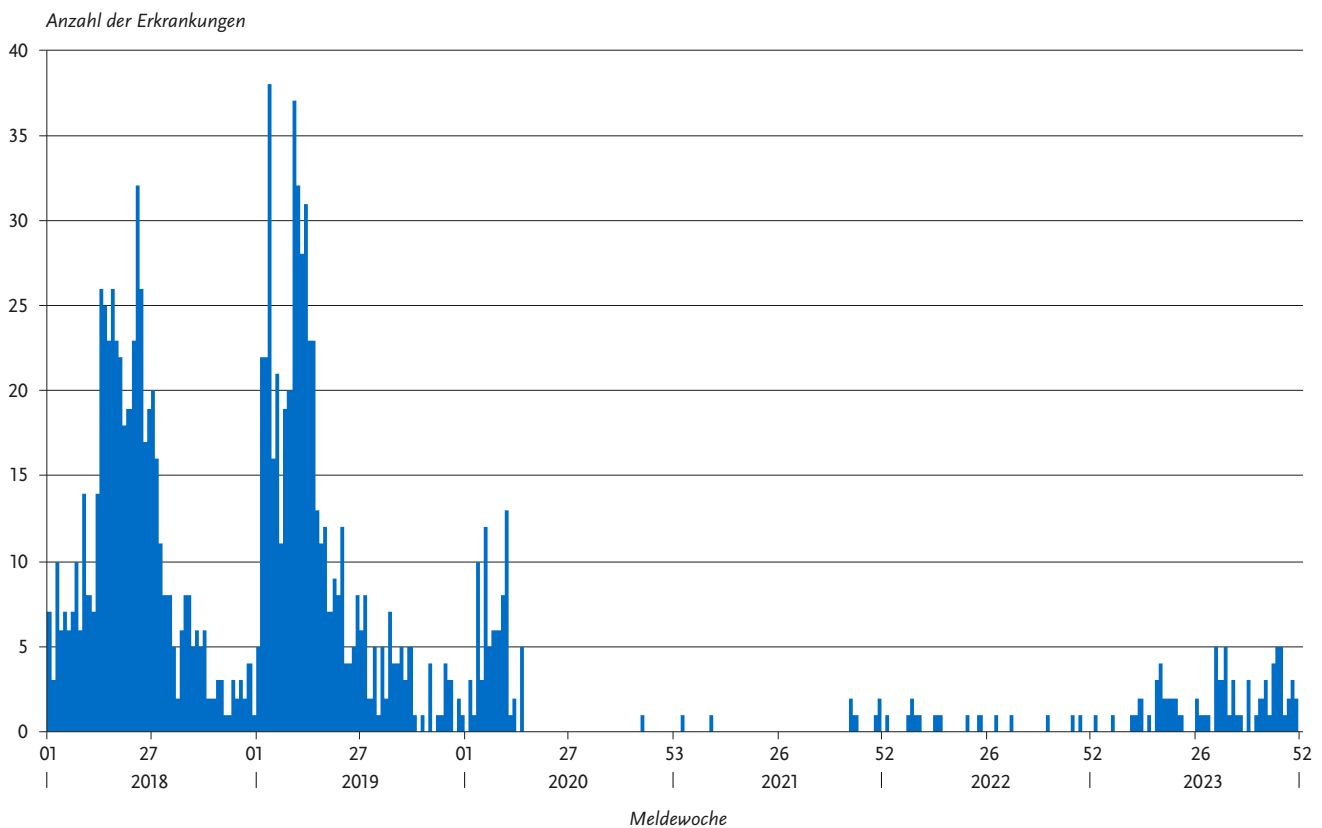
Bei labordiagnostisch bestätigten Fällen, bei denen das klinische Bild unbekannt ist, handelt es sich im Wesentlichen um serologische Kontrollen nach Durchführung einer Impfung.

Tab. 6.40.1:
Übermittelte Masernfälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	5	8 %	5	4 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	3	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	10	16 %	73	53 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	21	34 %	33	24 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	25	41 %	25	18 %
alle	61	100 %	139	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	15	25 %	79*	57 %

*2 Fälle der Kategorie C erfüllen seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 nicht mehr die Referenzdefinition.

Abb. 6.40.1:
Übermittelte Masernerkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2018 bis 2023



Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2023 wurden Daten von 79 Masernerkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Jahr 2022 ($n=15$) wurde damit ein absehbarer Anstieg der Fallzahlen beobachtet. Die Fallzahlen haben im Jahr 2023 allerdings das präpandemische Niveau noch nicht wieder erreicht. Mit Ausnahme der Monate Februar und Juni ohne übermittelte Masernfälle gingen am RKI monatlich Daten von 2 bis 17 Fällen ein (s. Abb. 6.40.1). Die Fallzahl war außer im August und November einstellig. Im August wurden am RKI 17 Fälle erfasst, im November 15 Fälle. Dies entspricht nicht der sonst üblichen saisonalen Verteilung der Masern. Eine hohe Fallzahl der Masern wird

üblicherweise im Frühjahr bis Frühsommer beobachtet. Dies erklärt sich durch verschieden große Ausbrüche, die ab Mitte des Jahres in einigen Bundesländern beobachtet wurden.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,09 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und entsprach damit dem Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (0,09). Die Inzidenz unterschreitet, wie auch in den Vorjahren seit 2020, die Indikatorinzidenz der WHO von einem Fall pro 1 Million Einwohner. Diese Inzidenz stellt die von der WHO vorgeschlagene

Indikatorinzidenz dar, bei der von erfolgreichen Strategien gegen eine Maserntransmission und von einer Präeliminationsphase ausgegangen wird.

Es wurden insgesamt 19 Fälle aus Sachsen-Anhalt, 15 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, 14 Fälle aus Berlin und 11 Fälle aus Bayern übermittelt. In Niedersachsen traten 6 Fälle, in Baden-Württemberg 5 Fälle und in Hamburg und Sachsen sowie Hessen jeweils 2 Fälle auf. Je 1 Fall übermittelten Bremen, Brandenburg und Schleswig-Holstein.

In Sachsen-Anhalt, Berlin, Bremen und Hamburg lag die Inzidenz jeweils über 0,09 Erkr./100.000 Einwohner und damit über der bundesweiten Inzidenz des Jahres 2023 und dem Median der bundesweiten Inzidenzen der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.40.2). Aus 4 Bundesländern wurden keine Masernfälle übermittelt (Mecklenburg-Vorpommern, Rheinland-Pfalz, das Saarland und Thüringen).

Es lagen 69 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 63 Fälle mit Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben höchstwahrscheinlich überwiegend in Deutschland erworben (55 % der Nennungen; $n=38$). Als weitere Infektionsländer wurden die Türkei, Kasachstan, Rumänien, die Russische Föderation, Kroatien, Indonesien, Aserbaidschan, Frankreich, Indien, die Niederlande, Pakistan sowie Kirgisistan angegeben.

Demografische Verteilung

Insgesamt waren 39 Fälle (rund 49 %) 0 bis 9 Jahre alt, 10 Fälle 10 bis 19 Jahre alt und 30 Fälle (rund 38 %) 20 Jahre

und älter. So traten 5 Masernfälle in der Altersgruppe der unter 1-Jährigen, 8 Fälle in der Altersgruppe der 1-Jährigen, jeweils 2 Fälle bei den 2- und 4-Jährigen, 7 Fälle bei den 3-Jährigen, 15 Fälle bei den 5- bis 9-Jährigen und 6 Fälle bei den 10- bis 14-Jährigen auf. Bei den über 20-Jährigen waren insbesondere die Altersgruppen 30 bis 49 betroffen. Der älteste Fall war 59 Jahre alt (s. Abb. 6.40.3).

Im Vergleich zu 2019 erkrankten anteilmäßig mehr Kinder im Alter von 0 bis 9 Jahren. Im Jahr 2019 lag der Anteil der 0- bis 9-Jährigen unter den Erkrankten bei 26 %, der Anteil der über 20-Jährigen bei rund 54 %. Im Jahr 2023 traten die Masern in 47 von 79 Fällen bei männlichen Personen auf, 32 Fälle waren weiblich. Die inhomogene Transmission der Masern in Deutschland lässt keine allgemeinen Aussagen zu geschlechtsspezifischen Besonderheiten zu.

Klinische Aspekte

Von den 79 Fällen wurden insgesamt 34 Fälle aufgrund der Masern hospitalisiert. Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Hospitalisierung lag somit bei rund 43 % und damit höher als im Vorjahr (33 %). So wurden 16 von 39 Kindern im Alter von 0 bis 9 Jahren (41 %), 2 von 10 Fällen im Alter von 10 bis 14 Jahren (20 %) und 15 von 30 Personen (50 %) im Alter von 20 Jahren oder älter im Krankenhaus behandelt. Es entspricht der üblichen Altersverteilung der Hospitalisierten, dass insbesondere Kinder und ältere Personen mit Masern im Krankenhaus behandelt werden. Möglicherweise handelte es sich bei den Einweisungen vereinzelt auch um eine Maßnahme zur Isolation von Erkrankten.

Abb. 6.40.2: Übermittelte Masernerkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 ($n=79$) im Vergleich zu den Vorjahren

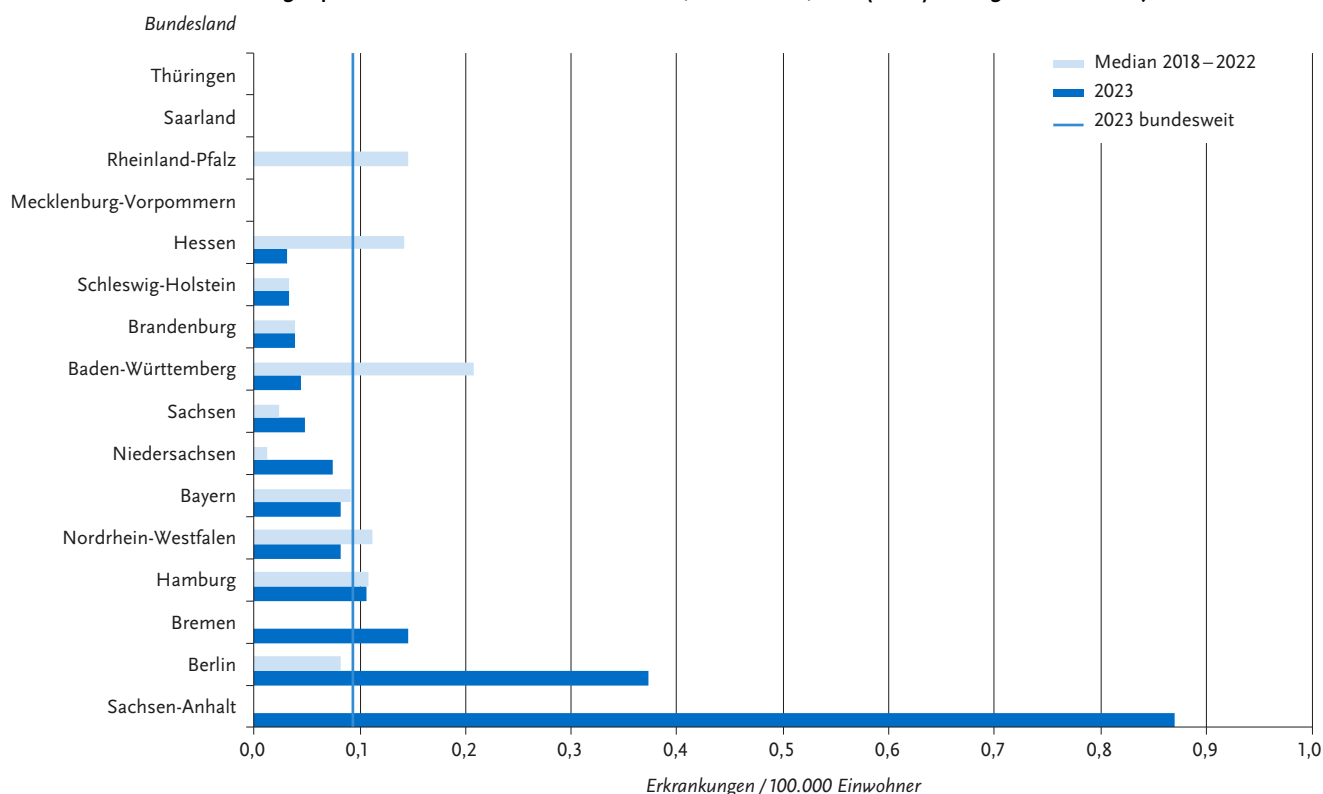
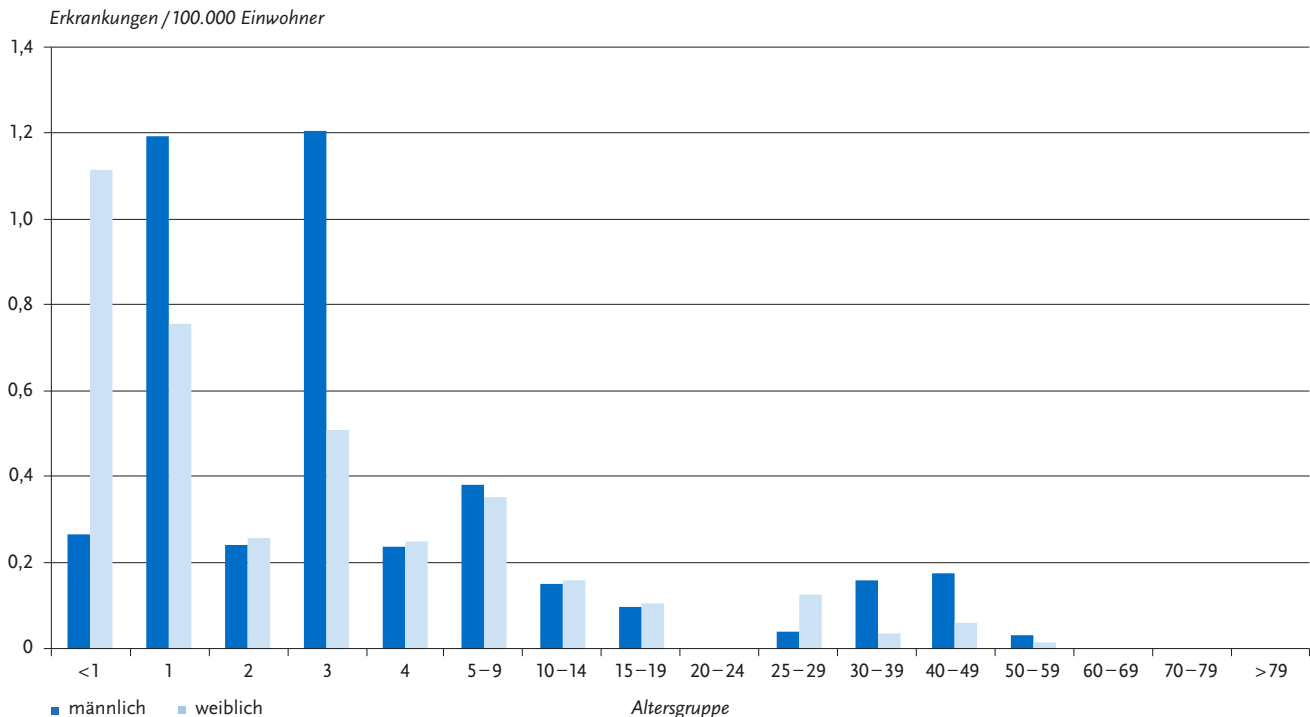


Abb. 6.40.3:

Übermittelte Masernerkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 79)



Bei 44 Fällen war das Auftreten von Komplikationen leider nicht erhoben worden. Für 31 der übrigen 35 Fälle war angegeben worden, dass keine spezifischen Komplikationen aufgetreten waren. Bei jeweils einem Fall wurde eine Lungenentzündung, eine Darmkomplikation, eine Otitis media sowie eine sonstige Komplikation angegeben.

Es wurden keine Todesfälle aufgrund der Masern übermittelt.

Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) als Spätfolge einer Masernerkrankung wurde im Jahr 2020 im Rahmen des im März in Kraft getretenen Masernschutzgesetzes meldepflichtig. Im Jahr 2023 wurde ein SSPE-Fall übermittelt.

Impfstatus

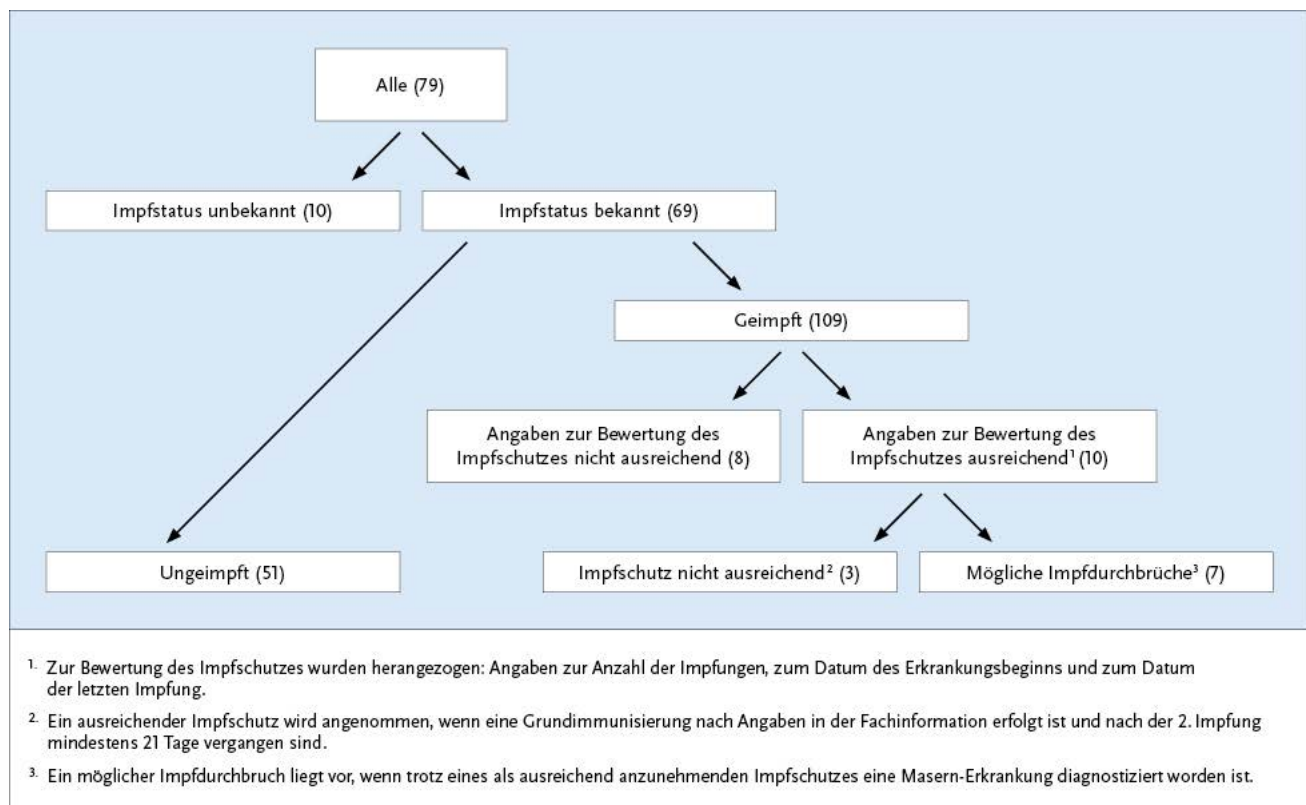
Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines masernhaltigen Impfstoffes (MMR-Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Die 2. Impfung ist kein Booster. Nach der 2. Dosis entwickeln in der Regel auch diejenigen Personen eine Immunität, bei denen aus unterschiedlichen Gründen nach einer 1. Impfdosis kein Immunschutz aufgebaut wurde. Die 1. Impfung wird im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von 9 Monaten, empfohlen (siehe [STIKO-Empfehlungen](#)). Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 2. Masern-Mumps-Röteln-Impfung mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung im Alter von 15 Monaten. Alle Kinder sollten vor ihrem 2. Geburtstag somit 2-mal geimpft worden sein. Darüber hinaus hat die STIKO Empfehlungen zur Masernimpfung bei Erwachsenen, die nach 1970 geboren wurden, ausgesprochen und im Jahr

2020 die Empfehlungen für beruflich indizierte MMR- und Varizellen-Impfungen angeglichen und wissenschaftlich begründet (siehe Epidemiologisches Bulletin 2/2020). Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) können gewertet werden. Eine Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben anzunehmen wird nicht empfohlen.

Von den 79 an Masern Erkrankten war der Impfstatus bei 69 Fällen bekannt (s. Abb. 6.40.4). Von diesen 69 Fällen wurden 51 als ungeimpft und 18 als geimpft übermittelt. Zur Bewertung des Impfschutzes wurden Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung herangezogen. Diese Angaben lagen bei 10 der 18 Geimpften vollständig vor. Bei 7 Masernfällen wurde ein vollständiger Impfstatus mit mindestens 2 Impfungen gegen Masern im Kindesalter übermittelt, 3 dieser 7 Fälle waren lediglich klinisch bestätigt worden und 2 weitere anhand einer serologischen Untersuchung. Bisher nur einmal in der Kindheit gegen Masern geimpft, waren 3 Fälle. Bei einem dieser Fälle handelt es sich um eine Riegelungsimpfung, die den Ausbruch der Erkrankung nicht mehr verhindern konnte.

Um Impfdurchbrüche, d. h. Masernerkrankungen, die trotz regelrechter Impfung auftreten, gut untersuchen zu können, sollten unbedingt bei allen geimpften Masernfällen die Masern labordiagnostisch mit Hilfe eines Rachenabstriches und einer PCR-Untersuchung gesichert werden, auch wenn sie klinisch Symptome aufweisen, die der Falldefinition entsprechen. Bei lediglich klinisch bestätigten geimpften Fällen ohne Labornachweis, aber auch bei einer Serologie, ist die Masern diagnose unsicher. Eine Einschätzung der Effektivität der Impfungen gegen Masern ist nur bedingt möglich.

Abb. 6.40.4:
Übermittelte Masernerkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2023 (n = 79)



Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland war bis 2020 geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Wochen andauernden, auch bundesland-übergreifenden Transmissionsketten. Die Anzahl der Ausbrüche ging seit 2020 zurück. In den Jahren 2021 und 2022 war dem RKI kein Ausbruch mit > 2 Fällen übermittelt worden. Im Jahr 2023 wurden 9 Ausbrüche mit 36 dazugehörigen Fällen (46 % aller Fälle) übermittelt, davon 2 Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen (in Sachsen-Anhalt und Berlin) und 7 Ausbrüche mit 2 oder 3 Fällen (in Bayern, Berlin, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, und Sachsen).

Der größte Ausbruch mit insgesamt 15 Fällen nach Referenzdefinition begann im Juli 2023 in einem Stadtkreis in Sachsen-Anhalt nach einem möglichen Import. Im August erkrankte der letzte Fall dieses Ausbruchs. Ein weiterer größerer Ausbruch mit 5 Fällen nach Referenzdefinition ereignete sich in Berlin. Die Ausbrüche traten im privaten Umfeld, in ambulanten Behandlungseinrichtungen und Einrichtungen für Geflüchtete auf.

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** veranlasst werden.

Die Labordiagnostik der akuten Masernvirus-Infektion erfolgt durch den Nachweis des Masernvirus-Genoms mittels RT-PCR aus Rachenabstrich oder Urin innerhalb der ersten 7 Tage nach Symptombeginn. Dabei ist ein Blick auf die Zeitkinetik hilfreich: Der Rachenabstrich ist ab Symptombeginn für ca. 7 Tage positiv, im Urin lässt sich das Virus von Tag 3 bis ca. Tag 10 nachweisen. Der alleinige Nachweis einer Masernerkrankung durch Masern-IgM Serologie wird nicht mehr empfohlen, da Masern-IgM in den ersten 3 Erkrankungstagen nur in knapp 70 % der Fälle nachweisbar ist. Weiterhin nimmt auch der richtige Vorhersagewert des Masern-IgM-Nachweises in Zeiten sinkender Erkrankungszahlen deutlich ab, damit steigt die Wahrscheinlichkeit für falsch-positive Ergebnisse. Die Serologie kann zusätzlich zur Bestätigung einer Masernvirusinfektion sowie zur Aufklärung eines Impfversagens herangezogen werden.

Die Ergebnisse zu vorliegenden Sequenzvarianten der Masernviren werden in der Melde- und Übermittlungssoftware erfasst, damit im Rahmen der epidemiologischen Surveillance valide Analysen zu Transmissionsketten vorgenommen werden können. Diese ist besonders bei lediglich sporadisch erfassten Masernfällen (keine Zugehörigkeit zu einem Ausbruch) von hoher Relevanz und sollte bei jedem sporadischen 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 und virologische 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 hochkontagiösen Masern ist es zuweilen eine Herausforderung, die Herkunft der Infektion zu identifizieren. Eine Analyse der letzten 7 bis 21 Tage vor Beginn der Symptome auf mögliche Kontakte zu an Masern Erkrankten und eine Reiseanamnese (auch in andere Bundesländer oder Kreise) sind für eine optimale Untersuchung der Transmissionsketten unerlässlich.

Vollständige Angaben zu bereits durchgeführten Impfungen sind entscheidend, um korrekte Einschätzungen zu eventuell vorliegenden Impfdurchbrüchen vornehmen zu können.

Angesichts des hohen Anteils der Hospitalisierten im Vergleich zu den angegebenen Komplikationen ist eine Untererfassung der Komplikationen oder eine Absonderung im Krankenhaus sehr wahrscheinlich.

Fazit

Für das Jahr 2023 wurde eine Maserninzidenz von 0,09 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2021: 0,01). Die von der WHO vorgeschlagene richtungsweisende Indikatorinzidenz von < 0,1 Erkr./100.000 Einw. zur Dokumentation erfolgreicher Schritte hin zu einer Masern-Elimination wurde damit erneut erreicht.

Erwartungsgemäß steigt die Zahl der Masernfälle wieder an, da die Masern wieder vermehrt nach Deutschland importiert werden. Wichtig bleibt es, die Immunitätslücken in der Bevölkerung, insbesondere bei Personen, die nach Deutschland für längere Zeit einreisen, zu erkennen und so schnell wie möglich zu schließen.

Kinder im Alter bis 5 Jahren, 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.

Literaturhinweise

Matysiak-Klose D, Mankertz A: *Epidemiologie der Masern in Deutschland und Bewertung der Situation, März 2024*. Epid Bull 2024;15. <https://doi.org/10.25646/12030>

Matysiak-Klose D, Santibanez S, Mankertz A, Siedler A: *Aktuelles zu Masern in Deutschland und weltweit (Datenstand: 01.08.2022)*. Epid Bull 2022;34. <https://doi.org/10.25646/10439>

Rieck T, Steffen A, Feig M, Siedler A: *Impfquoten bei Erwachsenen in Deutschland – Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;49. <https://doi.org/10.25646/10855>

Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;48. <https://doi.org/10.25646/10838>

RKI: *Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln beim Robert Koch-Institut*. Stand 2024. https://www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte_node.html

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2020. www.rki.de/ratgeber

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022;4. <https://doi.org/10.25646/92853>

STIKO: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020;2. <https://doi.org/10.25646/6447>

STIKO: *Fachliche Anwendungshinweise zur Masern-Postexpositionsprophylaxe bei Risikopersonen*. Epid Bull 2017;2. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-002.1>

6.41 Meningokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 254
- ▶ Zunahme der Fallzahlen im Jahr 2023 um 80 % zum Vorjahr, nach Abfall in 2020 und 2021 während der COVID-19-Pandemie und erstem Wiederanstieg 2022
- ▶ Die Serogruppen B (48 %) und Y (43 %) wurden am häufigsten nachgewiesen
- ▶ Anstieg der Todesfälle auf 37 (Vorjahr: 13)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter von 0 Tagen bis 5 Jahren und bei 15- bis 24-jährigen
- ▶ Wirksame Schutzimpfungen gegen die Serogruppen A, C, W, Y und B 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 Y, W und C. Seit Juli 2006 ist eine Impfung mit einem Meningokokken-C-Konjugat-Impfstoff für alle Kinder im zweiten Lebensjahr von der Ständigen Impfkommission (STIKO) empfohlen. Ältere Kinder sollen nachgeimpft werden.

Des Weiteren sind tetravalente Konjugatimpfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sowie oberflächenproteinbasierte Impfstoffe gegen Meningokokken der Serogruppe B für Personen mit erhöhtem Risiko für eine invasive Meningokokken-Infektion empfohlen.

Falldefinition

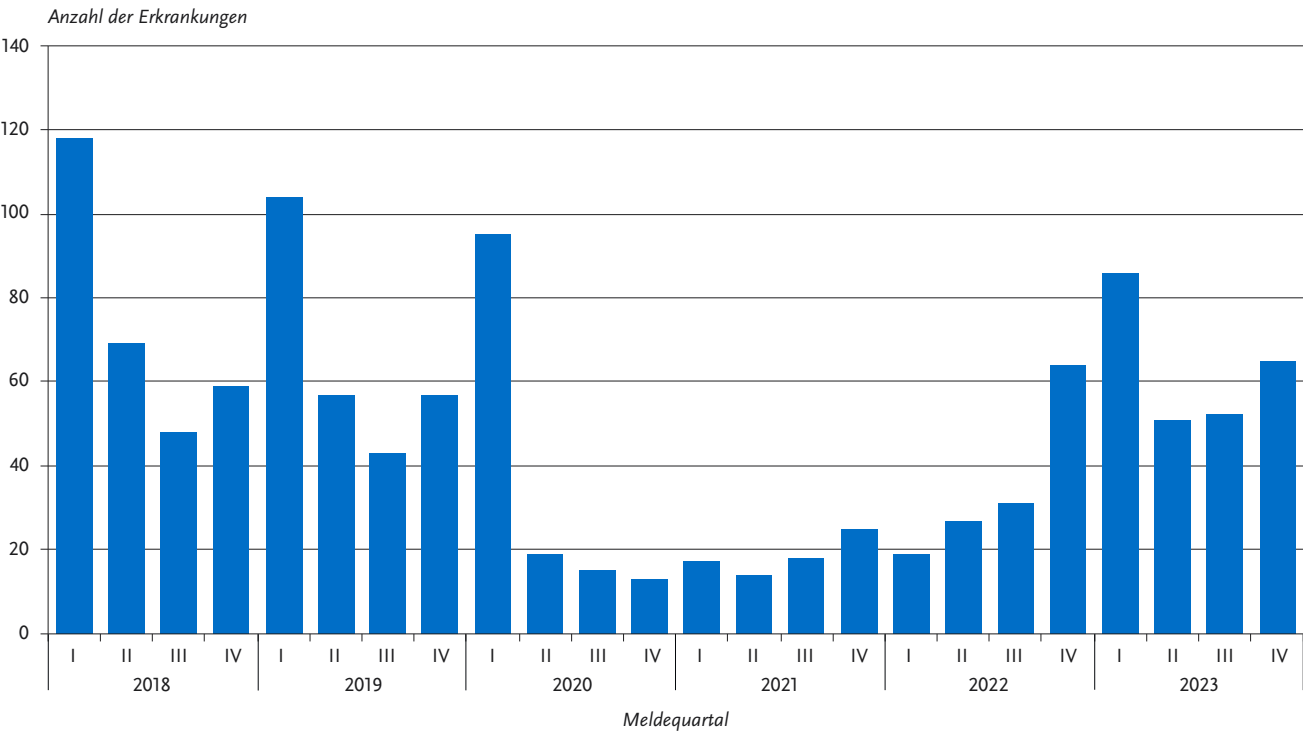
Seit dem Jahr 2015 erfüllen auch an einer invasiven Meningokokken-Infektion Erkrankte ohne Labornachweis des Erregers bzw. ohne epidemiologische Bestätigung (Falldefinitionskategorie A) die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. WFS) erfüllt ist. Ebenso erfüllen seit 2015 alle labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen die Referenzdefinition, auch wenn das klinische Bild nicht erfüllt oder unbekannt ist (Falldefinitions-

kategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, die die Referenzdefinition erfüllen. Eine Übersicht über die Anzahl übermittelter invasiver Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition gibt Tabelle 6.41.1.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 erfüllten insgesamt 254 invasive Meningokokken-Infektionen die Referenzdefinition, 80 % mehr als im Vorjahr. Im Vergleich zu den Vorjahren, wurde im Jahr 2023 wieder ein saisonales Muster mit Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, wie es in den präpandemischen Vorjahren auftrat, auch wenn nicht so stark ausgeprägt wie zuvor. Beginnend von einem vergleichsweise hohen Ausgangsniveau in Q4/2022, wurden im Jahr 2023 im I. Quartal mit

Abb. 6.41.1:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023



Tab. 6.41.1:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	2	1 %	3	1 %
klinisch-epidemiologisch (B)	1	1 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	133	94 %	239	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4	3 %	10	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	1 %	2	1 %
alle	141	100 %	254	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	141	100 %	254	100 %

86 (34%) übermittelten Fällen die höchsten Fallzahlen des Jahres erreicht. In Q2 fielen die Fallzahlen auf 51 (20 %) ab und blieben in Q3 mit 52 (20 %) Fällen auf konstantem Niveau, bis in Q4 mit 65 (26 %) Fällen wieder ein leichter Anstieg zu verzeichnen war (s. Abb. 6.41.1). Mit dieser Entwicklung näherte sich die Inzidenz im Jahr 2023 wieder an das saisonale Muster der Jahre vor der COVID-19-Pandemie (2020 bis 2022) an, in welchen nach Implementierung von Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie, auch ein Rückgang weiterer übertragbarer Krankheiten, wie invasive Meningokokken-Infektionen, zu beobachten war.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen lag bundesweit bei 0,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Median der 5 Vorjahre: 0,2 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.41.2).

Von den 206 (81 %) invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 198 Deutschland und bei 13 Länder des europäischen Auslands als wahrscheinliches Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich).

Demografische Verteilung

Die höchsten Fallzahlen traten bei Kindern unter 5 Jahren auf. Auf diese Altersgruppe entfallen 25 % (63 Fälle) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, darunter 38 Fälle bei Säuglingen (< 1 Jahr) und 10 Fälle bei 1-Jährigen. Unter den Säuglingen sind auch die höchsten

Inzidenzen mit durchschnittlich 5,2 Erkr./100.000 Einw. zu verzeichnen (s. Abb. 6.41.3). Dabei waren Säuglinge männlichen Geschlechts (6,1 Erkr./100.000 Einw.) häufiger betroffen als Säuglinge weiblichen Geschlechts (4,2 Erkr./100.000 Einw.). Ein zweiter, kleinerer Gipfel bestand in den Altersgruppen der 15- bis 19-Jährigen und 20- bis 24-Jährigen (durchschnittlich jeweils 0,6 Erkr./100.000 Einw.). Dabei waren junge Männer im Alter von 20 bis 24 Jahren (0,8 Erkr./100.000 Einw.) häufiger betroffen als gleichaltrige Frauen (0,4 Erkr./100.000 Einw.). Bei den Jugendlichen im Alter von 15 bis 19 Jahren zeigte sich dieser Unterschied nicht.

Von den insgesamt 254 Fällen waren 129 männlichen und 125 weiblichen Geschlechts. Über alle Altersgruppen unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem und weiblichem Geschlecht nicht (0,3 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.41.3).

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild wurden bei 252 der 254 invasiven Meningokokken-Infektionen (99 %) gemacht, wobei für 242 Fälle (95 %) Symptome im Sinne der Falldefinition berichtet wurden. Nach diesen Angaben lagen bei 106 Fällen eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 128 ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 46 Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das Waterhouse-Friderichsen-Syndrom bei 29 Fällen und Purpura fulminans bei 13 Fällen angegeben.

Abb. 6.41.2:

Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=254) im Vergleich mit den Vorjahren

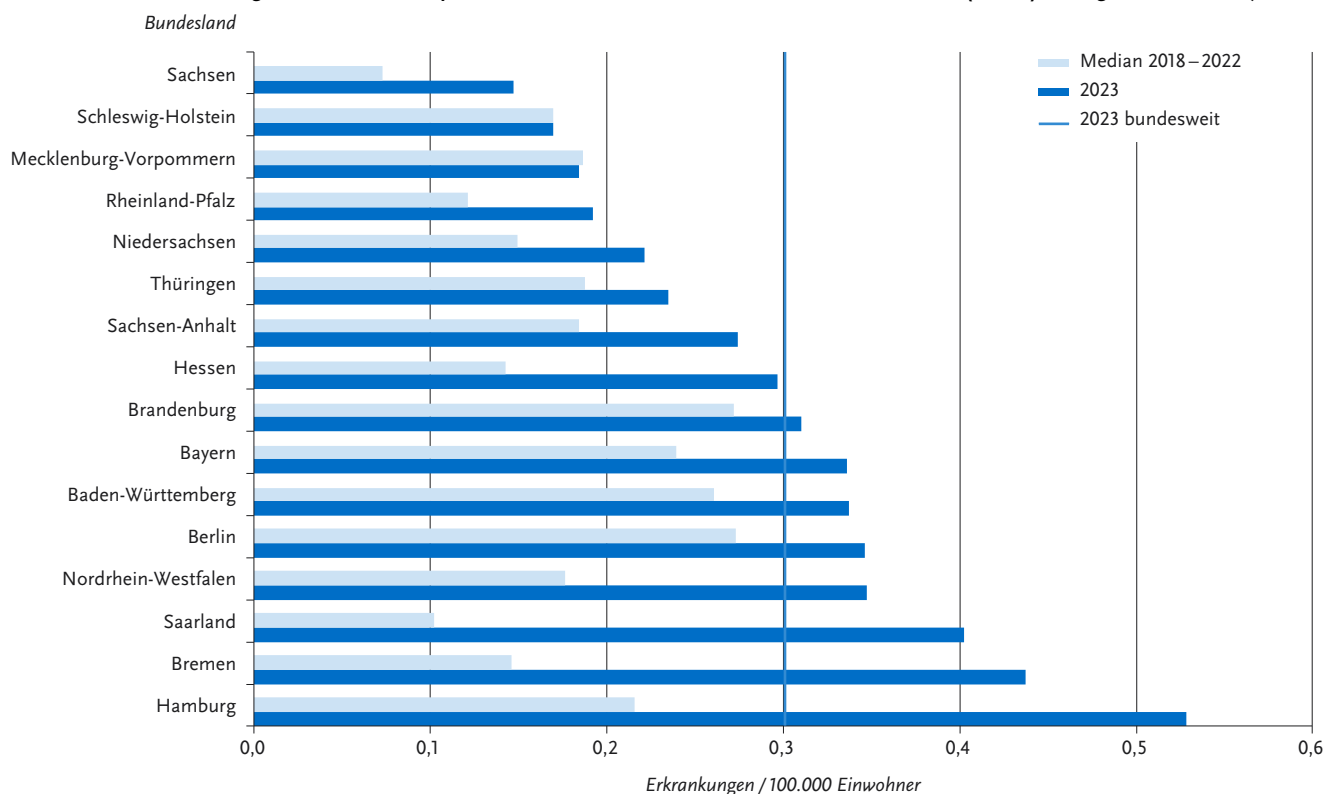
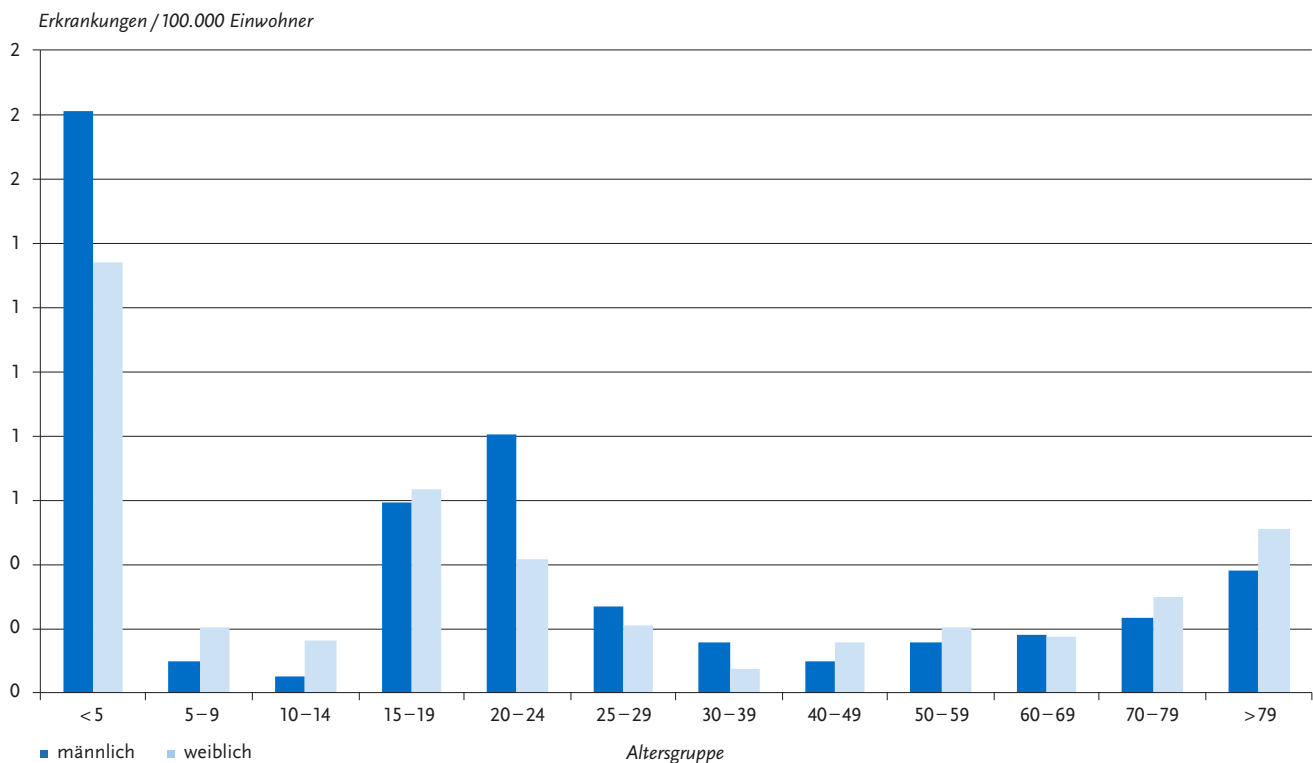


Abb. 6.41.3:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 254)



Insgesamt 37 Fälle mit invasiven Meningokokken-Infektionen wurden als verstorben übermittelt, davon sind 34 an der gemeldeten Krankheit verstorben. Die Verteilung der für die Infektion verantwortlichen Serogruppen war wie folgt: Serogruppe B: 14 Todesfälle, Serogruppe C: 2 Todesfälle, Serogruppe Y: 16 Todesfälle, nicht erhoben: 2 Todesfälle. Eine erkrankte Person verstarb aufgrund unbekannter Ursache (Serogruppe W) und 2 erkrankte Personen aufgrund anderer Ursache (Serogruppe Y: 1 Todesfall, nicht ermittelbar: 1 Todesfall). Die Letalität lag somit bei 15 % (Vorjahr: 9 %).

Impfstatus

Die Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird von der STIKO seit 2006 für alle Kinder im 2. Lebensjahr empfohlen. Dazu stehen zwei 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 zwei Impfdosen im Abstand von zwei 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. Eine quadrivalente Impfung gegen die Serogruppen A, C, W und Y wird von der STIKO bislang nur für Risikogruppen empfohlen. Die Grundimmunisierung besteht aus einer Impfdosis; Auffrischimpfungen

werden für Konjugat-Impfstoffe bislang nicht und für Polysaccharid-Impfstoffe nach 3 bis 5 Jahren empfohlen. Die Impfung gegen die Serogruppe B wird von der STIKO seit 2024 neben Risikopersonen auch für Säuglinge und Kleinkinder empfohlen. Laut Fachinformation von Bexsero® werden für einen wirksamen Schutz bei Säuglingen unter 12 Monaten mindestens zwei Impfdosen benötigt mit einer Auffrischimpfung ab 12 Monaten; bei allen anderen Altersgruppen insg. zwei Dosen. Bei dem Impfstoff Trumenba® (zugelassen ab 10 Jahren) besteht eine Grundimmunisierung wahlweise aus zwei oder drei Dosen (Details s. Fachinformationen). Auffrischimpfungen werden bislang nicht empfohlen.

Von 214 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 53 Fällen (25 %) die Angabe zum Impfstatus, in 30 Fällen (14 %) wurde mindestens eine Impfung berichtet, davon hatten 3 (10 %) Fälle einen Meningokokken-B-Impfstoff und 17 (57 %) Fälle einen Meningokokken-C-Impfstoff erhalten. Der Impfstoff der weiteren 10 (33 %) geimpften Fälle war nicht bekannt (nicht erhoben, nicht ermittelbar oder »andere/sonstige«).

Von den 17 Meningokokken-C-Geimpften hatte keiner der Fälle einen Nachweis der Serogruppe C, stattdessen wurde bei 8 Fällen die Serogruppe B sowie bei 9 Fällen die Serogruppe Y nachgewiesen. Es handelt sich hierbei also nicht um einen Impfdurchbruch. Von den 3 Meningokokken-B-Geimpften wurde bei 2 der Fälle eine Infektion mit der Serogruppe B nachgewiesen und bei einem der Fälle eine Infektion mit der Serogruppe Y. Einer der beiden Meningokokken-B-Fälle

(<1-Jähriges Kind) erkrankte bevor das Impfschema abgeschlossen wurde ca. 1 Monat nach der ersten Impfung. Risikofaktoren waren nicht bekannt. Der zweite Fall wurde altersgerecht geimpft und erkrankte ca. 1 Jahr nach Abschluss des Impfschemas. Risikofaktoren waren auch hier nicht bekannt. In beiden Fällen wurde eine unspezifische Symptomatik beobachtet, verstorben ist keiner der Fälle.

Nachgewiesene Erreger

Für 216 (85 %) der 254 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen lagen spezifische Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 86 %). Die Tabelle 6.41.2 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist wie in den Vorjahren mit 105 Fällen (49 %) die am häufigsten nachgewiesene Serogruppe (Vorjahr: 75 [61 %]); gefolgt von der Serogruppe Y mit 93 (43 %) Fällen, die im Jahr 2023 einen starken Anstieg zu verzeichnen hatte (Vorjahr: 29 [24 %]).

Die Serogruppe W wurde bei 9 (4 %) Fällen (Vorjahr: 7 [6 %]) und die Serogruppe C wurde bei 7 (3 %) Fällen (Vorjahr: 5 [4 %]) nachgewiesen. Bei 2 Fällen wurde keine Serogruppe aufgrund einer fehlenden Kapsel (NG) nachgewiesen und für 2 Fälle wurde die Serogruppe E nachgewiesen. Einem Fall wurde die unspezifische Angabe »andere/sonstige« zugeordnet, das Befundergebnis ist nicht weiter bekannt und eine Probe konnte lt. Angabe der zuständigen Landesstelle nicht an das NRZ übermittelt werden.

Im Vergleich zum Vorjahr zeigt sich ein Anstieg der Serogruppe Y, die vorwiegend in höheren Altersgruppen zu beobachten ist, wohingegen in Säuglingen und Kleinkindern < 5 Jahren weiterhin die Serogruppe B am häufigsten auftritt (45 [85 %] der 53 Fälle mit spezifischen Angaben zur Serogruppe des Erregers in <5-Jährigen). Die Serogruppen W und C behielten auch 2023 ein niedriges Niveau bei.

Seit 2006 wird für alle Kinder ab dem Alter von einem Jahr eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C empfohlen. Die folgende Analyse bezieht sich auf die Altersgruppe der 1- bis 14-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Im Rahmen der Schuleingangsuntersuchung 2020 wurde bei den Kindern im Alter von 4 bis 7 Jahre im Bundesdurchschnitt eine Impfquote von 90 % verzeichnet. Im Jahr 2023 war bei 30 von den 35 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe die Serogruppe angegeben. Bei keinem der 30 Fälle wurde die Serogruppe C nachgewiesen (Vorjahr: 0 Fälle, zw. 2017 bis 2021 ein bis 2 Fälle jährlich). Im Vergleich zum Jahr 2006 (Zeitpunkt der STIKO-Empfehlung) nahmen die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe C damit um 100 % (2023: 0 Fälle gegenüber 2006: 52 Fälle) ab. Im selben Zeitraum sind die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe B in dieser Altersgruppe allerdings auch stark zurückgegangen; insgesamt um 79 % (2023: 24 Fälle gegenüber 2006: 116 Fälle). Es liegt daher nahe, dass sich neben der Impfung auch weitere Faktoren auf das Infektionsgeschehen auswirken.

Tab. 6.41.2:

Serogruppenverteilung der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2023 (n = 216 mit Angabe der Serogruppe)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
Serogruppe B	105	48,6 %
Serogruppe Y	93	43,1 %
Serogruppe W	9	4,2 %
Serogruppe C	7	3,2 %
Serogruppe E	2	0,9 %
Summe	216	100 %

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurde eine Häufung mit 2 invasiven Meningokokken-Infektionen übermittelt. Dabei handelte es sich um eine Infektion im gleichen Haushalt bei gleichaltrigen Geschwistern im Alter von einem Jahr, die im Abstand von einem Tag erkrankten. Ursächlich waren Meningokokken der Serogruppe B.

Datenqualität

Die übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht waren vollständig. Der Anteil der übermittelten Infektionen mit eindeutigen Angaben zur Serogruppe lag bei 85 % und entspricht damit dem Niveau des Vorjahres (86 %). Angaben zum Impfstatus fehlten bei 28 % (71/254) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen. Unter den Fällen mit Angaben zum Impfstatus waren 81 % (148/183) ungeimpft. Die Angaben zum Impfstoff unter den geimpften Fällen waren bei 60 % (21/35) vorhanden und bei den übrigen 40 % (14/35) nicht vorhanden. 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 2023 im Vergleich zum Vorjahr weiter zu und auch die Mortalitätsrate ist im Vergleich zum Vorjahr angestiegen. Diese Entwicklung wurde vor allem von den Serogruppen B und Y getragen. Die Rücknahme der implementierten Maßnahmen zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie, wie das Tragen von Mund-Nasen-Schutz und Kontaktbeschränkungen, sind hierfür eine wahrscheinliche Erklärung. Dieser Trend setzte bereits Ende 2022 nach Ende der Maßnahmen ein.

Seit Einführung der Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C für einjährige Kinder im Jahr 2006 nahm die Zahl der Fälle mit dieser Serogruppe in der primären Impfzielgruppe der ein- bis inzwischen 14-jährigen Kinder auf ein sehr niedriges Niveau ab (seit 2017 ein bis 2 Fälle jährlich), es wurde 2022 erstmals und 2023 wiederholt kein Fall berichtet. Der beobachtete Rückgang ist zudem weiterhin deutlich ausgeprägter als der Rückgang der Erkrankungen durch die Serogruppe B.

Die Überwachung der Serogruppenverteilung und des Impfstatus der invasiven Meningokokken-Infektionen wie auch der Impfquoten in der Bevölkerung ist unerlässlich für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Impfungen gegen weitere Serogruppen und Auffrischungsimpfungen.

Literaturhinweise

Brueggemann AB, Jansen van Rensburg MJ, Shaw D, et al.: *Changes in the incidence of invasive disease due to Streptococcus pneumoniae, Haemophilus influenzae, and Neisseria meningitidis during the COVID-19 pandemic in 26 countries and territories in the Invasive Respiratory Infection Surveillance Initiative: a prospective analysis of surveillance data*. Lancet Digit Health 2021;3(6). [https://doi.org/10.1016/S2589-7500\(21\)00077-7](https://doi.org/10.1016/S2589-7500(21)00077-7).

Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;48. <https://doi.org/10.25646/10838>

Tenenbaum T, Hellenbrand W, Schrotten H: *Impfstoffe gegen Meningokokken für das Kindesalter*. Monatsschr Kinderheilkd 2019;167(3). <http://doi.org/10.1007/s00112-018-0635-7>.

Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2022)*. 2022. https://www.hygien.uni-wuerzburg.de/fileadmin/0321-meningococcus/2023/Web-Bericht_Nm_2022_DE_20230424.pdf

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2024*. Epid Bull 2024;4. <https://doi.org/10.25646/11892.4>

Piechotta V, Koch J, Bogdan C, et al.: *Empfehlung zur Standardimpfung von Säuglingen gegen Meningokokken der Serogruppe B und die dazugehörige wissenschaftliche Begründung*. Epid Bull 2024;3. <https://doi.org/10.25646/11900.2>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2021. www.rki.de/ratgeber

6.42 Middle East Respiratory Syndrome (MERS)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 0
- ▶ Letzter Fall in Deutschland in 2015
- ▶ Global ca. 2.600 Fälle, alle mit epidemiologischer Verbindung zu arabischer Halbinsel, seit 2014 sinkender Trend
- ▶ Dromedare sind das Reservoir, Infektionen kommen vor als Zoonose oder im Rahmen von Krankenhausexposition (einschl. Ausbrüche)
- ▶ Bisher keine anhaltende Mensch-zu-Mensch-Übertragung

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. Trotz beschriebener größerer Ausbrüche vor allem in Krankenhäusern in Saudi-Arabien und in Südkorea ist MERS nach wie vor eine Zoonose, anhaltende Übertragungen von Mensch zu Mensch wurden bis jetzt nicht beobachtet.

Eine typische Erkrankung beginnt mit Fieber und Husten, gefolgt von Atemnot. Häufig treten auch gastrointestinale Symptome auf. Die meisten Erkrankten entwickeln eine schwere Lungenerkrankung, insgesamt reicht das Krankheitsspektrum jedoch von asymptomatischen und leichten Infektionen bis zu tödlichen Verläufen. Der Großteil der Erkrankten, insbesondere derjenigen mit schwerem Krankheitsverlauf, hatte eine zugrundeliegende Erkrankung, wie z. B. chronisches Nierenversagen, Diabetes mellitus oder eine Herzerkrankung.

Dromedare sind die wichtigste Wirtspezies für MERS-CoV und stellen die bisher einzige nachgewiesene Quelle für Infektionen beim Menschen dar. Zoonotische Infektionen beim Menschen ereignen sich sporadisch im Rahmen einer Übertragung durch Dromedare und sind vermutlich auch der Ausgangspunkt für Häufungen (Cluster). Infizierte Dromedare selbst können völlig symptomlos sein.

Bis zum 31.12.2023 registrierte die Weltgesundheitsorganisation 2.609 Fälle, entsprechend einer Zunahme von 5 Fällen im Vergleich zum Vorjahr. Die Europäischen Center for Disease Control and Prevention geben mit 2.621 eine etwas höhere Zahl 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.

Ein Grund für den starken Rückgang sind möglicherweise die durch die COVID-19-Pandemie bedingte Reduktion in der Surveillance und Testung von anderen Infektionskrankheiten, was auch den Rückgang der Übermittlungen von asymptomatischen oder milden MERS-CoV-Fällen erklären könnte. Unter Umständen hatten die im Rahmen der COVID-19-Pandemie getroffenen Maßnahmen bzw. Ereignisse auch einen dämpfenden Einfluss auf die Mensch-zu-Mensch-Übertragungen, auch wenn diese nur einen Teil aller Übertragungen ausmachen. Möglicherweise vermitteln Antikörper gegen SARS-CoV-2 eine Kreuzimmunität auch gegen MERS-CoV. Die WHO empfiehlt weiterhin Menschen mit Vorerkrankungen, wie z. B. Diabetes mellitus, den Kontakt mit Dromedaren zu meiden.

Seit 2012 haben 27 Länder Fälle an die WHO gemeldet. Von den gemeldeten 2.609 Fällen starben 939, im Jahr 2023 verstarben 3 von 5 berichteten Fällen (Fall-Verstorbenen-Anteil insgesamt von 60 %). Unter den Primärfällen überwiegen Personen im Alter von 40 bis 80 Jahren mit dem höchsten Infektionsrisiko bei 50- bis 59-Jährigen. Sekundärfälle sind eher 20 bis 60 Jahre alt, mit dem höchsten Infektionsrisiko bei den 30- bis 39-Jährigen. Die Mehrheit der bisherigen MERS-CoV-Fälle ist männlich (69 %). Der Fall-Verstorbenen-Anteil steigt mit zunehmendem Alter an.

Die Mehrheit aller MERS-CoV-Fälle stammt mit 2.200 Fällen (84 %; 2.200 von 2.609 Fällen) und 858 Todesfällen aus Saudi-Arabien. Sämtliche bisherigen weltweiten Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel zuzuordnen sind. Auch ein großer Ausbruch in Südkorea im Jahr 2015 entstand nach dem Import der Erkrankung durch eine südkoreanische Person, die mehrere Länder der arabischen Halbinsel bereist hatte. Neben Saudi-Arabien berichteten 26 weitere Länder von mindestens einem Fall. Wenige importierte Erkrankungen wurden auch in europäischen Ländern (Deutschland, Frankreich, Italien, Österreich und im Vereinigten Königreich) identifiziert und in Einzelfällen kam es zu Sekundärinfektionen durch importierte Fälle.

Wichtig für die globale Risikoeinschätzung – aber auch für Deutschland – ist, dass es bisher noch keine Hinweise auf eine anhaltende Übertragung von Mensch zu Mensch gibt, auch nicht in Ländern der arabischen Halbinsel.

Situation in Deutschland

Nach Deutschland importierte Infektionen sind jederzeit möglich, da ca. eine Million Personen jährlich aus den Ländern der arabischen Halbinsel nach Deutschland reisen. Reisende, die die arabische Halbinsel besuchen, sind vor allem dann einem erhöhten Risiko ausgesetzt, wenn sie Kamelmärkte besuchen, nicht pasteurisierte Kamelmilch konsumieren oder auf andere Art und Weise Kontakt mit dromedarischen Kamelen, deren Produkten oder Ausscheidungen haben. Im Oktober 2012 und im März 2013 wurden 2 Personen, die ihre Infektion auf der arabischen Halbinsel erworben hatten, in deutschen Krankenhäusern behandelt,

davon verstarb eine Person. Die Untersuchung von Kontaktpersonen ergab bei keinem der beiden Erkrankten einen Hinweis auf Sekundärinfektionen. Im März 2015 wurde in Deutschland zum dritten Mal eine Person mit MERS diagnostiziert. Es handelte sich um einen 65 Jahre alten Deutschen, der sich vermutlich beim Besuch eines Kamelmarktes in den Vereinigten Arabischen Emiraten infiziert hatte und an den Spätfolgen der Erkrankung verstarb. Seit 2015 wurde kein MERS-Fall mehr in Deutschland übermittelt. Seit dem 01.03.2020 ist der direkte oder indirekte Nachweis von MERS-CoV gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 31a IfSG meldepflichtig, soweit der Nachweis auf eine akute Infektion hinweist.

Fazit

Über sporadische, meist zoonotische MERS-CoV-Infektionen wird in geringer Zahl weiterhin aus Saudi-Arabien berichtet, in Deutschland traten seit 2015 keine Fälle mehr auf. Eine anhaltende Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde bisher nicht beobachtet.

Literaturhinweise

- WHO: *Disease Outbreak News. Middle East respiratory syndrome coronavirus-Kingdom of Saudi Arabia*. 2024. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON516>
- ECDC: *Middle East respiratory syndrome situation update*. 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers-cov-situation-update>
- Zhang A-R, Shi W-Q, Liu K, et al.: *Epidemiology and evolution of Middle East respiratory syndrome coronavirus, 2012 – 2020*. *Infect Dis Poverty* 2021;10(1). <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;8(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1618687>
- Corman VM, Lienau J, Witzenthat M: *Coronaviren als Ursache respiratorischer Infektionen*. *Internist* 2019;60(11). <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;20(4). <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;18(8). <https://doi.org/10.2807/es.e18.08.20406-en>
- RKI: *Informationen zu MERS*. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/M/MERS_Coronavirus/MERS_Coronavirus.html

6.43 Milzbrand



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 0
- ▶ Keine übermittelten Fälle seit über 10 Jahren.

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 2023 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei Heroingebrauchenden übermittelt; ein Patient verstarb. Diese 4 Erkrankungen standen, ebenso wie 2 Erkrankungen in den Jahren 2009/2010 in Deutschland, im Zusammenhang mit einem europaweiten Ausbruchsgeschehen unter Heroingebrauchenden. Davor war der letzte Fall von Milzbrand in Deutschland im Jahr 1994 bekannt geworden.

Fazit

Milzbrand ist in Deutschland eine mittlerweile extrem seltene Erkrankung. Die letzten Erkrankungen beim Menschen wurden vor mehr als 10 Jahren übermittelt.

Literaturhinweise

Berger T, Kassirer M, Aran AA: *Injectional anthrax – new presentation of an old disease*. Euro Surveill 2014;19(32). <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;109(49). <https://doi.org/10.3238/arztebl.2012.0843>

Keim P, Grunow R, Vipond R, et al.: *Whole Genome Analysis of Injectional Anthrax Identifies Two Disease Clusters Spanning More Than 13 Years*. EBio Medicine 2015;2(11). <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2015.10.004>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2013. www.rki.de/ratgeber

6.44 Mpox



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 123
- ▶ Fälle fast ausschließlich bei Männern
- ▶ Starker Rückgang der Fälle nach Ausbruchsgeschehen in 2022
- ▶ Seit Sommer 2023 kontinuierliches Transmissionsgeschehen auf niedrigem Niveau

Kurzbeschreibung

Mpox werden ausgelöst durch das Affenpockenvirus (engl. Monkeypox virus, MPXV), ein behülltes DNA-Virus aus der Gattung Orthopoxvirus. Das Virus ist verwandt mit den klassischen humanen Pockenviren (Variola, Smallpox) und den ebenfalls als Zoonose bekannten Kuhpockenviren.

MPXV sind in West- und Zentralafrika bei Nagetieren endemisch verbreitet, die Übertragung auf den Menschen erfolgt hier überwiegend zoonotisch. Beim Menschen wurden Mpox erstmals 1970 in der Demokratischen Republik Kongo identifiziert. Seitdem wurden humane Fälle von Mpox insbesondere in west- und zentralafrikanischen Ländern gemeldet. Außerhalb des afrikanischen Kontinents wurden seit dem ersten bekannten reiseassoziierten Fall in 2003 bis zum Frühjahr 2022 nur vereinzelte reiseassoziierte Fälle nachgewiesen.

Eine Übertragung erfolgte vor 2022 laut Berichten vorwiegend zoonotisch, insbesondere von Nagetieren auf den Menschen. Im globalen Ausbruchsgeschehen seit Frühjahr 2022 wurden MPXV ganz überwiegend von Mensch zu Mensch übertragen. Infektionen wurden fast ausschließlich bei engen Kontakten beobachtet, insbesondere im Rahmen sexueller Aktivitäten. Die Übertragung erfolgt hier insbesondere durch den direkten Kontakt von Haut, Schleimhaut oder den typischen Hautveränderungen (sog. (Pocken-) Läsionen), wobei sowohl Bläscheninhalt als auch Schorf infektiös sind.

Die Infektion äußert sich häufig durch Auftreten eines oder mehrerer unspezifischer Symptome wie Fieber, Schüttelfrost, Muskelschmerzen, Kopfschmerzen, Fatigue, Gelenkschmerzen oder Lymphadenopathie. Typisch für Mpox sind Haut- oder Schleimhauteffloreszenzen, die aber nicht bei allen Fällen auftreten müssen. Die Effloreszenzen durchlaufen die Stadien Macula, Papula, Vesicula und Pustula bis zu Entstehung von (infektiösen) Krusten. Die Krankheit verläuft bei Erwachsenen i. d. R. mild bis moderat und nach 14 bis 21 Tagen selbstlimitierend, deutlich längere und auch schwere Verläufe sind aber möglich.

Situation in Deutschland

Mpox sind in Deutschland gemäß § 6 Abs. 1 bzw. § 7 Abs. 1 IfSG meldepflichtig (vor Einführung des Meldetatbestands Orthopocken im Herbst 2022 wurden Mpox unter der

Kategorie »weitere bedrohliche Krankheit« gemeldet). Im Kontext des länderübergreifenden Ausbruchsgeschehens mit Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde dem RKI erstmals am 20.5.2022 ein Fall von Mpox gemeldet. Im Jahr 2023 wurden insgesamt 123 Fälle an das RKI gemeldet, ein Rückgang gegenüber dem Vorjahr um 97% (2022: 3.670 Fälle). Bundesweit lag die Inzidenz damit bei 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnern, mit einer deutlich erhöhten Inzidenz in Berlin (2,1, Vorjahr: 44,4). Aus den übrigen Stadt- und Landkreisen wurde nur eine geringe einstellige Anzahl von Fällen bzw. meist keine Fälle gemeldet, resultierend in noch deutlich niedrigeren Inzidenzen.

Der Männeranteil der Fälle lag bei 99,2%, der Frauenanteil bei 0,8% (1 Fall). Die höchste Inzidenz wiesen Männer der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf (1,0 Erkr./100.000 Einw.). Der einzige bei einer Frau gemeldete Fall wurde in der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen diagnostiziert.

Bei 1,7% der Fälle im Jahr 2023 wurde von einer Hospitalisierung berichtet, es wurde kein Todesfall gemeldet.

Nach nur 13 im Januar 2023 vorwiegend aus Berlin gemeldeten Fällen wurden weitere Fälle kontinuierlich erst wieder ab Juli 2023 gemeldet, mit zumeist zwei bis zehn Fällen pro Woche.

Fazit

Nach dem starken Anstieg von Mpox-Fällen seit im Juni 2022 im Rahmen eines internationalen Ausbruchsgeschehens kam es zu einem starken Rückgang der Fallzahlen ab September 2022. Seit dem Sommer 2023 ist in Deutschland ein kontinuierliches Transmissionsgeschehen auf deutlich niedrigerem Niveau als 2022 zu verzeichnen.

Literaturhinweise

- Koppe U, Jansen K, Schmidt AJ, et al.: *Clinically inapparent mpox virus (MPXV) infections among clients of three anonymous Community Based Voluntary Counselling and Testing centres in Berlin, Germany, 2022 – 2023*. BMC Infect Dis. 2024;24(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-024-09510-x>
- Lachmann R, Frank C, Stark K, Falkenhorst G: *Kurze Inkubationszeiten bei Affenpockenfällen in Deutschland während des aktuellen Ausbruchsgeschehens*. Epid Bull 2022;37. <https://doi.org/10.25646/10506>
- Marcus U, Michel J, Lunchenkov N, et al.: *A seroprevalence study indicates a high proportion of clinically undiagnosed MPXV infections in men who have sex with men in Berlin, Germany*. BMC Infect Dis. 2024;24(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-024-10066-z>
- McFarland S, Marcus U, Hemmers L, et al.: *Estimated incubation period distributions of mpox using cases from two international European festivals and outbreaks in a club in Berlin, May to June 2022*. Euro Surveill 2023;28(27). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.27.2200806>
- Obermeier PE, Plinke CF, Brinkmann A, et al.: *Reemergence of Clade IIb-Associated Mpox, Germany, July-December 2023*. Emerg Infect Dis. 2024;30(7). <https://doi.org/10.3201/eid3007.240092>

RKI: Mpox. <https://www.rki.de/mpox>

RKI: RKI-Ratgeber. 2024. www.rki.de/ratgeber

Selb R, Werber D, Falkenhorst G, et al.: *A shift from travel-associated cases to autochthonous transmission with Berlin as epicentre of the monkeypox outbreak in Germany, May to June 2022*. Euro Surveill 2022;27(27). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.27.2200499>

Thornhill JP, Barkati S, Walmsley S, et al.: *Monkeypox Virus Infection in Humans across 16 Countries – April-June 2022*. N Engl J Med 2022;387(8). <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2207323>

Vaughan A M, Afzal M, Nannapaneni P, et al.: *Continued circulation of mpox: an epidemiological and phylogenetic assessment, European Region, 2023 to 2024*. Euro Surveill. 2024;29(27). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.27.2400330>

6.45 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 1.114
- ▶ Von 2012 bis 2020 deutliche Abnahme der Fallzahlen, seit 2020 Vorliegen eines Plateaus mit einem leichten Anstieg der Fallzahlen in 2023
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern über 79 Jahren

Kurzbeschreibung

Staphylococcus aureus ist ein bakterieller Erreger, der natürlicherweise auf Haut und Schleimhäuten von Mensch und Tier vorkommen kann. Er verursacht ein weites Spektrum von Erkrankungen, das von Haut- und Weichteilinfektionen (z. B. Furunkel, Wundinfektionen), Abszessbildungen in nahezu allen Körperregionen, Lungenentzündung bis hin zu schweren systemischen Infektionen wie z. B. Sepsis (Blutvergiftung) reicht. Methicillin-resistente *Staphylococcus-aureus*-Stämme haben eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika ausgebildet, die ansonsten eine hohe Wirksamkeit bei Staphylokokken-Infektionen besitzen. Dadurch werden die Therapiemöglichkeiten auf wenige, meist nebenwirkungsreichere Antibiotika eingeschränkt. MRSA hat eine besondere Bedeutung als Erreger von Krankenhausinfektionen, spielt aber auch im ambulanten Bereich eine Rolle. Zudem kommt es regelmäßig zu Übertragungen von kolonisierten Tieren (z. B. Schweinen) auf den Menschen.

Meldepflichtig gemäß IfSG ist der direkte Nachweis von MRSA in Blutkultur oder Liquor. Die Meldepflicht wurde zum 01.07.2009 eingeführt. Übermittelt werden alle labor-diagnostisch bestätigten Infektionen unabhängig vom klinischen Bild, diese erfüllen gleichzeitig die Referenzdefinition. Der Nachweis von Krankheitserregern in der Blutkultur wird als Bakteriämie bezeichnet und ist nicht in jedem Fall mit einer Sepsis verbunden.

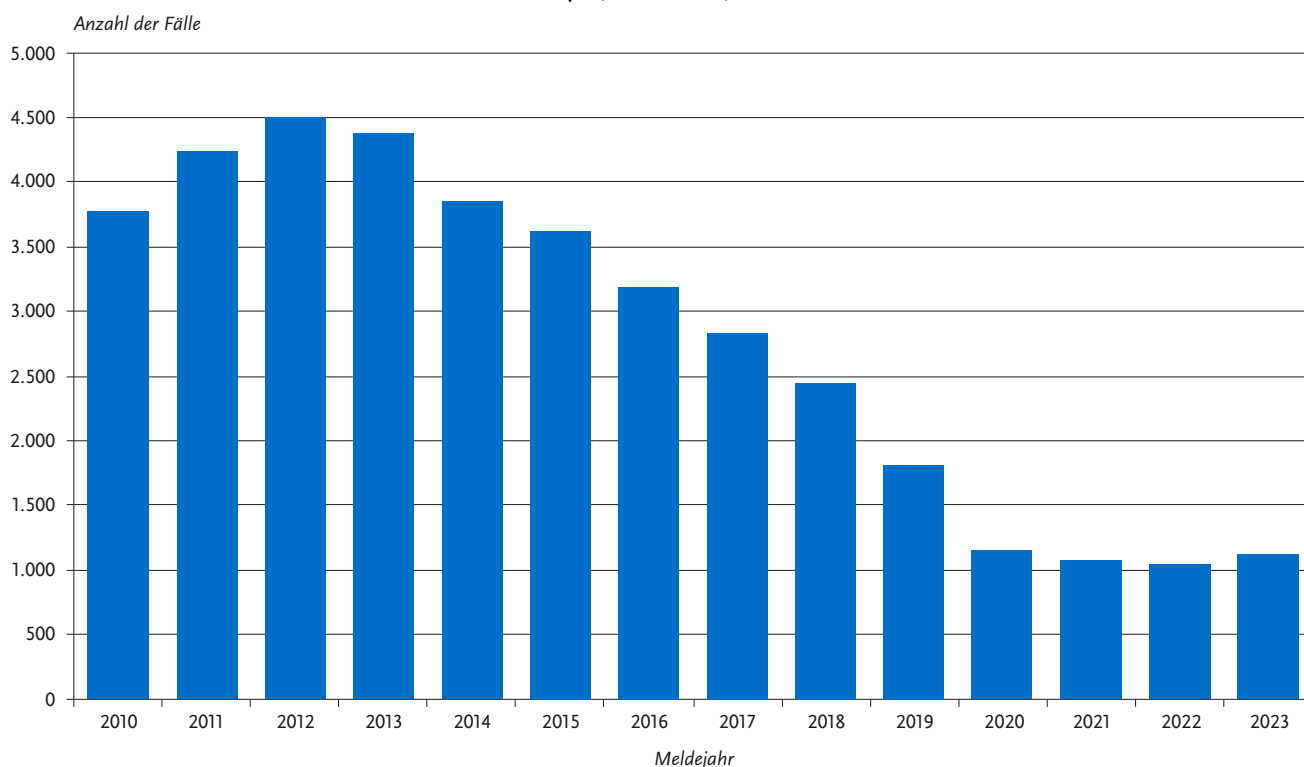
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.45.1).

Tab. 6.45.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	735	71 %	764	69 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	169	16 %	178	16 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	136	13 %	172	15 %
alle	1.040	100 %	1.114	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	1.040	100 %	1.114	100 %

Abb. 6.45.1:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2010 bis 2023



Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 1.114 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 7 % mehr als im Vorjahr (1.040). Die Inzidenz in Deutschland betrug 1,3 Fälle pro 100.000 Einwohner und entspricht somit annähernd der Inzidenz des Vorjahres von 1,2 Fällen/100.000 Einw. Seit 2012 waren sinkende Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.45.1). Während dieser Rückgang im Jahr 2020 besonders ausgeprägt war, zeigte sich in den Jahren 2021/22 nur eine geringe Verminderung. Im Jahr 2023 zeigte sich erstmalig seit 2012 ein leichter Anstieg der Fallzahlen.

Geografische Verteilung

In den meisten Bundesländern unterschied sich die Anzahl der übermittelten MRSA-Infektionen im Gegensatz zum Vorjahr nicht wesentlich. Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 0,6 (Rheinland-Pfalz, Baden-Württemberg) und

2,1 (Sachsen-Anhalt) Fälle/100.000 Einw. (s. Abb. 6.45.2). Die Gründe für die regionalen Unterschiede können durch die im Meldesystem erhobenen Daten nicht geklärt werden.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter invasiver MRSA-Infektionen steigt ab der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen mit zunehmendem Alter an. Die altersspezifische Inzidenz erreichte mit 5,7 Fällen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 3,5. Insgesamt 75 % der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (0,9 Fälle/100.000 Einw.) auf (s. Abb. 6.45.3). Mit einer Inzidenz von 1,8 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (0,9 Fälle/100.000 Einw.).

Abb. 6.45.2:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 1.114) im Vergleich mit den Vorjahren

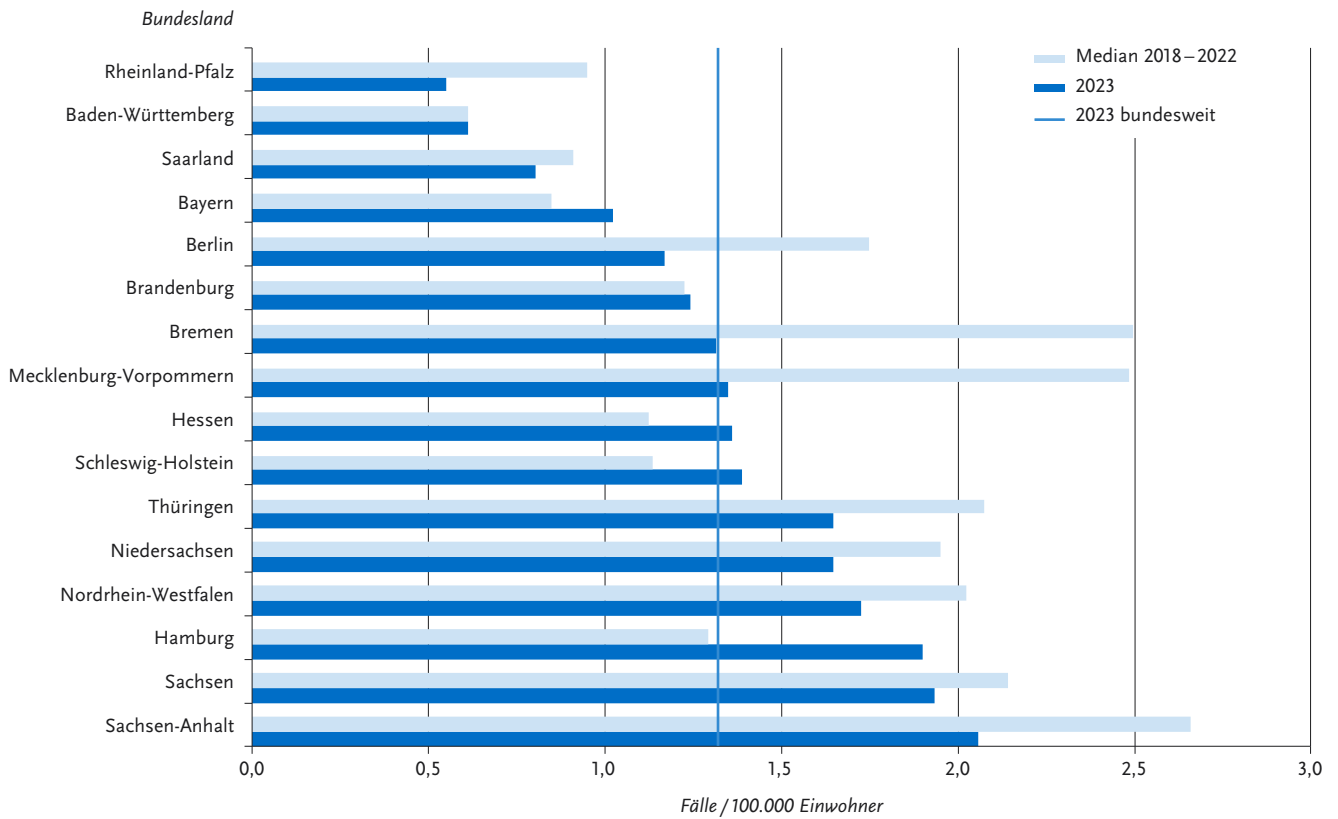
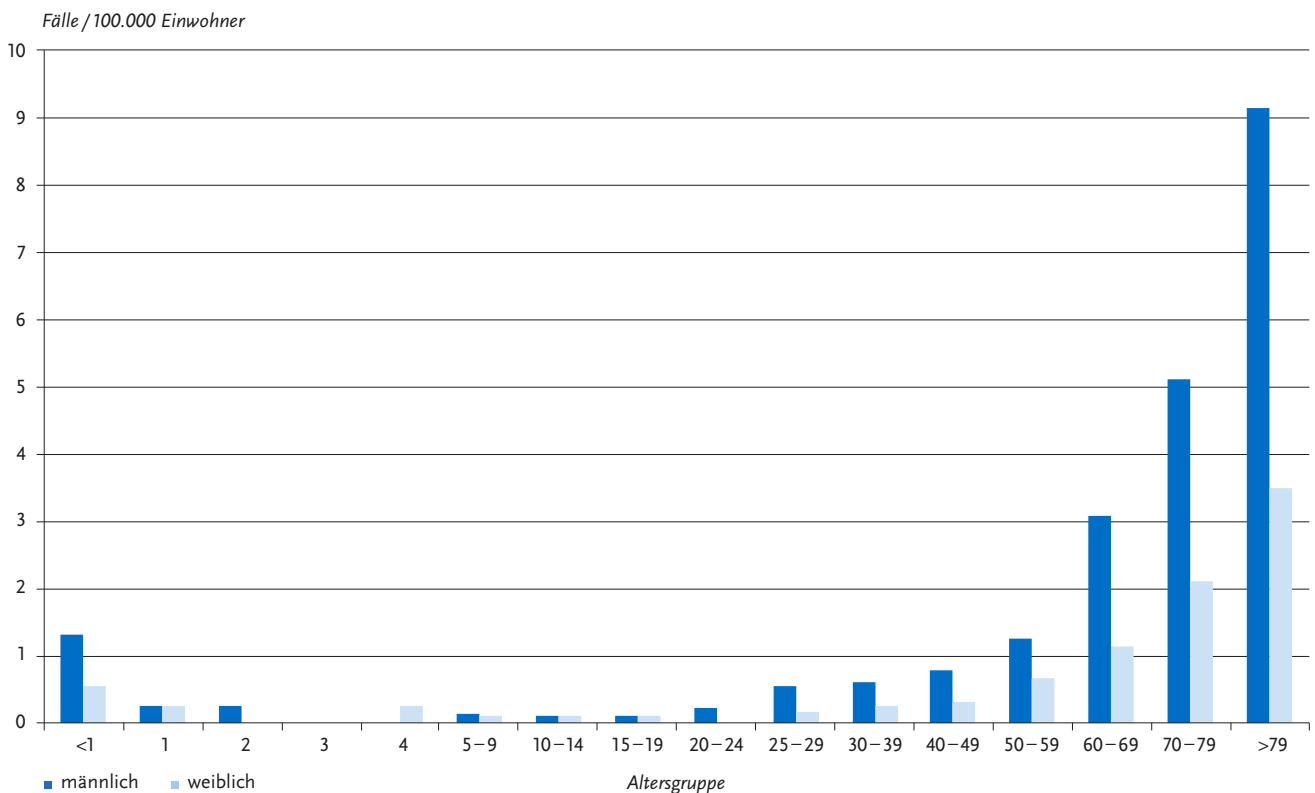


Abb. 6.45.3:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 1.112)



Klinische Aspekte

Die MRSA-Nachweise stammten zu 99 % aus Blutkulturen. Bei 13 (1,2 %) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 4 von diesen 13 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 856 der übermittelten Fälle lagen Angaben zum klinischen Bild vor. Bei 505 (59 %) der Fälle mit vorhandenen klinischen Angaben wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 550 (64 %) Fällen wurde Fieber angegeben. Bei 201 (23 %) der übermittelten Fälle mit klinischen Angaben lag ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art vor. Es wurden 64 Todesfälle (5,9 % von 1.088 Fällen mit entsprechenden Angaben) berichtet, die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden. Da die Personen häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist für den behandelnden Arzt nicht immer eindeutig abzugrenzen, ob die Person an oder mit der MRSA-Infektion verstorben ist. Die Nachverfolgungszeit im Hinblick auf den klinischen Verlauf bzw. einer möglichen Todesfolge ist nicht bekannt, geht aber in der Regel nicht über den Krankenhausaufenthalt hinaus.

Datenqualität

Die MRSA-Melddaten erlauben eine bevölkerungsbezogene Abschätzung der schweren, invasiv verlaufenden MRSA-Infektionen. Mit MRSA-Bakteriämien als Indikator für die Gesamtbelastung durch MRSA-Infektionen können Entwicklungen und Trends in Häufigkeit und Verteilung im Krankenhaus aufgezeigt werden. Zu beachten ist aber, dass die Situation von weniger schwer verlaufenden Infektionen, die vor allem im ambulanten Bereich auftreten, nicht adäquat widerspiegelt wird.

Da der MRSA-Nachweis aus Blut und Liquor kein ausreichend sensitives Instrument für die Erkennung von MRSA-Ausbrüchen ist, wird auf eine gesonderte Darstellung von MRSA-Ausbrüchen verzichtet.

Eine Untererfassung von MRSA-Infektionen ist möglich, wenn z. B. keine adäquate Blutkultur-Diagnostik erfolgt oder bedingt durch eine empirisch durchgeführte antibiotische Therapie die kulturelle Isolierung des Erregers nicht gelingt. Hierbei ist zu beachten, dass die Anzahl der durchgeführten Blutkulturen pro Patiententage in Deutschland in den letzten Jahren angestiegen ist. Aber auch eine Überschätzung von MRSA-Infektionen muss in Betracht gezogen werden, da bei der Entnahme von Blutkulturen Kontaminationen vorkommen können.

Fazit

Nach dem starken Rückgang der nachgewiesenen MRSA-Infektionen im Jahr 2020 im Vergleich zu den Vorjahren hat sich weitestgehend ein Plateau etabliert. In den Jahren 2021 und 2022 gab es nur einen geringen Rückgang, 2023 zeigte sich ein leichter Anstieg der Fallzahlen. Diese Entwicklung muss weiter beobachtet werden.

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;9(5). <https://doi.org/10.3390/microorganisms9050894>
- Glasner C, Berends MS, Becker K, et al.: *A prospective multicentre screening study on multidrug-resistant organisms in intensive care units in the Dutch–German cross-border region, 2017 to 2018: the importance of healthcare structures*. Euro Surveill 2022;27(5). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.5.2001660>
- KRINKO: *Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten Staphylococcus aureus-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen*. Bundesgesundheitsbl 2014;57(6). <https://doi.org/10.1007/s00103-014-1980-x>
- Layer-Nicolaou F, Strommenger B, Cuny C, Werner G: *Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Zur Situation 2021/2022*. Epid Bull 2023;44. <https://doi.org/10.25646/11743>
- 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 Antibiotikaresistenzen und C. difficile-Infektionen*. Epid Bull 2021;7. <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. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2016-037>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2016. www.rki.de/ratgeber

6.46 Mumps



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 329
- Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 114 bis 835 Erkrankungen
- Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 10 Jahren (STIKO-Impfempfehlung für diese Altersgruppe)
- 55 % der Mumps-Erkrankten sind 20 Jahre und älter
- 7% der männlichen Mumps-Fälle haben eine Orchitis
- Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung. Die Wirksamkeit der Impfung nimmt jedoch mit der Zeit ab (»waning immunity«).
- Hohe Anzahl an möglichen Impfdurchbrüchen (59 Erkrankungen)
- Hoher Anteil an Fällen (45 %), 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 Virus-erkrankung, die aerogen oder direkt über Speichelkontakt übertragen wird und nur beim Menschen vorkommt. Sie ist typischerweise durch Fieber und eine schmerzhafte einseitige (20 bis 30 %) oder doppelseitige (70 bis 80 %) entzündliche

Schwellung der Ohrspeicheldrüse (Parotitis) gekennzeichnet, aber es können auch andere Speicheldrüsen und die Bauchspeicheldrüse (Pankreatitis) betroffen sein. Im Rahmen der Mumps-Erkrankung können eine Reihe von Komplikationen auftreten, die mit steigendem Alter häufiger werden. Die Erkrankung kann mit einer Meningitis, einer Enzephalitis und einem Hörverlust einhergehen. Bei Erwachsenen kann eine Hodenentzündung (Orchitis), eine Eierstockentzündung (Oophoritis) oder Brustdrüsenentzündung (Mastitis) auftreten. Nach einer Mumps-Infektion besteht in der Regel eine lebenslange Immunität. 1976 wurde erstmalig eine Empfehlung zur Mumps-Impfung von der STIKO ausgesprochen. Nach aktuell gültiger STIKO-Impfempfehlung sollen 2 Impfstoffdosen verabreicht werden: Die 1. Impfstoffdosis im Alter von 11 Monaten, die 2. Impfstoffdosis im Alter von 15 Monaten. Seit dem 29.03.2013 besteht gemäß IfSG für Ärzte und Labore eine bundesweite Meldepflicht für Mumps und den Nachweis von Mumpsvirus.

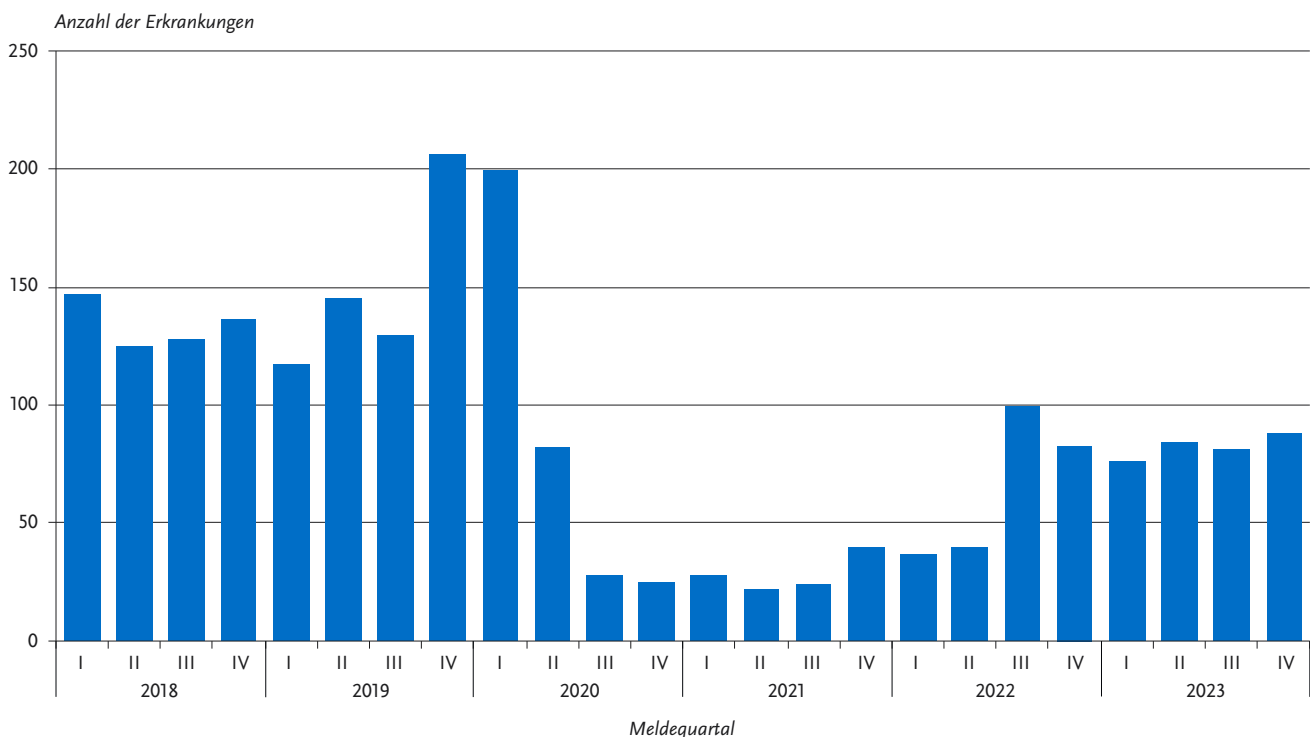
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.46.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2023 wurden 329 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Die Zahl der Mumps-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr (259 Erkrankungen), nach dem Rückgang in den Jahren 2021 und 2022 während der Pandemie weiter zugenommen (+ 27%). Trotz des fortgesetzten Anstiegs handelt es sich um die drittniedrigste gemessene Fallzahl, die seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 registriert wurde. Das bisherige jährliche Maximum lag im Jahr 2014 bei 835 Erkrankungen. Mumps-Erkrankungen traten im gesamten Jahr 2023 auf. Ein saisonales Auftreten zeichnet sich nicht ab. Pro Quartal des Jahres 2023 wurden zwischen 76 und 88 Mumps-Erkrankungen übermittelt. (s. Abb. 6.46.1).

Abb. 6.46.1:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2018 bis 2023



Tab. 6.46.1:
Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	83	21 %	85	14 %
klinisch-epidemiologisch (B)	14	3 %	7	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	162	40 %	237	40 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	62	15 %	124	21 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	80	20 %	146	24 %
alle	401	100 %	599	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	259	65 %	329	55 %

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz im Jahr 2023 betrug 0,39 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und liegt damit auf dem Niveau des Medians der 5 Vorjahre (0,41 Erkr./100.000 Einw.). Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden mit abnehmender Höhe in den folgenden Bundesländern verzeichnet: dem Saarland (1,3), Bremen (0,58), Rheinland-Pfalz (0,53), Hamburg (0,53), Bayern (0,52), Schleswig-Holstein (0,47) und Berlin (0,45). (s. Abb. 6.46.2). Einen besonders deutlichen Anstieg der Inzidenz von >50 % im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet man im Saarland und in Sachsen und einen besonders deutlichen Rückgang der Inzidenz um $\geq 50\%$ im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet man in Mecklenburg-Vorpommern. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 193 Erkrankungen vor. Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (mit 169 von 193 [88 %] Erkrankungen mit Nennungen).

Demografische Verteilung

Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf, allerdings zeigt sich ein deutlicher Erkrankungsgipfel mit hohen altersspezifischen Inzidenzen im Kindesalter bei < 10-jährigen (1,3 Erkr./100.000 Einw.). In den übrigen Altersgruppen

≥ 10 Jahre ist die Inzidenz weniger als halb so hoch ($\leq 0,3$ Erkr./100.000 Einwohner). Etwas mehr als die Hälfte (55 %) der Erkrankten waren 20 Jahre und älter. Ab einem Alter von 80 Jahren traten Mumps-Erkrankungen nur selten auf (s. Abb. 6.46.3). Die Mumps-Inzidenz in Deutschland ist im Jahr 2023 bei Mädchen und Frauen nahezu gleich hoch wie bei Jungen und Männern (0,37 bzw. 0,41). Während im Kindesalter etwas mehr Jungen betroffen sind, sind im Jugend- und Erwachsenenalter überwiegend Frauen betroffen.

Klinische Aspekte

Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, war bei 293 (89 %) 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 153-mal (47 %), Pankreatitis 6-mal (2 %), Enzephalitis 4-mal (1 %), Hörverlust 2-mal (< 1 %), Meningitis 2-mal (< 1 %), Oophoritis 1-mal (< 1 % der Mädchen und Frauen) und Orchitis 12-mal (7 % der Jungen und Männer). Im Jahr 2022 wurde kein Mumps-assoziiierter Todesfall übermittelt.

Abb. 6.46.2:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 329)

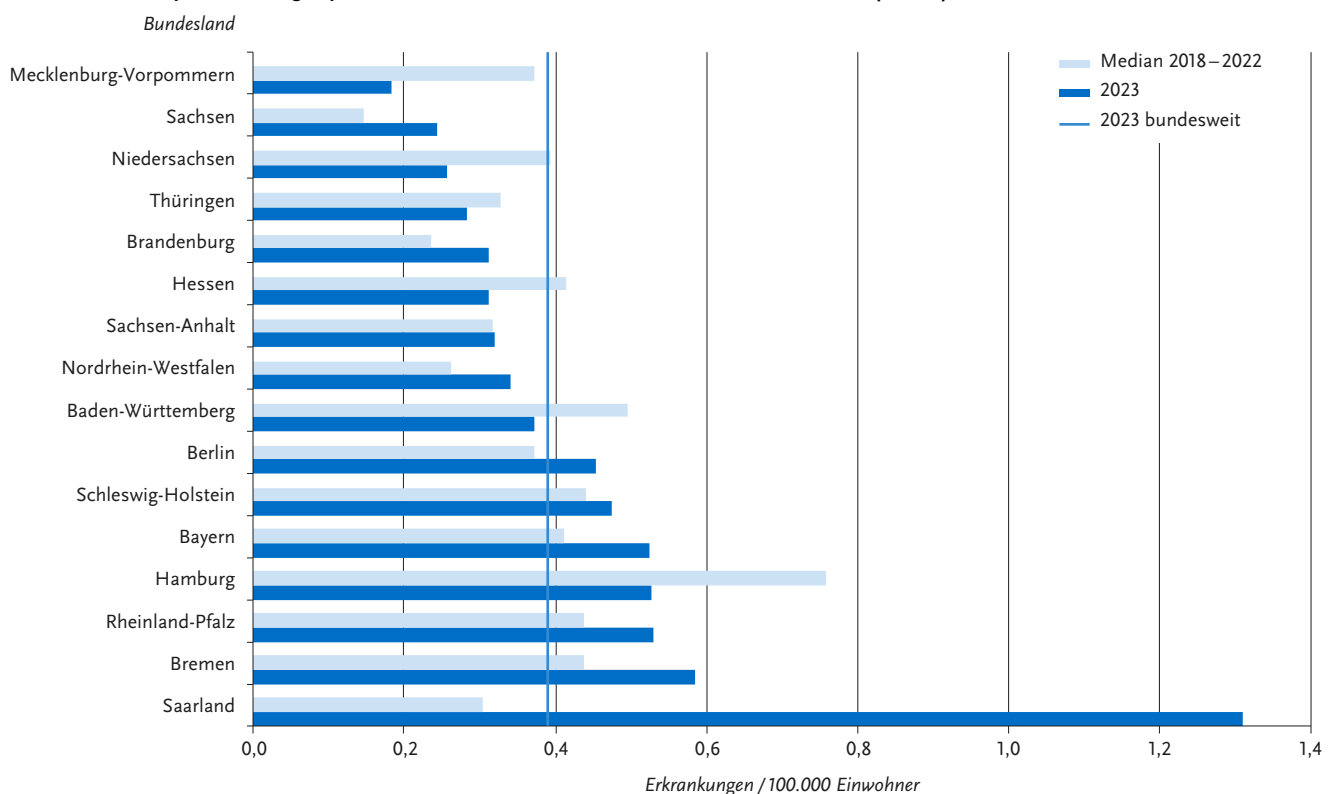
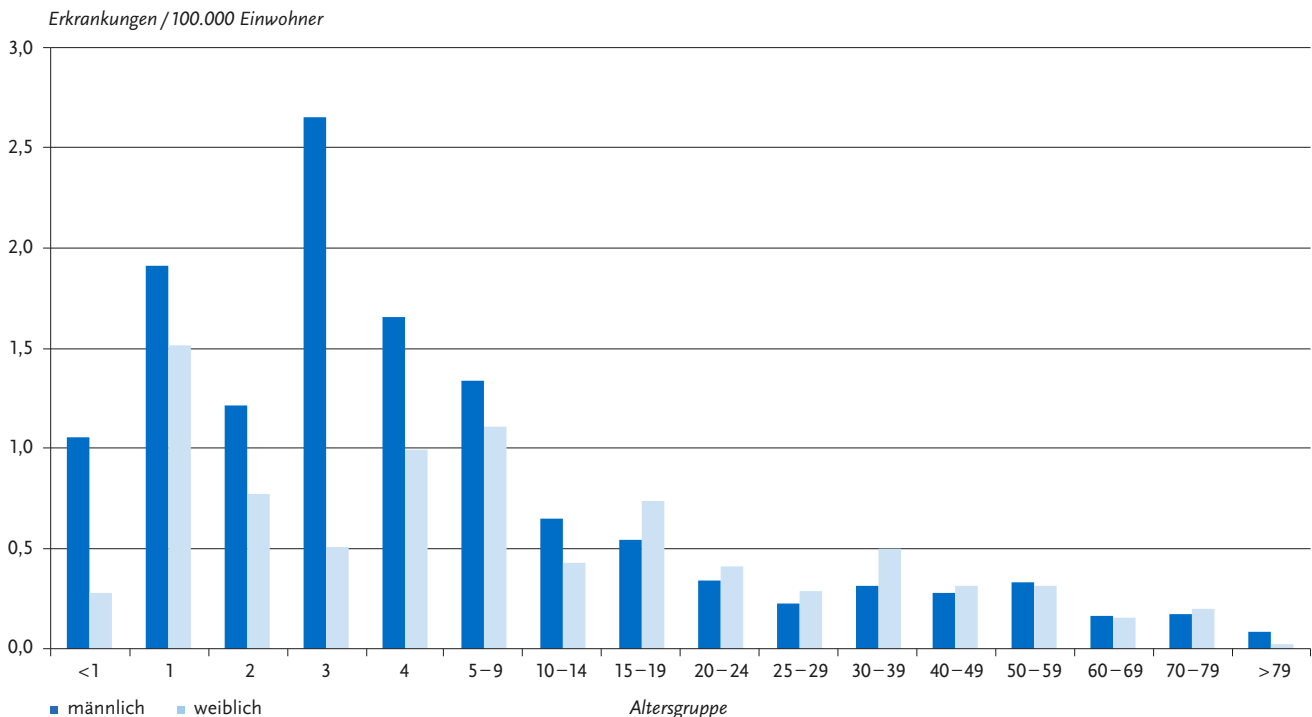


Abb. 6.46.3:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 328)



Impfstatus

Die Impfung gegen Mumps sollte mit einem Kombinationsimpfstoff (Masern-Mumps-Röteln-Impfstoff; MMR) erfolgen.

Nach der aktuellen STIKO-Empfehlung, sollen 2 Impfstoffdosen verabreicht werden: Die 1. Impfstoffdosis im Alter von 11 Monaten, die 2. Impfstoffdosis im Alter von 15 Monaten. Zwischen den Impfstoffdosen soll ein Mindestabstand von 4 Wochen eingehalten werden. Fehlende Impfstoffdosen sollen bis zum 18. Geburtstag nachgeholt werden. Wird die Mumps-Impfung im Erwachsenenalter nachgeholt, ist eine einmalige Impfung ausreichend. Für die beruflich indizierte MMR-Impfung, ist bei Personal in medizinischen Einrichtungen, Einrichtungen der Pflege, Gemeinschaftseinrichtungen, Einrichtungen zur gemeinschaftlichen Unterbringung von Asylbewerbern, Ausreisepflichtigen, Geflüchteten und Spätaussiedelnden, sowie in Fach-, Berufs- und Hochschulen eine zweimalige Impfung empfohlen. Die Effektivität der Mumps-Impfung beträgt nach einer einmaligen Impfung 78 % (95 %-Konfidenzintervall [KI] 49 – 92) und nach einer 2-maligen Impfung 88 % (95 %-KI 66 – 95).

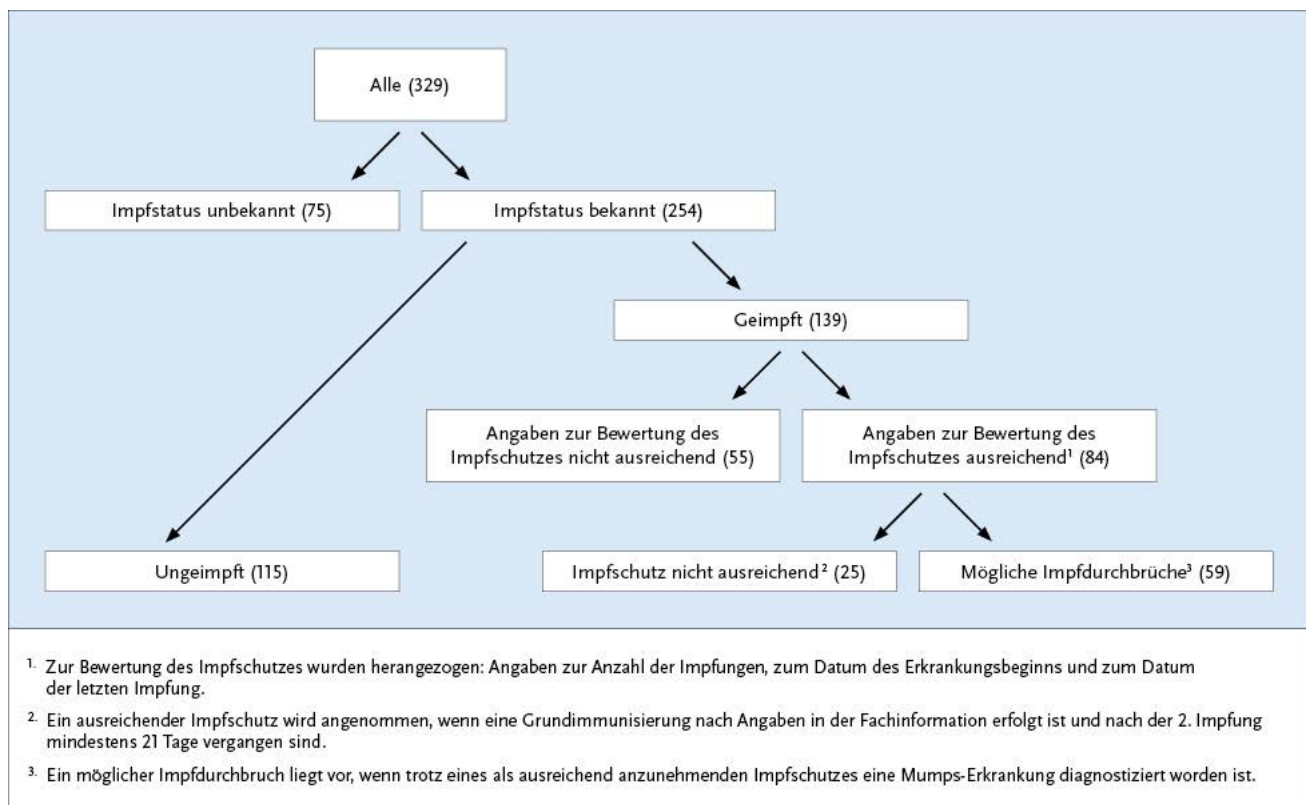
Von den 329 übermittelten Mumps-Erkrankungen war der Impfstatus bei 254 (77 %) bekannt. Von diesen wurden 139 (55 %) als geimpft und 115 (45 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.44.4). Bei 84 (60 %) der 139 geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor: Es wurden 25 von 84 (30 %) Erkrankte als »nicht ausreichend geimpft« gewertet; 22 Erkrankte die zum Zeitpunkt der Erkrankung < 18 Jahre alt waren und nur einmal geimpft waren sowie 3 Erkrankte im Alter ≥ 18 Jahre, welche ebenfalls nur einmal geimpft

waren und bei denen die Impfung im Kindesalter erfolgt war. Es wurden 59 Mumps-Erkrankte zum Zeitpunkt der Erkrankung als »ausreichend geimpft« beurteilt. Darunter waren 41 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, 12 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, 5 Erkrankte, die im Alter ≥ 18 Jahre einmalig geimpft worden waren und einen ausreichenden Impfabstand zwischen Impfung und Erkrankung aufwiesen und eine Mumps-Erkrankte, die 3 Impfstoffdosen erhalten hatte. Bei den 59 von 84 (70 %) Mumps-Erkrankten, die gemäß den Angaben zum Impfstatus als ausreichend geimpft eingestuft worden sind, muss von möglichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden. Im Mittel lag die letzte Impfung der als ausreichend geimpft eingestuften Erkrankten unabhängig von der Anzahl der erhaltenen Impfungen etwa 7,6 Jahre zurück (Median: 5,8 Jahre).

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 10 Mumps-Ausbrüche mit insgesamt 30 Fällen übermittelt. Dies entsprach etwa 9 % der 2023 übermittelten Mumps-Erkrankungen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (8) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Unter den beiden Ausbrüchen mit ≥ 5 Fällen war 1 Ausbruch in einem Asylbewerberheim in Baden-Württemberg mit insgesamt 6 Fällen und ein Ausbruch im privaten Haushalt in Baden-Württemberg mit 6 betroffenen Familienmitgliedern.

Abb. 6.46.4:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2023 (n = 329)



Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (n = 270/599, 45 %) von labordiagnostisch bestätigten Fällen bemerkenswert, die wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; n = 124/599, 21 %) oder unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitions-kategorie E; n = 146/599, 24 %) 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 auf Grund des unspezifischen Labornachweises (IgM) keine Mumps-Infektion vorliegt. Ferner fällt auf, dass nur wenige Mumps-Erkrankungen Ausbrüchen zugeordnet werden konnten und die überwiegende Anzahl an Mumps-Erkrankungen 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. Um fortlaufend einen Überblick über die molekularepidemiologische Verbreitung der prävalenten Mumpsviren zu erhalten, sollten möglichst immer Untersuchungsproben zur Genotypisierung an das Nationale Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden.

Fazit

Unter den impfpräventablen Erkrankungen ist Mumps mit 329 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer niedrigen Fallzahl < 500 Fällen/Jahr. Bedenklich ist die hohe Anzahl (n = 59) 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

- Koch J, Takla A: *Effekte der Masern-Mumps-Röteln (MMR)-Impfung auf die Epidemiologie von Mumps in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013;56(9). <https://doi.org/10.1007/s00103-013-1784-4>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;48. <https://doi.org/10.25646/10838>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2022. www.rki.de/ratgeber
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022;4. <https://doi.org/10.25646/9285>
- STIKO: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020;2:1–22. <https://doi.org/10.25646/6447.3>
- 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;10(1). <https://doi.org/10.4161/hv.26642>

Takla A, Wichmann O, Klinc C, Hautmann W, Rieck T, Koch J: *Mumps epidemiology in Germany 2007 – 11*. Euro Surveill 2013;18(3). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2013.18.33.20557>

6.47 Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektion



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: **66**
- Mischung aus reiseassoziierten und autochthonen Fällen
- Mit Wasserkontakt assoziierte autochthone Fälle vor allem an der Ostseeküste
- Mischung verschiedener Krankheitsbilder und Vibrio-Spezies
- Cholera-Fälle werden in einem eigenen Kapitel behandelt

Kurzbeschreibung

Vibrio (*V.*) *cholerae* der Serogruppen O1 und O139, die das Cholera-Toxin bilden können, sind die wohl bekanntesten Vertreter der Vibrionen, da sie die epidemische Cholera verursachen. Andere *V. cholerae*, die nicht in der Lage sind, das Cholera-Toxin zu bilden, sowie andere *Vibrio*-Spezies wie *V. vulnificus* oder *V. parahaemolyticus* rufen zum Teil ebenfalls Durchfallssymptomaten hervor (meist weniger schwerwiegend als eine Cholera-Erkrankung), häufiger aber auch gänzlich andere Krankheitsbilder, wie z. B. Wund- oder Ohrinfektionen. Alle pathogenen Vibrionen außer den Erregern der Cholera fasst man auch als Nicht-Cholera-Vibrionen zusammen. Einige davon kommen auch als Teil der normalen Bakterienflora von Meerwasser auch an den Küsten von Nord- und Ostsee, und (selten) auch in leicht salzhaltigen Binnengewässern vor.

Menschen infizieren sich z. B. über Kontakt von offenen Wunden mit Meerwasser, Verletzungen an rohem, z. B. selbst gefangenem Fisch/Meeresfrüchten, oder dem Verzehr roher bzw. nicht durchgegarter Meeresfrüchte. Von klinisch apparenten Infektionen betroffen sind vor allem ältere Personen und/oder solche mit Vorerkrankungen bzw. Immunschwäche. Insbesondere Wundinfektionen bzw. Sepsis-Fälle können bei dieser Personengruppe auch zum Tode führen, z. B. wenn eine antibiotische Behandlung erst verzögert erfolgt.

Die Meldepflicht erstreckt sich bei *V. cholerae* auf alle Erregernachweise, bei den anderen Spezies auf alle Erregernachweise außer bei Ohrinfektionen. Die Falldefinition ist noch nicht final abgestimmt. Fälle von Cholera werden im entsprechenden Kapitel beschrieben (s. Kap. 6.09). Im Jahr 2022 wurden 5 übermittelte, aber nicht meldepflichtige Ohrinfektionen mit *Vibrio*-Spezies außer *V. cholerae* von der Analyse ausgeschlossen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden dem RKI in der Übermittlungskategorie der »Weiteren Bedrohlichen Krankheiten« und einer Mitte

2023 eingeführten spezifischen Übermittlungskategorie für Nicht-Cholera-Vibrionen insgesamt 66 Infektionen mit Nicht-Cholera-Vibrionen übermittelt. Im Jahr 2020, dem ersten Jahr der Meldepflicht, waren es 13, 2021 29 und 2022 53 Fälle. Betroffen waren im Jahr 2023 34 Männer und 32 Frauen im Alter von 1 bis 90 Jahren (Altersmedian: 64 Jahre). Angaben zur Hospitalisierung wurden bei insgesamt 60 Fällen gemacht, davon wurden 31 (52%) als hospitalisiert übermittelt.

Achtundzwanzig Infektionen waren klar reiseassoziiert (2022: 13). Dabei handelte es sich um 9 Infektionen mit nicht-toxischen *V. cholerae*, 7 Infektionen mit *V. alginolyticus*, 5 mit *V. fluvialis*, 3 mit *V. parahaemolyticus* und je eine mit *V. harveyi* und *V. vulnificus*; zwei reiseassoziierte Fälle wurden nur mit der Angabe »*Vibrio*« übermittelt. *V. alginolyticus* wurden vor allem aus dem Mittelmeerraum übermittelt (6/7 Fällen). Die am häufigsten genannten Reiseländer waren Ägypten (5 Fälle), die Türkei (4 Fälle), Kroatien, Madagaskar, Spanien, Tansania und Thailand (je 2 Fälle). Bei 17 reiseassoziierten Fällen handelte es sich um eine gastroenterische Erkrankung, bei 11 Fällen um Wundinfektionen.

Bei 9 Infektionen (je 2-mal *V. alginolyticus*, je 1-mal nicht-toxische *V. cholerae*, *V. cincinnatiensis*, *V. harveyi*, *V. fluvialis*, und *V. furnissii* sowie eine Ko-Infektion der beiden letztgenannten und eine Infektion ohne Spezies-Angabe) gab es keinerlei Hinweise zum Infektionsort. Es handelte sich um 7 Wundinfektionen und 2 Fälle von Gastroenteritis.

Die übrigen 29 Fälle haben sich mutmaßlich in Deutschland infiziert mit folgenden Spezies: 10-mal *V. parahaemolyticus*, 6-mal *V. vulnificus*, 5-mal *V. furnissii*, 2-mal *V. harveyi*, je 1-mal *V. alginolyticus*, nicht-toxische *V. cholerae*, *V. cincinnatiensis*, *V. fluvialis* und *V. meschnikovii* sowie ein Fall ohne Spezies-Angabe. Die 21 bekannten Erkrankungsbeginne lagen im Zeitraum Januar bis Oktober 2023, davon 10 (48%) im Juli und August, ein niedrigerer Anteil als in den Vorjahren (2021: 74%, 2022: 67%). Für 18 Fälle (62%) wurde ein Infektions- oder Wohnortkreis angegeben, der an die Ostseeküste angrenzt, darunter die Mehrzahl der Fälle mit *V. parahaemolyticus* und fast alle *V. vulnificus*. Kein Infektions- bzw. Wohnortkreis grenzte an die Nordsee an. An Krankheitsformen wurden 20 Wundinfektionen, 5 Fälle von Gastroenteritis (jeweils teilweise mit Sepsis), ein Fall von isolierter Sepsis und 2 Fälle von Halsentzündung bzw. Pneumonie übermittelt, bei einem Fall ist die Krankheitsform unbekannt.

Ungewöhnlich bzw. bedeutsam waren 2023 ein Fall von Halsentzündung durch *V. harveyi* bei einer Person mit Meerwasseraquarien sowie mit Baden in Thermalbädern in Italien und Ungarn assoziierte Infektionen mit unspezifizierten *Vibrio* bzw. *V. cholerae*. Insgesamt 5 Todesfälle im Alter von 67 bis 82 Jahren wurden übermittelt, darunter der Thermalbad-Fall aus Italien, 2 schwer an Krebs erkrankte Personen und zwei Personen, die in schlechtem Allgemeinzustand alleine lebten und erst sehr spät ins Krankenhaus kamen.

In den Vorjahren 2002 bis 2019, in denen die Meldepflicht noch nicht bestand, waren 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.

Fazit

Die klimasensitiven durch Meer- oder Binnenwasser-Exposition verursachten Infektionen machen nur einen Teil aller gemeldeter Infektionen aus, so dass Trends der Gesamtdaten schwer interpretierbar bleiben. Der steigende Anteil von autochthonen Fällen mit Erkrankungsbeginn außerhalb des Hochsommers deutet an, dass bei sonstigen Vibrio-Infektionen die diagnostische Aufmerksamkeit und Vollständigkeit der Meldung noch zunimmt, da es bei diesen ja eher keine Saisonalität gibt. Auffällig sind wiederholt vereinzelte Todesfälle bei alleine lebenden und z. T. unterversorgten Senioren und Seniorinnen, bei denen rund um den Sterbetermin Infektionen mit Vibrionen nachgewiesen werden. Hier lassen sich Infektionsquelle, teilweise auch die Rolle der Infektion im Sterbeprozess, kaum identifizieren. Die Anzahl reiseassoziierteter Infektionen stieg 2023 wieder mit einer Normalisierung der Reiseaktivitäten nach der COVID-19-Pandemie.

Literaturhinweise

- Brehm TT, Berneking L, Sena Martins M, et al.: *Heatwave-associated Vibrio infections in Germany, 2018 and 2019*. Euro Surveill. 2021;26(41). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.41.2002041>
- Gildas Hounmanou Y, Engberg J, Bjerre K, et al.: *Correlation of High Seawater Temperature with Vibrio and Shewanella Infections, Denmark, 2010–2018*. Emerg Infect Dis. 2023;29(3). <https://doi.org/10.3201/eid2903.221568>
- Gyraitė G, Katarzytė M, Bučas M, et al.: *Epidemiological and environmental investigation of the 'big four' Vibrio species, 1994 to 2021: a Baltic Sea retrospective study*. Euro Surveill. 2024;29(32). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.32.2400075>
- Hecht J, Borowiak M, Fortmeier B, et al.: *Case Report: Vibrio fluvialis isolated from a wound infection after a piercing trauma in the Baltic Sea*. Access Microbiol. 2022;4(1). <https://doi.org/10.1099/acmi.0.000312>
- Meyer HL, Polan C, Burggraf M, et al.: *"The Baltic Sea Germ": A Case Report of Necrotizing Fasciitis following Vibrio vulnificus Infection*. Case Rep Orthop. 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/5908666>
- RKI: *Antworten auf häufig gestellte Fragen zu Nicht-Cholera-Vibrionen (Stand 07.05.2020)*. www.rki.de/vibrien
- Schmidt K, Scholz HC, Appelt S, et al.: *Virulence and resistance patterns of Vibrio cholerae non-O1/non-O139 acquired in Germany and other European countries*. Front Microbiol. 2023;14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1282135>

6.48 Norovirus-Gastroenteritis



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 53.878
- Übermittlung und Darstellung ausschließlich laborbestätigter Erkrankungen
- Inzidenz niedriger als in den Jahren vor der Pandemie, Tendenz wieder steigend
- Höchste Inzidenz bei einjährigen Kindern mit 644 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. Es werden 10 verschiedene Genogruppen (GI–GX) unterschieden, wobei für den Menschen die Gruppen GI, GII, GIV, GVIII und GIX relevant sind. Noroviren sind weltweit verbreitet und für einen Großteil der nicht bakteriell bedingten Magen-Darm-Infektionen bei Kindern und Erwachsenen verantwortlich. Die charakteristische Symptomatik besteht vor allem aus schwallartigem Erbrechen. Erkrankungen treten überwiegend saisonal mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten auf. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral (z. B. Kontakt mit kontaminierten Flächen) oder durch die orale Aufnahme virushaltiger Tröpfchen, die im Rahmen des Erbrechens entstehen. Infektionen können auch über kontaminierte Lebensmittel erfolgen. Häufig sind Noroviren Ursache von Ausbrüchen in Altenheimen, Krankenhäusern und Gemeinschaftseinrichtungen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.48.1).

Zeitlicher Verlauf

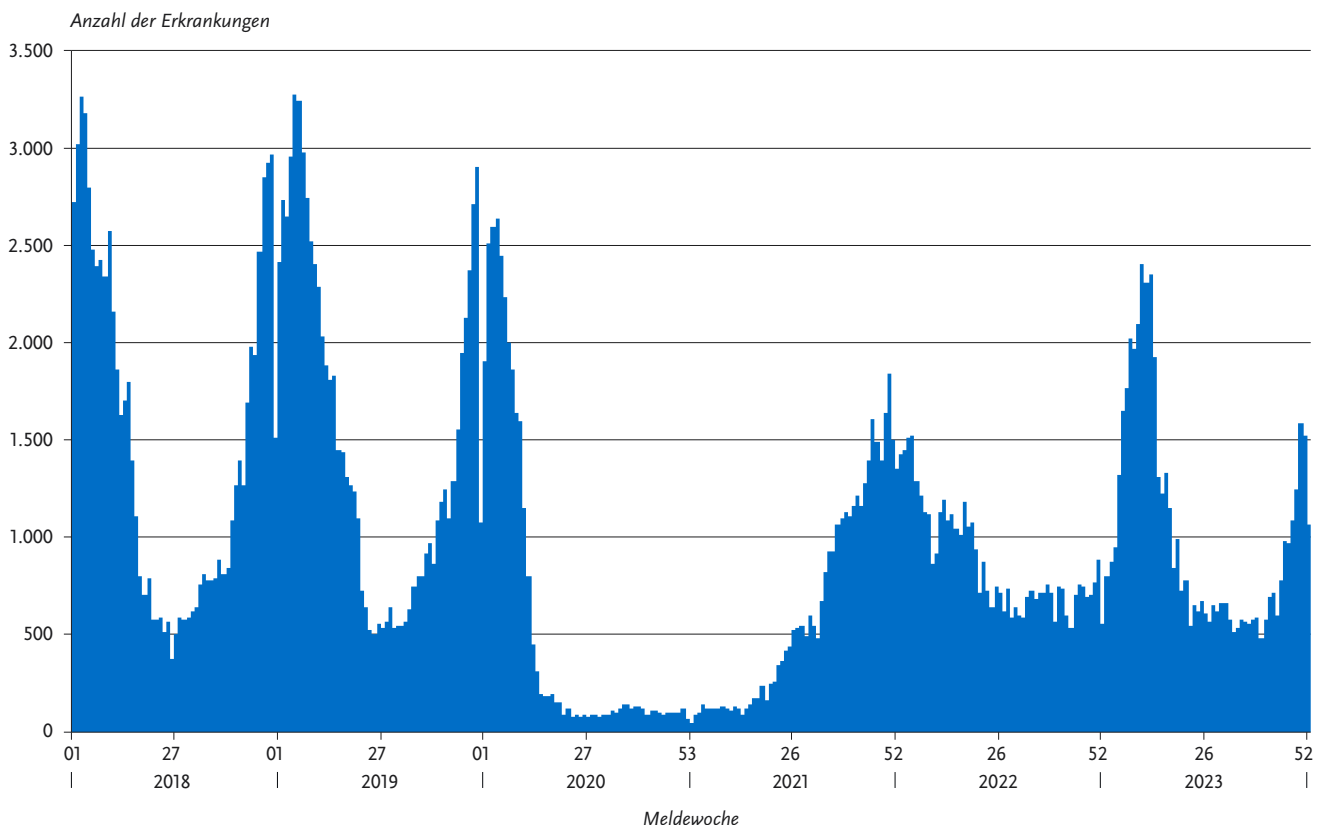
Im Jahr 2023 wurden dem RKI 53.878 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (18 % mehr als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 64 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit ist die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (54 Erkr./100.000 Einw.) angestiegen und liegt wieder über dem Median der letzten 5 Jahre (54 Erkr./100.000 Einw.).

Im Vergleich zu den letzten zwei Jahren ist die Saisonalität im Jahr 2023 wieder deutlich ausgeprägter mit den höchsten Fallzahlen im I. und IV. Quartal (s. Abb. 6.48.1). Die höchste wöchentliche Fallzahl wurde mit 2.407 Erkrankungen in der 10. Meldewoche übermittelt, die niedrigste in der 40. Meldewoche mit 485 Erkrankungen.

Tab. 6.48.1:
Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	45.504	81 %	53.878	80 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.455	3 %	1.631	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	9.108	16 %	11.708	17 %
alle	56.067	100 %	67.217	100 %
Referenzdefinition (C)	45.504	81 %	53.878	80 %

Abb. 6.48.1:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2018 bis 2023



Geografische Verteilung

In allen Bundesländern außer Sachsen-Anhalt, Rheinland-Pfalz und Hessen wurde ein zum Teil deutlicher Anstieg der Norovirus-Gastroenteritiden im Vergleich zum Median der letzten 5 Jahre verzeichnet. Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Bundesländern Sachsen (138 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt (137), Mecklenburg-Vorpommern (134), Thüringen (124) sowie Brandenburg (104) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Baden-Württemberg (34), Hessen (37), Bremen (44) und Schleswig-Holstein (44) ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.48.2). Bei 32.145 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (32.227 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 97 % der Nennungen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den unter 5-Jährigen (331 Erkr./100.000 Einw.) mit einem Häufigkeitsgipfel bei den einjährigen Kindern (644) verzeichnet. Neben den Kindern war auch die Altersgruppe der über 79-Jährigen stärker betroffen (193 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.48.3). Während Jungen bis zu einem Alter von 14 Jahren höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei Kindern ab 15 Jahren sowie bei Erwachsenen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Eine Ausnahme bildeten hierbei die Altersgruppen der 60- bis 79-Jährigen. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen (67 Erkr./100.000 Einw.), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (61 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.48.3).

Abb. 6.48.2:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 53.878) im Vergleich mit den Vorjahren

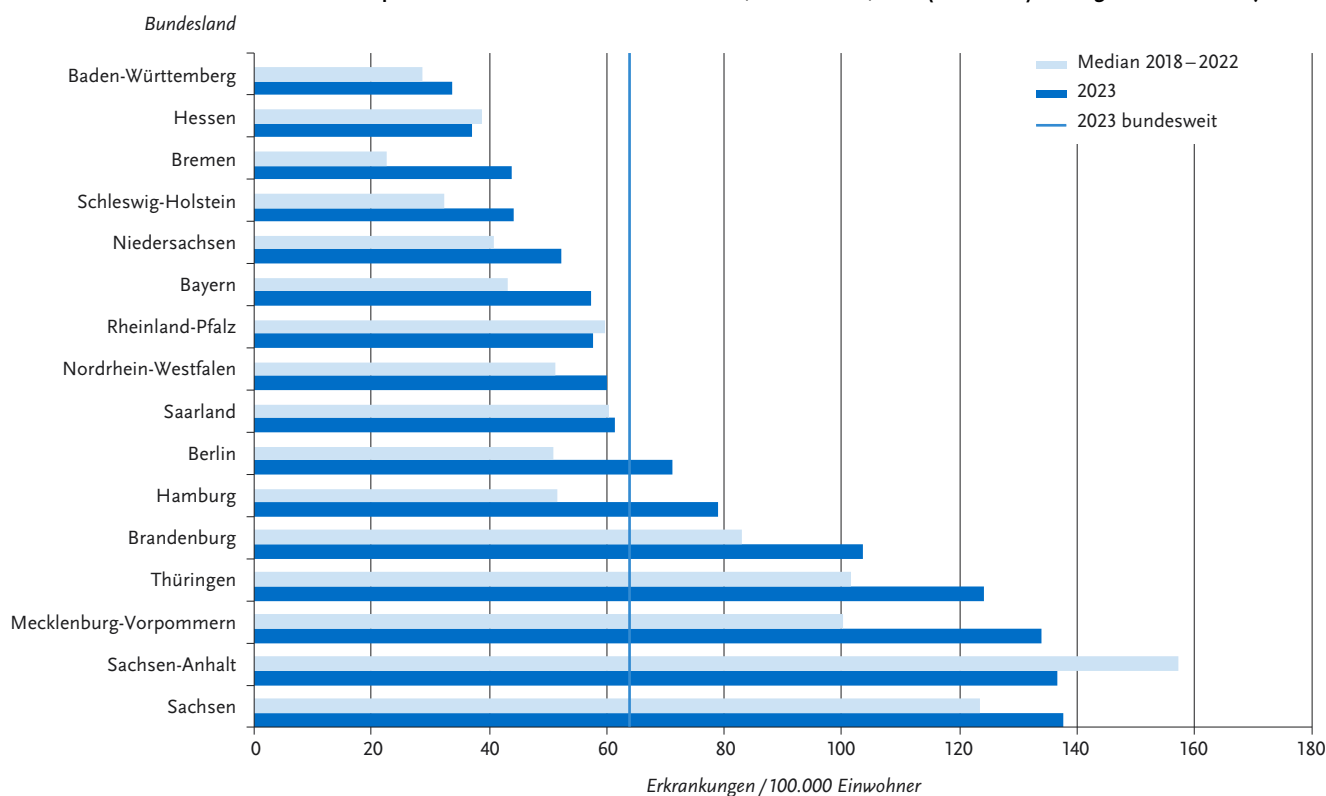
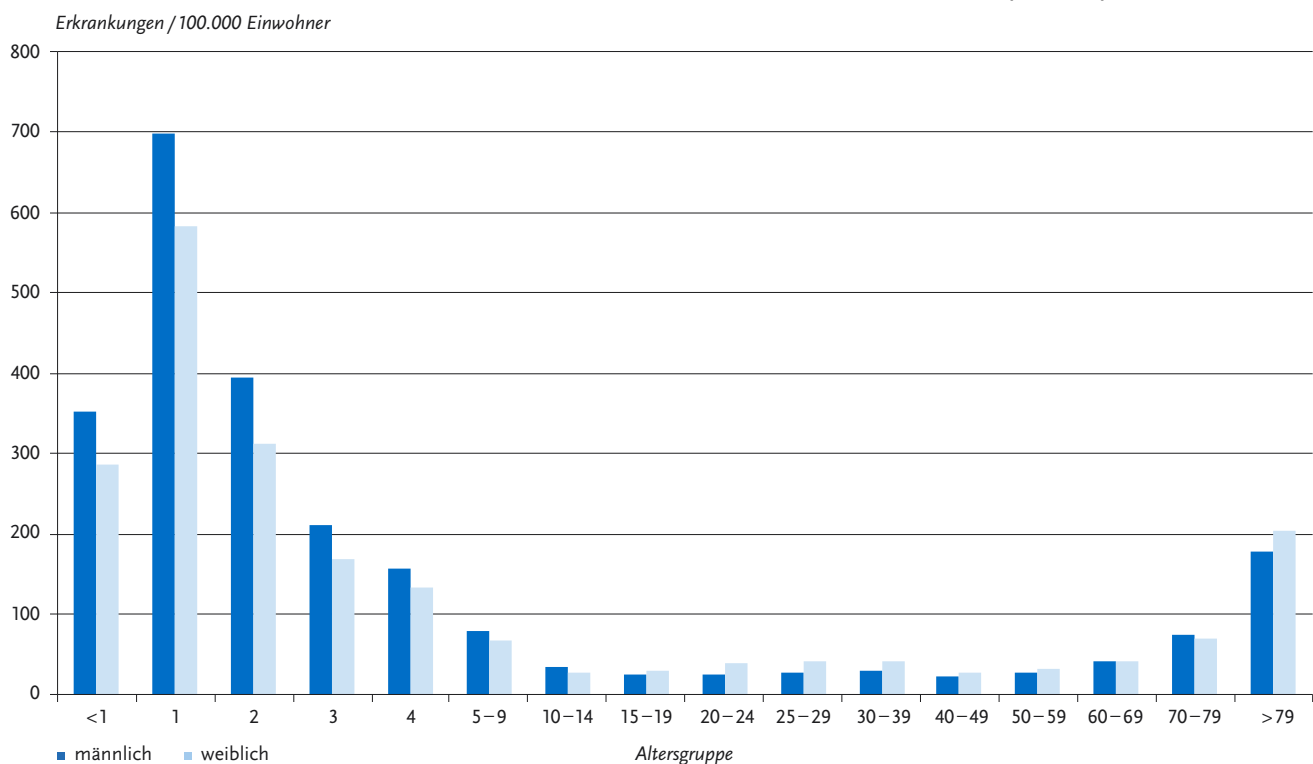


Abb. 6.48.3:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 53.666)



Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 21 Norovirus-Fälle übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit, wie im Vorjahr, 0,04 %.

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 9.468 (18 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 2.156 deutlich höher als im Vorjahr (2022: 1.671). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 10. Meldewoche 2023 übermittelt (118), die niedrigste in der 38. Meldewoche (8) (s. Abb. 6.48.4).

Für 2.018 Ausbrüche (94 %) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Krankenhäuser (40 %), Alten- und Pflegeheime (26 %), Kindergärten, Horte (18 %) sowie private Haushalte (5,6 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche (n=112) des Jahres 2023 wurden nicht rekombinante Viren der Genogruppe GI in 14 % Ausbrüchen (n=16) als auslösendes Agens identifiziert. Nicht rekombinante Viren der Genogruppe GII wurden in

13 %, rekombinante Viren hingegen in 72 % aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, der seit dem Jahr 2015 stetig stieg, im Vergleich zum Vorjahr (79 %) im Jahr 2023 leicht gefallen.

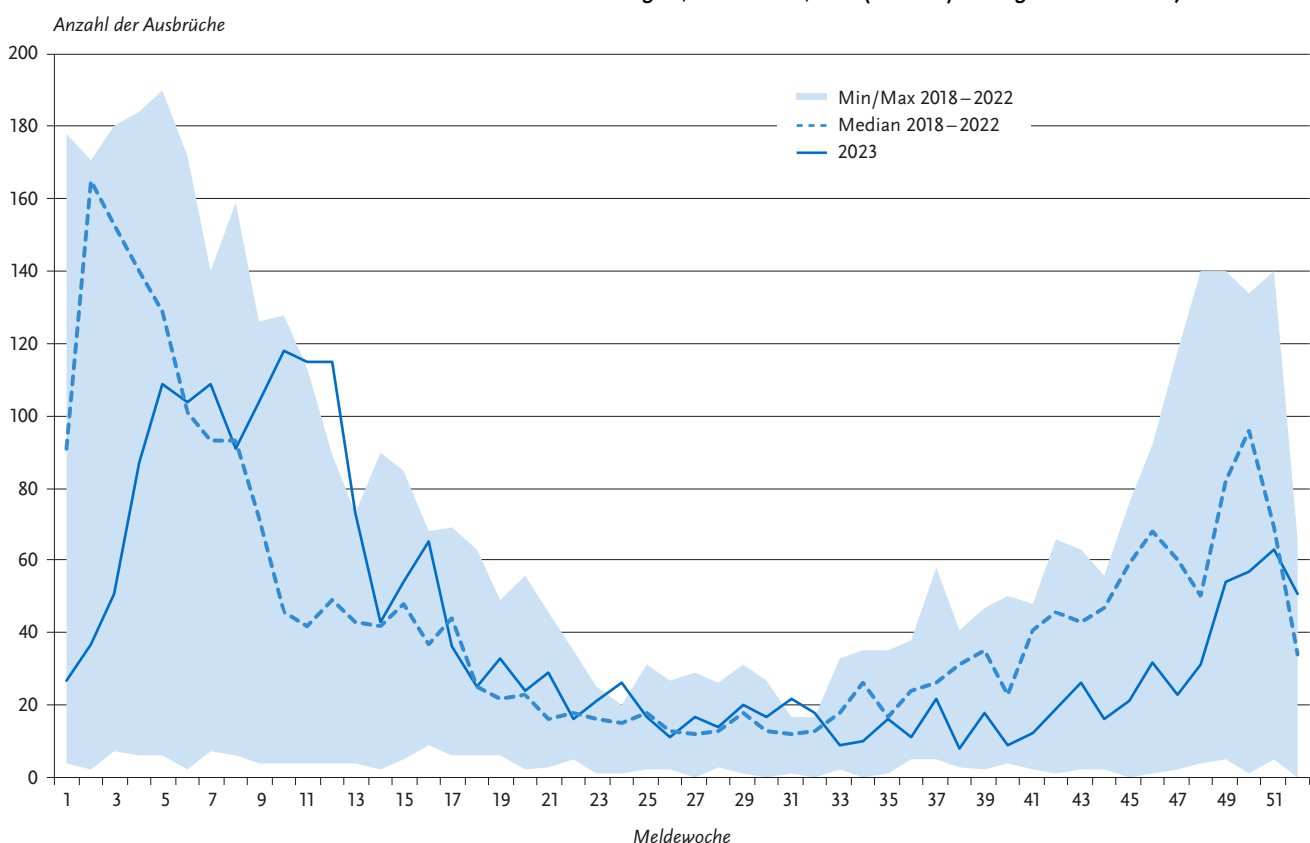
Die seit dem Herbst 2016 in Deutschland zirkulierende Rekombinante GII.P16-GII.4 Sydney war für 38 % aller Norovirusassoziierten Ausbrüche verantwortlich und ist damit die am häufigsten nachgewiesene Norovirus-Variante. Insgesamt wurden 19 verschiedene Norovirus-Varianten im Jahr 2023 detektiert.

Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-labordiagnostisch 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

Abb. 6.48.4:
Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2023 (n=2.156) im Vergleich mit den Vorjahren



Ausbrüche (nur noch Ausbrüche mit mindestens 2 klinisch-laboridiagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchgröße, denn bei größeren Ausbrüchen ist meist nur ein Bruchteil der Erkrankungen klinisch-laboridiagnostisch bestätigt.

Fazit

Die Inzidenz übermittelter Norovirus-Gastroenteritiden befand sich 2023 im Vergleich zu den Jahren vor der Pandemie noch immer auf einem niedrigen Niveau. Dennoch wird, wie auch im Jahr 2022, ein Anstieg im Vergleich zum Vorjahr verzeichnet.

Literaturhinweise

- Bernard H, Faber M, Wilking H, et al.: *Large multistate outbreak of norovirus gastroenteritis associated with frozen strawberries, Germany, 2012*. Euro Surveill 2014;19(8). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.8.20719>
- Chhabra P, de Graaf M, Parra GI, et al.: *Updated classification of norovirus genogroups and genotypes*. J Gen Virol 2019;100(10). <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001318>
- Niendorf S, Jacobsen S, Faber M, et al.: *Steep rise in norovirus cases and emergence of a new recombinant strain GII.P16-GII.2, Germany, winter 2016*. Euro Surveill 2016;22(4). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30447>
- Niendorf S, Faber M, Tröger A, Noack C, Jacobsen S: *Norovirus-Infektionen in Deutschland, ein Rückblick auf das Jahr 2019*. Epid Bull 2020;24. <https://doi.org/10.25646/6885>
- RKI: *Norovirus-Ausbruch im Landkreis Amberg-Weizsach, Bayern, September 2016*. Epid Bull 2016;48. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2016-069.2>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2019. www.rki.de/ratgeber

6.49 Ornithose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 14
- ▶ Entspricht dem Median der 5 Vorjahre
- ▶ Selten gemeldete Infektion in Deutschland

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 Vogelekrementen und -sekreten lange überlebensfähige Erreger wird durch Einatmen von kontaminierten Staubpartikeln aufgenommen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch wurde beschrieben, kommt jedoch nur sehr selten vor. Das Krankheitsbild ist variabel und reicht von klinisch unauffälligen Erkrankungen bis zu einer schweren Systemerkrankung. Vorherrschend ist eine fieber-

hafte 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 2023 wurden 14 Ornithosen nach Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf ähnlich niedrigem Niveau wie in den Vorjahren (s. Abb. 6.49.1). Die monatlich höchste Anzahl der Fälle wurde im Dezember 2023 mit 5 Fällen übermittelt. Aus Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen wurden jeweils 4 Erkrankungen übermittelt, aus Sachsen 2 Erkrankungen, sowie aus Baden-Württemberg, Berlin, Brandenburg und Hessen jeweils eine Erkrankung. Für 5 Erkrankungen wurde Deutschland als Infektionsland angegeben.

Alle 14 Fälle waren Erwachsene ab 30 Jahren, 50 % davon 60 Jahre und älter. Unter den Erkrankten waren 4 Frauen und 10 Männer. Bei 13 Erkrankten wurde eine Pneumonie diagnostiziert. Keine Person ist an der Krankheit verstorben.

Es wurde kein Ornithose-Ausbruch übermittelt.

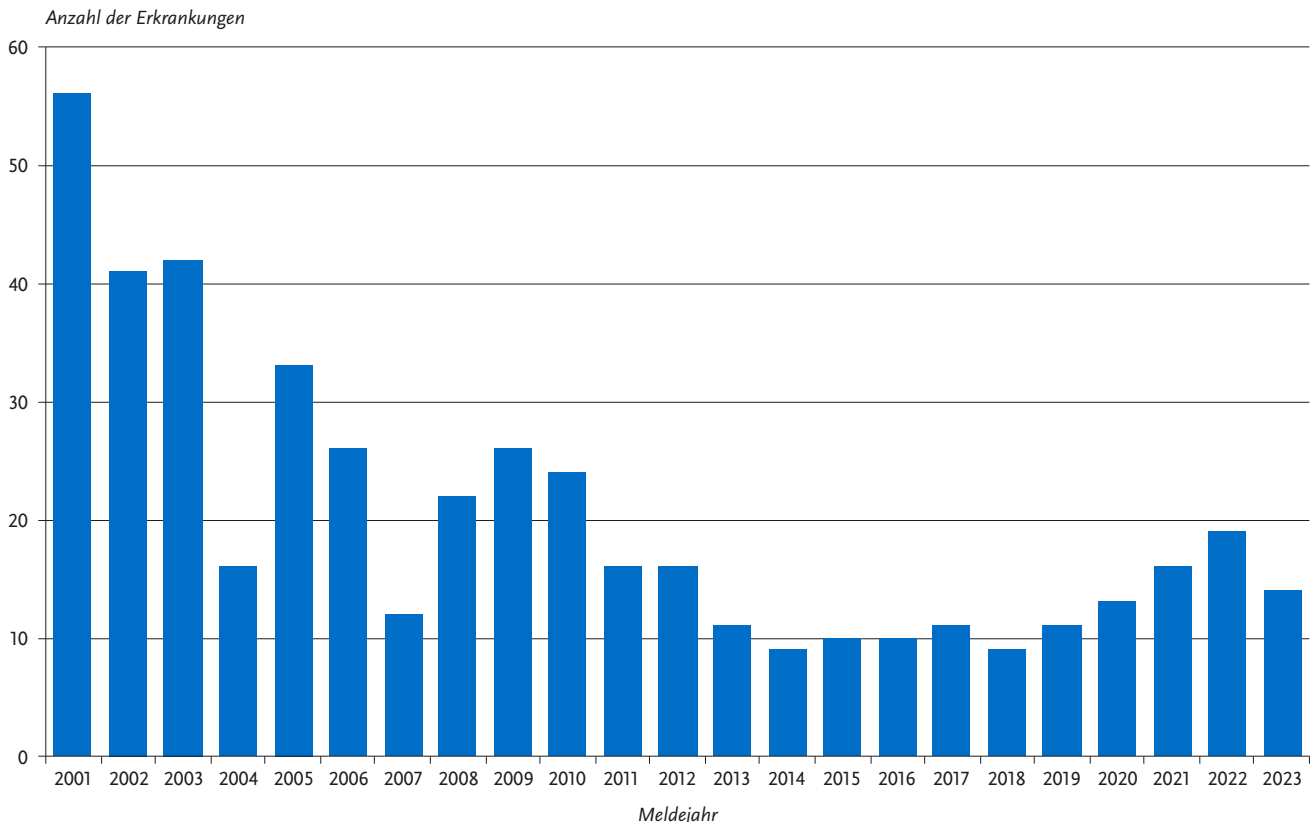
Fazit

Die Ornithose ist eine vergleichsweise selten gemeldete Erkrankung in Deutschland. In den vergangenen 5 Jahren (2019 bis 2023) wurden in Deutschland durchschnittlich 15 Fälle (Spannweite: 11 bis 19 Fälle) pro Jahr gemeldet, in der Regel etwa 0 bis 2 Fälle pro Monat. In den letzten zwei Jahren wurde insbesondere im Dezember ein Anstieg der Fälle auf 6 Fälle (2022) bzw. 5 Fälle (2023) pro Monat beobachtet.

Literaturhinweise

- 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;20(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-020-4918-y>
- 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;18(1). <https://doi.org/10.1186/s12879-018-3317-0>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2010. www.rki.de/ratgeber
- Singer R, Baier M, Wilking H, Lachmann R: *Anstieg von Ornithose-Fallmeldungen in Deutschland*. Epid Bull 2024;10. <https://doi.org/10.25646/11991>
- WHO: *Psittacosis – European region. Disease Outbreak News (DONs)*. 2024. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON509>

Abb. 6.49.1:
Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



6.50 Orthopocken



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 2
- Erkrankungen durch Orthopocken (außer Mpox) sind in Deutschland sehr selten

Kurzbeschreibung

Orthopocken-Infektionen beinhalten verschiedene Erkrankungen, die durch Viren der Gattung *Orthopoxviren* (OPXV) ausgelöst werden. Unter den vielen verschiedenen OPXV gibt es auch zahlreiche humanpathogene. Die klassischen (Menschen-)Pocken wurden durch das Variola Virus ausgelöst, das ebenfalls zu den Orthopocken-Viren gehört. Das Mpox-Virus (MPXV) gehört ebenfalls zu den Orthopocken-Viren; für Mpox existiert eine eigene Übermittlungskategorie, die in Kapitel 6.44 beschrieben wird.

Das Kuhpockenvirus (Cowpox Virus, CPXV) ist ein seit Langem bekannter weiterer Vertreter der Orthopocken-Viren. Kuhpocken können vom Tier auf den Menschen übertragen werden und gehören damit zu den Zoonosen. Kuhpocken kommen bei einer Reihe von Wirtstieren vor, wobei kleine Nagetiere das natürliche Erregerreservoir bilden. In den letzten Jahren wurden vereinzelte Fälle von

Kuhpocken auch bei Menschen in Deutschland registriert, insbesondere durch den Kontakt mit Heimtierratten. Eine Übertragung von Mensch zu Mensch wurde bei Kuhpocken bislang noch nicht beobachtet.

Situation in Deutschland

Orthopocken sind in Deutschland gemäß § 6 Abs. 1 bzw. § 7 Abs. 1 IfSG meldepflichtig (vor Einführung des Meldetatsbestands Orthopocken im Herbst 2022 wurden sie unter der Kategorie »weitere bedrohliche Krankheit« gemeldet).

Im Jahr 2023 wurden 2 Infektionen mit CPXV übermittelt. Die Infektionen wurden wahrscheinlich durch Kontakt zu Haustieren, einer Katze und einer Ratte übertragen.

Fazit

Erkrankungen durch OPXV sind in Deutschland sehr selten.

Literaturhinweise

Robert Koch-Institut: *Kuhpocken: Zu einer Häufung von Infektionen nach Kontakt zu »Schmuseratten« im Großraum München.* Epid Bull 2009;6.

Wang F: *Molluscum contagiosum, monkeypox, and other poxviruses, excluding smallpox virus.* In: Kasper D, Fauci A (eds.): *Harrison's infectious diseases.* 3 ed. New York: McGraw-Hill; 2016.

6.51 Paratyphus



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 38
- Überwiegend im Ausland erworben

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 ähnelt dem des Typhus abdominalis.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden 38 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt, 12 mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.51.1). Damit ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen wieder auf das Niveau vor der COVID-19-Pandemie angestiegen.

Paratyphus-Erkrankungen wurden im Jahr 2023 aus den 12 Bundesländern Baden-Württemberg (12), Hessen (6), Bayern (5), Nordrhein-Westfalen (4), Berlin, Sachsen und Rheinland-Pfalz (je 2) und Bremen, Hamburg, Brandenburg, Schleswig-Holstein und Niedersachsen (je eine) übermittelt.

Für 35 Erkrankungen wurden 42 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland übermittelt (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden Indien (10 Nennungen), Deutschland (7) und Bolivien (6) genannt.

Es erkrankten 21 weibliche und 17 männliche Personen im Alter zwischen 0 und 53 Jahren (Median 24,5 Jahre). Informationen zum Serotyp lagen für 33 Erkrankungen vor, davon wurden 14 (42%) durch *S. Paratyphi A* und 19 (58%) durch *S. Paratyphi B* ausgelöst. Von 13 *S. Paratyphi A* Erkrankungen mit Angaben zum Infektionsort, hatten sich 11 (85%) in Asien aufgehalten und 2 waren nicht ins Ausland gereist. Von 18 *S. Paratyphi B* Erkrankungen mit Angaben zum Infektionsort hatten sich 9 in Südamerika, 6 in anderen europäischen Ländern und 2 in Asien aufgehalten und eine Person war nicht ins Ausland gereist.

Es wurde ein Ausbruch mit 2 Fällen übermittelt. Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung wurden nicht übermittelt.

Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Paratyphus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen.

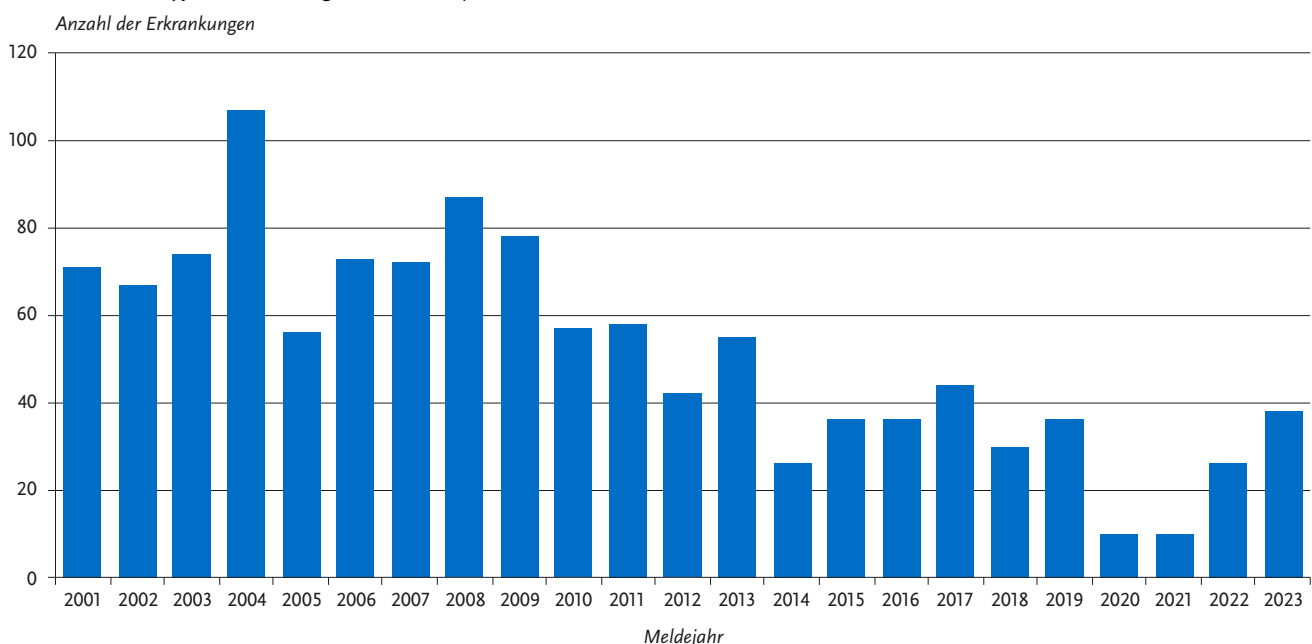
Literaturhinweise

Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023. *Epid Bull* 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>

RKI: RKI-Ratgeber. 2019. www.rki.de/ratgeber

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* 2024;14. <https://doi.org/10.25646/12006.5>

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



6.52 Pest



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 0
- ▶ Keine Fälle in Deutschland in den letzten Jahrzehnten.
- ▶ Keine Pest-Naturherde in Europa.
- ▶ Reiseassoziierte Fälle weltweit extrem selten.

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.

Fazit

Pestfälle in Deutschland sind auch in Zukunft unwahrscheinlich. Früh erkannt, wären die Erkrankungen gut antibiotisch behandelbar und selbst Lungenpest-Infektionsketten könnten schnell beendet werden.

Literaturhinweise

- 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;12(1). <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(3). [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(18\)30077-X](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(18)30077-X)
- Mead PS: *Plague in Madagascar – a tragic opportunity for improving Public Health*. N Engl J Med 2018;378(2). <https://doi.org/10.1056/NEJMp1713881>
- Riehm JM, Löscher T: *Pest und Lungenpest*. Bundesgesundheitsbl 2015;58. <https://doi.org/10.1007/s00103-015-2167-9>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2017. www.rki.de/ratgeber
- Tsuzuki S, Lee H, Miura F, et al.: *Dynamics of the pneumonic plague epidemic in Madagascar, August to October 2017*. Euro Surveill 2017;22(46). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.46.17-00710>

6.53 Pneumokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 5.847
- ▶ Einführung der bundesweiten Meldepflicht im März 2020
- ▶ Höchste Inzidenz bei den über 60-Jährigen (16,8 Fälle/100.000 Einwohner) und bei Kindern unter 2 Jahren (6,4 Fälle/100.000 Einwohner)
- ▶ Die häufigsten Symptome waren Pneumonie (34 %), Fieber (32 %) und ein septisches Krankheitsbild (15 %)
- ▶ Die Serotypen 3 (30 %), 22F (8 %) und 8 (7 %) wurden am häufigsten nachgewiesen
- ▶ Wirksame Schutzimpfungen stehen zur Verfügung. Die Impfungen decken jedoch nicht alle pathogenen Erreger (Serotypen) ab.

Kurzbeschreibung

Als Invasive Pneumokokken-Infektion (IPD) wird die schwere Verlaufsform einer Infektion mit dem grampositiven Bakterium *Streptococcus (S.) pneumoniae* (Pneumokokken) bezeichnet. Es gibt mehr als 100 Pneumokokken-Serotypen, die sich in der Struktur ihrer äußeren Kapsel (Polysaccharide) und ihrer Pathogenität unterscheiden. Die Polysaccharidkapsel ist ein entscheidender Virulenzfaktor für eine Erkrankung mit *S. pneumoniae*. Sie ermöglicht es, dass die Pneumokokken vom Immunsystem gar nicht oder zu spät erkannt werden. Dennoch sind nicht alle Pneumokokken-Serotypen pathogen. Pneumokokken aller Serotypen kommen häufig im Mund- und Rachenraum als Kommensale vor. Nicht-invasive Pneumokokken-Infektionen verursachen häufig Sinusitiden (Infektionen der Nasennebenhöhlen), Otitiden (Ohrinfektionen) und Pneumonien. Bei einer IPD gelangen die Bakterien in die Blutbahn und in andere normalerweise sterile Körperflüssigkeiten und Gewebe. Eine IPD manifestiert sich daher häufig mit dem klinischen Bild einer Sepsis oder Meningitis bzw. septischen Arthritis. In der Regel müssen die Erkrankten hospitalisiert werden. Nicht selten bleiben schwere neurologische und andere Residuen. Die Letalität ist im Falle einer IPD in allen Altersgruppen hoch. Eine IPD tritt in der Regel besonders häufig bei Säuglingen, Kleinkindern und Personen über 60 Jahren auf. Zudem haben Menschen jeden Alters, 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, ein erhöhtes Risiko an einer IPD zu erkranken.

Hinweis

Die IPD ist 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-Infektion und den labordiagnostischen Nachweis ein. Die Referenzdefinition wurde im Jahr 2023 dahingehend geändert, dass ein labordiagnostischer Nachweis unabhängig vom klinischen Bild zur Erfüllung der Referenzdefinition ausreicht.

In den Jahren 2020 bis 2022 wurde die bundesweite Meldepflicht noch nicht vollständig umgesetzt, zudem war die Referenzdefinition noch nicht abschließend abgestimmt, so dass für die Jahrbücher 2021 und 2022 noch keine Daten berichtet werden konnten.

Faldefinition

Von 7.143 im Jahr 2023 übermittelten invasiven Pneumokokken-Infektionen erfüllten 5.847 (82 %) die Referenzdefinition. Für die Auswertung ist zu beachten, dass im Jahr 2023 die Fall- und Referenzdefinition angepasst wurde. Die Referenzdefinition beinhaltet nach der jetzt gültigen Definition die Falldefinitions-kategorien C, D und E (und damit alle labordiagnostisch bestätigten Fälle), zuvor galten ausschließlich B und C. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 5.847 gemeldeten IPD-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.53.1).

Tab. 6.53.1:
Übermittelte Fälle von *Streptococcus-pneumoniae*-Infektionen nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2023

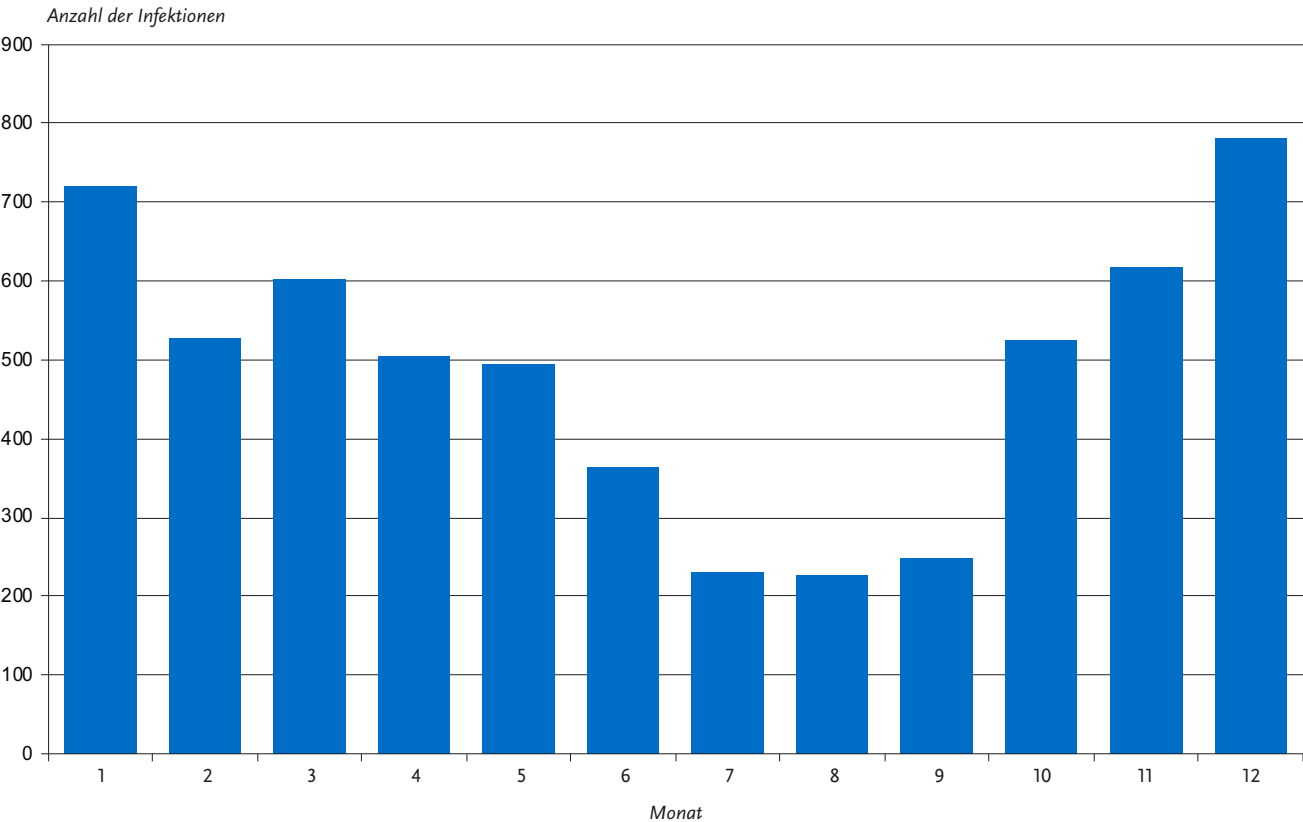
Kategorie	2023	
	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	5.410	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	330	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.403	20 %
alle	7.143	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)*	5.847	82 %

* 1.296 Fälle der Kategorien D und E, die nach bundeslandspezifischen Faldefinitionen übermittelt wurden, erfüllen nicht die Referenzdefinition.

Zeitlicher Verlauf

Invasive Pneumokokken-Infektionen können das ganze Jahr über auftreten. Es ist dennoch eine Saisonalität mit Peaks in den Wintermonaten insbesondere Januar und Dezember zu beobachten (s. Abb. 6.53.1). Im Jahr 2023 traten in diesem Zeitraum über ein Viertel der IPD-Meldefälle auf (1.503, 26 %). Die geringsten Meldezahlen treten in der Regel in den Monaten Juli, August und September auf mit 706 gemeldeten IPD Fällen in diesem Zeitraum für das Jahr 2023 (12 %) (s. Abb. 6.53.1).

Abb. 6.53.1:
Übermittelte Fälle von invasiven *Streptococcus-pneumoniae*-Infektionen nach Monat, Deutschland, 2023 (n=5.847)



Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für eine IPD lag bei 6,9 Infektionen pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz in den Bundesländern reichte von 1,7/100.000 Einw. im Saarland bis 10/100.000 Einw. in Sachsen

Eintragungen von Infektionen aus anderen Ländern als Deutschland spielen für IPD eine untergeordnete Rolle. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 2.895 (50 %) der 5.847 Fällen vor. Die überwiegende Mehrheit dieser Fälle (99 %) wurde in Deutschland erworben.

Demografische Verteilung

Bei 5.841 der 5.847 gemeldeten IPD-Fälle wurden Angaben zu Alter und Geschlecht gemacht (99 %). Insgesamt ist für die Altersverteilung der IPD Fälle eine U-Form zu erkennen (s. Abb. 6.53.2). Über 70 % der IPD-Fälle traten bei Personen im Alter von 60 Jahren oder älter auf (4178/5847). Kinder und Jugendliche unter 19 Jahren machten 5,3 % aller Fälle aus (318/5847) und fast die Hälfte von ihnen war 2 Jahre oder jünger (150/318, 47 %). Die höchsten Inzidenzen traten in den Altersgruppen der ≥ 60 -Jährigen auf: 60 bis 69 Jahre: 11,6 Fälle/100.000 Einw., 70 bis 79 Jahre: 17,2 Fälle/100.000 Einw. und ≥ 80 Jahre: 25,9 Fälle/100.000 Einw. Mit einem gewissen Abstand folgten die 1-jährigen und < 1-jährigen Kindern (7,1 bzw. 6,6 Fälle/100.000 Einw.) (s. Abb. 6.53.2). Personen im Alter von 10 bis 29 Jahren hatten 2023 die geringsten Inzidenzen (0,6 bis 0,8 Fälle/100.000 Einw.) und liegen somit im Tal der U-förmigen Altersverteilung.

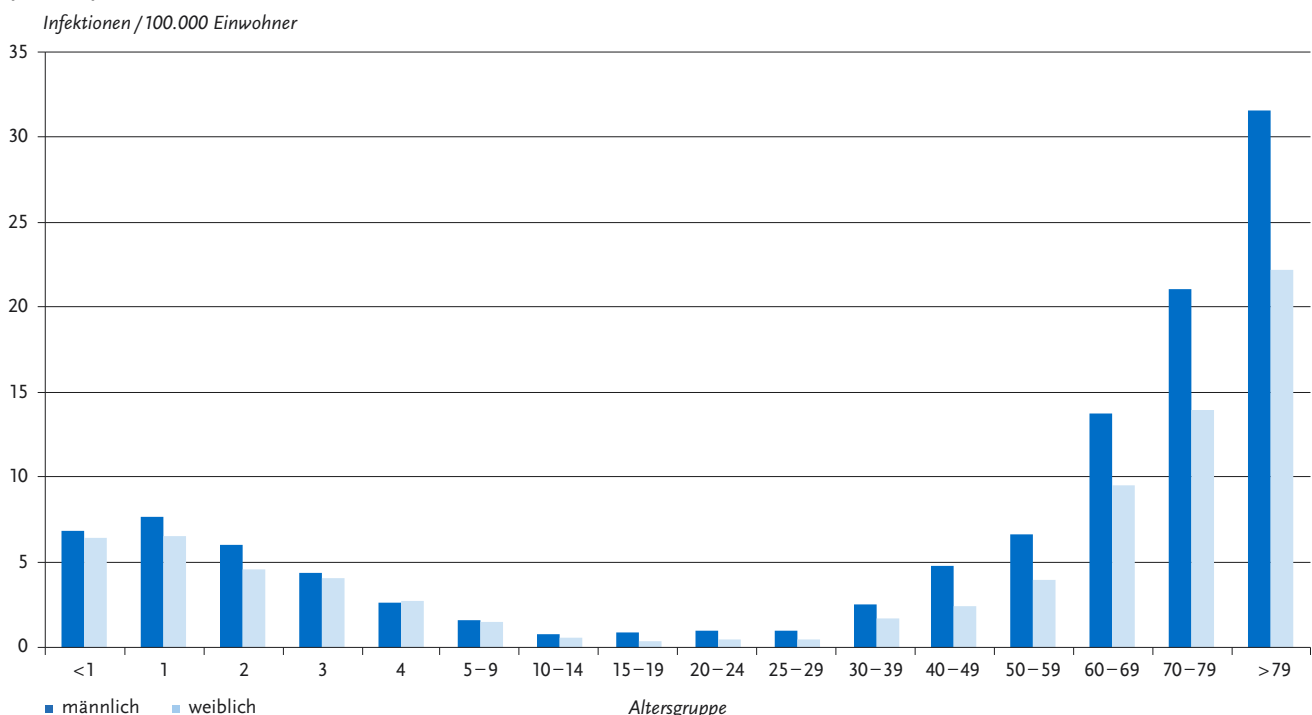
Insgesamt lag die Inzidenz bei Jungen und Männern höher mit 7,9 Fällen/100.000 Einw. als bei Mädchen und Frauen (6,0 Fällen/100.000 Einw.). Insbesondere ab der Altersgruppe der 15 bis 19-Jährigen lagen die Inzidenzen der Männer teilweise deutlich über denen der Frauen (s. Abb. 6.53.2).

Klinische Aspekte

Bei IPD handelt sich ausschließlich um schwere Formen einer Pneumokokken-Infektion. Aus diesem Grund ist die Mehrheit der gemeldeten Fälle auch hospitalisiert. Insgesamt waren im Jahr 2023 5.281 (90 %) der 5.847 gemeldeten IPD-Fälle hospitalisiert. Zusätzlich waren 244 (4 %) der IPD-Fälle nicht hospitalisiert und bei 322 (6 %) IPD-Fällen war der Hospitalisierungsstatus unklar. Im Jahr 2023 waren über alle Altersgruppen hinweg 80 bis 96 % der Fälle hospitalisiert. Hierbei ist kein deutlicher Unterschied zwischen den Altersgruppen zu erkennen.

Insgesamt wurde bei 93 % aller IPD-Fälle mindestens ein klinisches Symptom angegeben (5.409/5847). Das häufigste angegebene Symptom war Pneumonie (34 %), gefolgt von Fieber (32 %) und einem septischen Krankheitsbild (15 %). Bei 307 (6 %) der gemeldeten Fälle ist eine Meningitis aufgetreten. Der höchste Anteil von Fällen mit Meningitis war unter den unter 15-Jährigen (16 %), während der niedrigste Anteil unter den über 80-Jährigen (1,4 %) lag. Es wurden 337 Todesfälle übermittelt, die aufgrund der IPD verstorben sind (337/5847, 6 %). Darunter war die Mehrheit ≥ 80 Jahre (152/337, 45 %). Dies entspricht für diese Alters-

Abb. 6.53.2:
Übermittelte Fälle von invasiven *Streptococcus (S.) pneumoniae*-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=5.841)



gruppe einer Todesrate von 10 % (152/1.581). Es folgen die Altersgruppen der 70 bis 79- und 60 bis 69-Jährigen mit 67/1.285 bzw. 69/1.312 gemeldeten Todesfällen aufgrund einer IPD und somit einer jeweiligen Todesrate von 5 %. In den Altersgruppen < 60 Jahren versterben deutlich weniger Personen an einer IPD. Eine Ausnahme bildet die Gruppe der 1-Jährigen mit 3 Todesfällen aufgrund einer IPD bei 58 gemeldeten Fällen und somit ebenfalls einer Todesrate von 5 %.

Impfstatus

Für die Impfung gegen Pneumokokken-Infektionen sind Konjugat- (PCV) und Polysaccharid-Impfstoffe (PPSV) in der EU zugelassen. Beide Impfstoffarten schützen lediglich gegen eine begrenzte Anzahl von Serotypen. Bei den PCV sind 7-, 10-, 13-, 15- und 20-valente Impfstoffe zugelassen. Bei PPSV ist eine 23-valente Formulierung verfügbar. Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt seit Mitte 2015 eine Grundimmunisierung gegen Pneumokokken-Infektionen bestehend aus 3 Impfstoffdosen mit einem PCV für alle Kinder im Alter von 2, 4 und 11 Monaten (sogenanntes 2+1-Impfschema). Bis Mitte 2015 empfahl die STIKO eine Grundimmunisierung bestehend aus 4 Impfstoffdosen für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten; dieses 3+1-Impfschema gilt weiterhin für Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene). Zudem empfiehlt die STIKO eine Standardimpfung für Personen ≥ 60 Jahre seit 2023 mit dem 20-valenten PCV. Vor 2023 wurde für Personen ≥ 60 Jahre die Verwendung des 23-valenten PPSV empfohlen. Des Weiteren gibt es eine Indikationsimpfung für Personen ≥ 2 Jahre mit angeborenen oder erworbenen Immundefekten, mit chronischen Erkrankungen z. B. des Herz-Kreislauf- oder Stoffwechselsystems oder Erkrankungen der Atmungsorgane und Personen mit anatomischen und fremdkörperassoziierten Risiken für Pneumokokken-Meningitiden z. B. Cochlea-Implantat. Für gesunde Personen ≥ 2 und < 60 Jahren wird derzeit keine Pneumokokken-Impfung empfohlen.

Von 5.847 übermittelten IPD-Fällen lagen für 2.561 (44 %) Angaben zum Impfstatus vor. Von diesen 2.561 Fällen wurde für 2.080 (81 %) die Angabe nie geimpft worden zu sein übermittelt. Bei 481/2.561 (19 %) Fällen wurde mindestens eine einmalige Impfung gegen Pneumokokken angegeben.

Angaben zum verwendeten Impfstoff, zum Serotyp und einem plausiblen Impfabstand zur Erkrankung (Impfung > 14 Tage vor Erkrankungsbeginn) lagen für 67 geimpfte Fälle vor. Bei 47 dieser Personen wurde ein in PCV13 oder PPSV23 enthaltener Serotyp nachgewiesen. Unter diesen Fällen sind 4 Kinder < 5 Jahren mit einer ausreichenden Anzahl an Impfstoffdosen (≥ 3 Dosen) und 18 Personen ≥ 60 Jahre deren letzte Impfung weniger als 7 Jahre zurück liegt. Bei diesen 22 Personen kann ein möglicher Impfdurchbruch nicht ausgeschlossen werden. Insgesamt sind die Aussagen zu Impfdurchbrüchen aufgrund der nicht eindeutig geklärten Schutzdauer der PCV und PPSV Impfstoffe

und der unzureichenden Datenlage insbesondere zu vorhandenen Grunderkrankungen schwierig und mit Vorsicht zu interpretieren.

Nachgewiesene Erreger

Angaben zu einem Erreger spezifischen Serotyp lagen für 849 (15 %) der 5.847 übermittelten IPD-Infektionen vor. Insgesamt 797/849 (94 %) der IPD-Fälle mit einer Serotypangabe waren ≥ 18 Jahre. Insgesamt wurden 56 verschiedene Serotypen nachgewiesen. Von diesen 56 angegebenen Serotypen waren 32 in keinem in der EU zugelassenem Pneumokokken-Impfstoff enthalten und somit nicht Impfpräventabel. Insgesamt wurden 593/849 IPD-Fälle (70 %) durch impfpräventable Serotypen, und 256 durch nicht-impfpräventable Serotypen ausgelöst. Der Serotyp 3 wurde am häufigsten nachgewiesen (255/849, 30 %), gefolgt von den Serotypen 22F und 8 mit 68 (8 %) bzw. 63 (7 %) Fällen. Es folgten die Serotypen 23A (5 %), 23B (4 %), 24F (3 %) und 19A (3 %).

Ausbrüche

Ausbrüche sind aufgrund der Meldekategorie, bei der es sich ausschließlich um IPD handelt, sehr selten. Dies ist unter anderem auf die Schwere der Krankheit zurückzuführen. Im Jahr 2023 wurden 2 Häufungen mit je 2 Fällen erfasst.

Datenqualität

Der Anteil von übermittelten Fällen, die die Kriterien der Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.53.1), ist mit 82 % relativ hoch. Zu erklären ist der Anteil der Fälle die nicht der Referenzdefinition entsprechen mit der Falldefinitionsänderung Mitte des Jahres 2023. Vor der Falldefinitionsänderung war die Angabe des klinischen Bildes mit mindestens einem Symptom zur Erfüllung der Referenzdefinition notwendig. Das klinische Bild wird nicht bei allen Fällen angegeben. Trotz der Änderung der Falldefinition, dass der labordiagnostische Nachweis zum Erfüllen der Referenzdefinition ausreicht, ist eine Angabe zum klinischen Bild weiterhin wünschenswert und wichtig.

Die Angabe zum Serotyp fehlte bei 85 % aller übermittelten IPD-Infektionen, dieser Anteil ist unbefriedigend hoch. Für ein umfängliches Bild der IPD ist eine Feintypisierung von invasiven Pneumokokkenisolaten unerlässlich. Zudem können ohne Ergebnisse zur Feintypisierung keine Aussagen zu möglichen Impfdurchbrüchen erfolgen, da nicht alle Serotypen in den Impfstoffen enthalten und somit impfpräventabel sind.

Die Auswertungen zum Impfstatus unterliegen einigen wichtigen Limitationen. Bei über der Hälfte (56 %) der übermittelten IPD-Fälle fehlte die Angabe des Impfstatus. Bei lediglich 50 % der als geimpft übermittelten Personen wurden Angaben zum verwendeten Impfstoff gemacht und bei lediglich 15 % der als geimpft übermittelten Personen lagen Angaben zum verwendeten Impfstoff und Ergebnisse zum Serotyp vor. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen

Angaben zum Serotyp, zum Datum der letzten Impfung, zum verwendeten Impfstoff und zur Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Erkrankungsbeginn möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden.

Fazit

Mit einer bundesweiten Inzidenz für eine IPD von 6,9 Infektionen pro 100.000 Einwohner liegt diese im oberen Drittel aller meldepflichtigen Krankheiten und besitzt somit trotz der Möglichkeit der Impfung immer noch eine deutliche Krankheitslast in Deutschland. Eine IPD trat besonders häufig bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren und älteren Menschen ≥ 60 Jahren auf. Daher empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) für alle Säuglinge, Personen ≥ 60 Jahren sowie für besonders gefährdete Personengruppen in jedem Alter eine Impfung.

Für zukünftige Auswertungen ist eine möglichst vollständige Erfassung der Serogruppe und des Impfstatus zur Überwachung der Effekte, die durch die empfohlene Impfung gegen Pneumokokken erreicht werden können und zur Erkennung von Impfdurchbrüchen unerlässlich. Diese Daten sind eine wesentliche Grundlage für die Prüfung und mögliche Anpassung zu den Pneumokokken-Impfempfehlungen der STIKO.

Literaturhinweise

- Perriat D, Vygen-Bonnet S, Forschungsstelle für Pädiatrische Epidemiologie der Deutschen Gesellschaft für Kinder- und Jugendmedizin e.V.: *Erhebungseinheit für Seltene Pädiatrische Erkrankungen in Deutschland Jahresbericht 2023: Invasive Pneumokokken-Erkrankungen (IPE)*. 2024. https://www.unimedizin-mainz.de/fileadmin/cliniken/esped/Jahresberichte/ESPED_JaBe2023_web_240828.pdf
- Schlaberg J, Vygen-Bonnet S, Falman A, et al.: *Aktualisierung der Empfehlungen der STIKO zur Standardimpfung von Personen ≥ 60 Jahre sowie zur Indikationsimpfung von Risikogruppen gegen Pneumokokken und die dazugehörige wissenschaftliche Begründung*. *Epid Bull.* 2023;39. <https://doi.org/10.25646/11719.2>
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Aktualisierung der Empfehlungen zur Indikationsimpfung gegen Pneumokokken für Risikogruppen*. *Epid Bull* 2016;37. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2016-055.1>
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung zur Änderung der Pneumokokken-Impfempfehlung für Säuglinge*. *Epid Bull* 2015;36. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2015-005>
- Vygen-Bonnet S, Schlaberg J, Kremer-Flach K, Perriat D, Bogdan C: *Pneumokokkenimpfung im Säuglings- und im Kleinkindalter. Epidemiologische und immunologische Basis der pädiatrischen Pneumokokkenimpfung*. *Monatsschrift Kinderheilkunde* 2024;5. <https://doi.org/10.1007/s00112-024-01940-w>

6.54 Poliomyelitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 0
- ▶ Keine Fälle in Deutschland in den letzten Jahrzehnten
- ▶ Weltweite Polioeradikation noch nicht erreicht. Auch bislang als poliofrei zertifizierte Länder laufen daher Gefahr, Ausbrüche, z. B. durch importierte impfstoffabgeleitete Polioviren, zu erleiden

Kurzbeschreibung

Polioviren werden von Mensch zu Mensch übertragen, vorrangig fäkal-oral. Bei Befall des zentralen Nervensystems kann es zu akuten schlaffen Paresen kommen (*Acute Flaccid Paralysis*, AFP). Nachdem weltweit Poliowildviren (WPV) Typ 2 im Jahr 2015 und Typ 3 im Jahr 2019 als eradiziert erklärt wurden, zirkulierte 2023 nur noch WPV Typ 1 in Afghanistan und Pakistan. Darüber hinaus kommen in Ländern mit Verwendung des oralen Polio-Impfstoffs (OPV) zirkulierende Impfstoff-abgeleitete Polioviren vor (*circulating vaccine-derived poliovirus*, cVDPV, vor allem cVDPV2). Diese können zu den gleichen Symptomen wie Infektionen mit WPV führen. Gegen Polio gibt es eine wirkungsvolle Schutzimpfung mit einem Totimpfstoff (inaktivierte Polio-Vakzine, IPV). In Deutschland wurde 1998 OPV durch IPV ersetzt.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurde in Deutschland kein Fall einer Poliomyelitis übermittelt. Die letzte in Deutschland erworbene Poliomyelitis durch ein Wildvirus wurde 1990 erfasst. Importierte Fälle (aus Ägypten und Indien) wurden zuletzt 1992 registriert. Eine Impfquote von $> 95\%$ kann eine Ausbreitung des Virus und somit größere Ausbrüche verhindern. Beim Unterschreiten dieser Quote besteht auch in als poliofrei zertifizierten Ländern das Risiko eines erneuten Auftretens von Erkrankungsfällen. In Deutschland wird zur Polioüberwachung eine syndromische Surveillance durchgeführt, bei der alle pädiatrischen und neurologischen Kliniken zur Abklärung von z. B. viralen Meningitiden kostenlos eine Enterovirus-Diagnostik aus Stuhl- oder Liquorproben in Anspruch nehmen können. Die Typisierung der Enteroviren ermöglicht den Polioausschluss. Ergänzend wurde am Nationalen Referenzzentrum für Poliomyelitis und Enteroviren ein Abwassertest-Workflow entwickelt, der unter geeigneten Bedingungen als Früherkennungssystem für Polioviren dienen kann, sodass ggf. frühzeitige Maßnahmen wie gezielte Impfungen eingeleitet werden können.

Fazit

Aufgrund des weiterhin bestehenden Risikos einer internationalen Ausbreitung sowohl von WPV als auch von cVDPV wurde bislang die Poliosituation weltweit im 3-monatigen Rhythmus von der WHO als eine gesundheitspolitische

Notlage von internationaler Bedeutung (*Public Health Emergency of International Concern*, PHEIC) bestätigt. Sowohl die von der Ständigen Impfkommission (STIKO) empfohlene Grundimmunisierung gegen Polio im Kleinkindalter als auch Auffrischimpfungen z. B. im Kontext von Auslandsreisen sind wichtige Bausteine für die Erreichung des Ziels der weltweiten Polioeradikation.

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 2024;14. <https://doi.org/10.25646/12006.4>

Kling K, Keeren K, Beyrer K, et al.: *Wo steht die weltweite Polioeradikation und welche Rolle spielt die Impfung?* Epid Bull 2022;41. <https://doi.org/10.25646/10688>

6.55 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 74
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr 12 % 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 Krankheitsschwere gefürchtet.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.55.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 74 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Im Vergleich zum Vorjahr (65) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 12 % höher (s. Abb. 6.55.1) und liegt weiterhin unter dem Median der Vorjahre (2001 bis 2022: 196 Erkrankungen).

Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Brandenburg, Bremen, Hamburg und Schleswig-Holstein sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt worden. Die höchsten Inzidenzen wurden dabei in Mecklenburg-Vorpommern und dem Saarland (jeweils 0,2 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet.

Für 47 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (64 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) genannt. Bei 29 Erkrankungen (62 %) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden in der Altersgruppe der 5- bis 9-Jährigen und in allen Altersgruppen zwischen 15 und über 79 Jahren übermittelt. Die höchste altersspezifische Inzidenz war bei den 70- bis 79-jährigen Männern (0,2 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen. Wie in den Vorjahren waren Männer (46 Erkrankungen) stärker betroffen als Frauen (28 Erkrankungen) (s. Abb. 6.55.3).

Klinische Aspekte

Für alle Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 147 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 77 % aller

Tab. 6.55.1:
Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	65	59 %	74	73 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	20	18 %	14	14 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	26	23 %	14	14 %
alle	111	100 %	102	100 %
Referenzdefinition (B+C)	65	59 %	74	73 %

Abb. 6.55.1:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

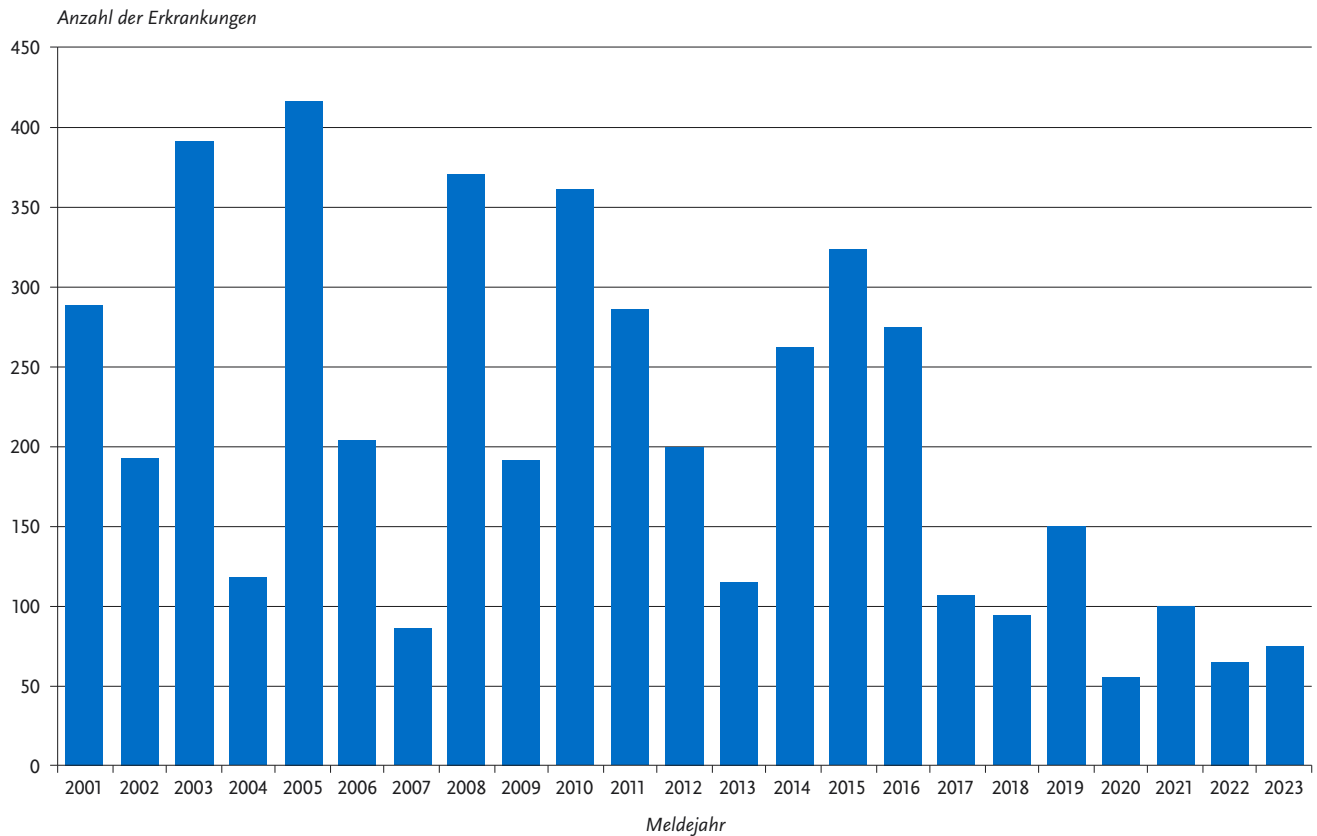


Abb. 6.55.2:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=74) im Vergleich mit den Vorjahren

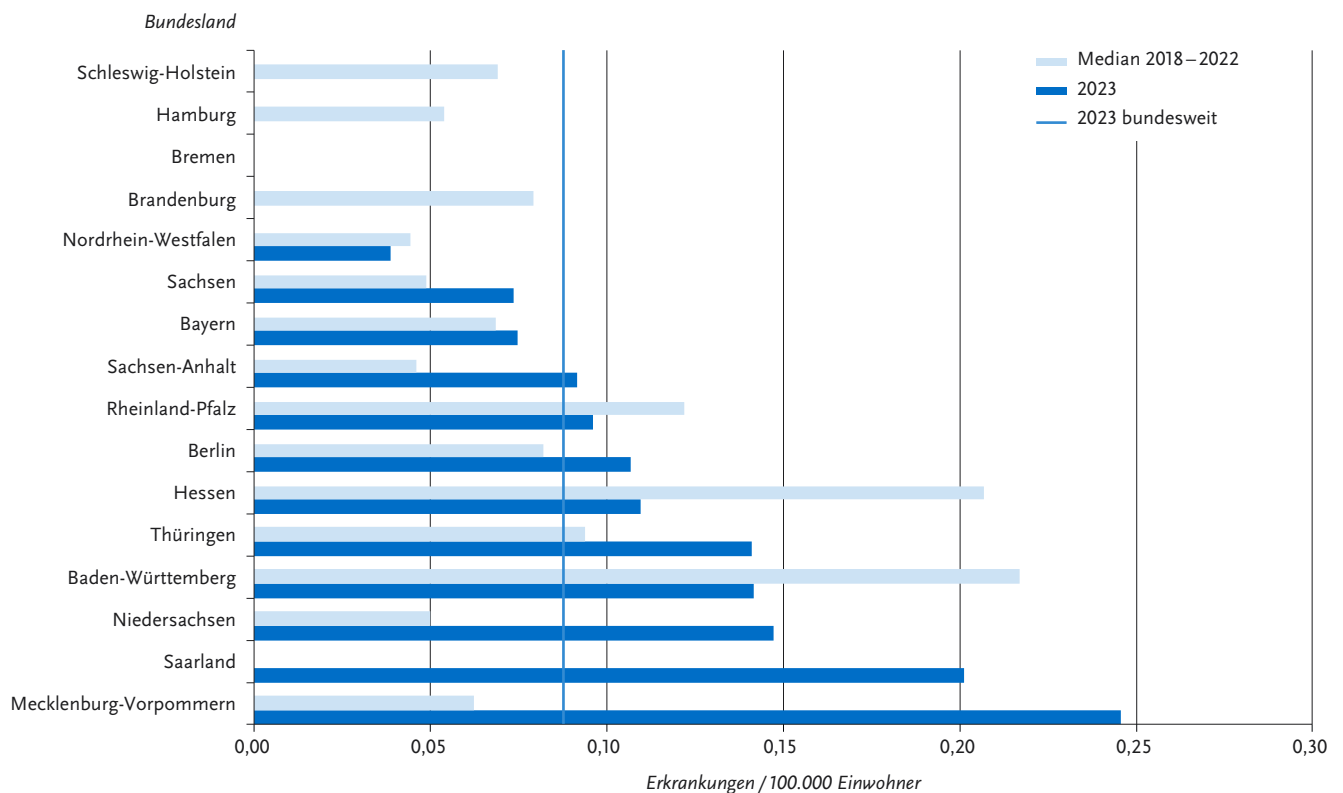
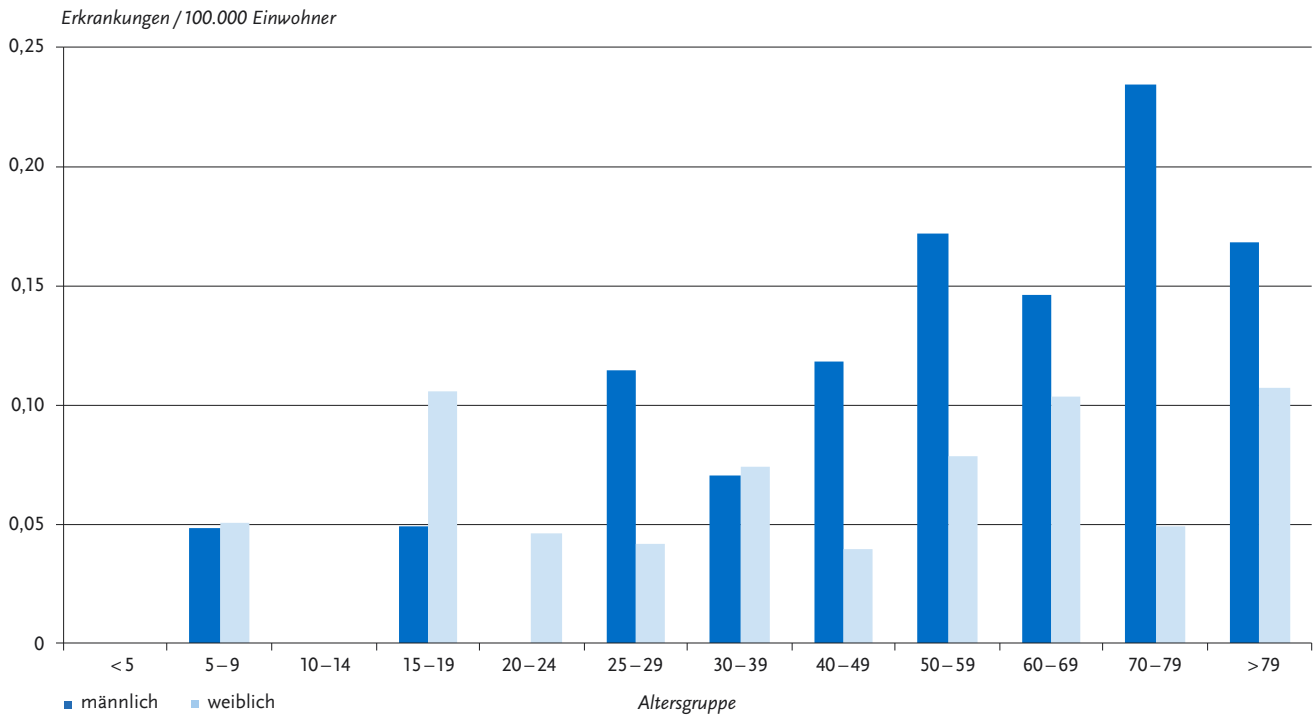


Abb. 6.55.3:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 74)



Erkrankungen) und Fieber (bei 62 % aller Erkrankungen). Bei 23 Erkrankungen (31 %) wurde eine Lungenentzündung übermittelt. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden keine Ausbrüche übermittelt.

Datenqualität

Da das klinische Bild allein keine Rückschlüsse auf den Erreger zulässt, kann dieser nur durch eine spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden. Daher ist davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen nur einen Teil der tatsächlichen Erkrankungen repräsentieren und es somit eine Untererfassung gibt.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen zeigt, dass sowohl bei sporadischen Q-Fieber-Erkrankungen, als auch bei Ausbrüchen in Deutschland erhebliche Schwankungen auftreten (seit 2001 zwischen 55 und 416 Erkrankungen pro Jahr; Median: 196 Erkrankungen), ohne dass es einen erkennbaren Trend gibt.

Literaturhinweise

Ankert J, Frosinski J, Weis S, Boden K, Pletz MW: *Incidence of chronic Q fever and chronic fatigue syndrome: A 6 year follow-up of a large Q fever outbreak*. Transbound Emerg Dis 2022;69(4). <https://doi.org/10.1111/tbed.14224>

George M, Reich A, Cussler K, Jehl H, Burckhardt F: *Live cell therapy as potential risk factor for Q fever*. Emerg Infect Dis 2017;23(7). <https://dx.doi.org/10.3201/eid2307.161693>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2018. www.rki.de/ratgeber

Willing H, Beermann S, Boone I, et al.: *Bakterielle Zoonosen mit Bedeutung für den öffentlichen Gesundheitsschutz in Deutschland – Vorkommen, Verbreitung und Übertragungswege*. Bundesgesundheitsblatt Gesundheitsforschung Gesundheitsschutz. 2023;66(6). <https://doi.org/10.1007/s00103-023-03703-6>

6.56 Rotavirus-Gastroenteritis



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: **25.462**
- Nach dem deutlichen Rückgang während der COVID-19-Pandemie sind die Erkrankungszahlen mit dem präpandemischen Niveau vergleichbar
- Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 79 Jahren
- 661 Ausbrüche mit 4.610 Erkrankungen
- Wirksame Schutzimpfung für Säuglinge 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 jüngere Erwachsene. Die Viren werden mit dem Stuhl ausgeschieden und überwiegend durch fäkal-orale Schmierinfektionen, selten aber auch durch verunreinigtes Wasser und verunreinigte Lebensmittel, übertragen. Die Hauptansteckungsquelle ist der Mensch. Rotavirus-Lebendimpfstoffe für Säuglinge sind seit 2006 in Europa verfügbar. Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt seit August 2013 die Impfung von Säuglingen gegen Rotavirus-Gastroenteritis.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.56.1).

Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war in Deutschland 2023 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der Norovirus-Gastroenteritis (53.878) und der *Campylobacter*-Enteritis (40.179). Man kann davon ausgehen, dass die Infektionsschutzmaßnahmen, die zur Eindämmung der COVID-19-Pandemie im Frühjahr 2020 eingeführt wurden, 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).

Lässt man den pandemiebedingten Rückgang der Rotavirus-Gastroenteritis-Fallzahlen in den Jahren 2020 und 2021 unberücksichtigt, lässt sich feststellen, dass sich der seit 2008 beobachtete rückläufige Trend der Fallzahlen fortsetzt. Im Jahr 2023 wurden mit 25.462 Fällen nur etwa 2.300 Fälle mehr als im Vorjahr (23.155) und etwa 2.800 Fälle mehr als im Jahr 2016 (22.647), dem präpandemischen Minimum, übermittelt (s. Abb. 6.56.1).

Eine nahezu kontinuierliche Zunahme der wöchentlich übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden zeigte sich ab Beginn des Jahres 2023. Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2023 im Mai. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 1.081 Erkrankungen übermittelt. Das zwischensaisonale Tief mit fortlaufend weniger als 200 Fällen pro Woche begann Anfang Oktober 2023 in der 40. Meldewoche. Ein Anstieg der Erkrankungszahlen als Beginn der nächsten Rotavirus-Saison zeigt sich bis zum Ende 2023 nicht. Somit scheint sich der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison in das folgende Kalenderjahr zu verschieben.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 30 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und lag damit auf dem Niveau des Medians der Inzidenzen der 5 Vorjahre (27 Erkr./100.000 Einw.). Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden in abnehmender Höhe in den östlichen Bundesländern Thüringen, Sachsen-Anhalt, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg sowie in Hamburg und dem Saarland registriert. Die Inzidenzwerte lagen hier zwischen 40 und 96 Erkr./100.000 Einw., während in den übrigen Bundesländern Werte zwischen 12 und 27 Erkr./100.000 Einw. beobachtet wurden. Ein Rückgang im Vergleich zum Median der Vorjahre wurde in Berlin (–23 %) und in Sachsen (–14 %) beobachtet. Einen besonders ausgeprägten Anstieg von mehr als 50 % im Vergleich zum Vorjahr zeigte sich mit ansteigenden Werten in Rheinland-Pfalz, Sachsen-Anhalt, Thüringen, Bayern, Hessen, Niedersachsen und dem Saarland (s. Abb. 6.56.2).

Bei 14.909 (59 %) der übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei wurde bei 97 % der Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) Deutschland angegeben.

Tab. 6.56.1:
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2.680	10 %	3.217	10 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	20.475	73 %	22.245	72 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	623	2 %	750	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4.134	15 %	4.701	15 %
alle	27.912	100 %	30.913	100 %
Referenzdefinition (B+C)	23.155	83 %	25.462	82 %

Abb. 6.56.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

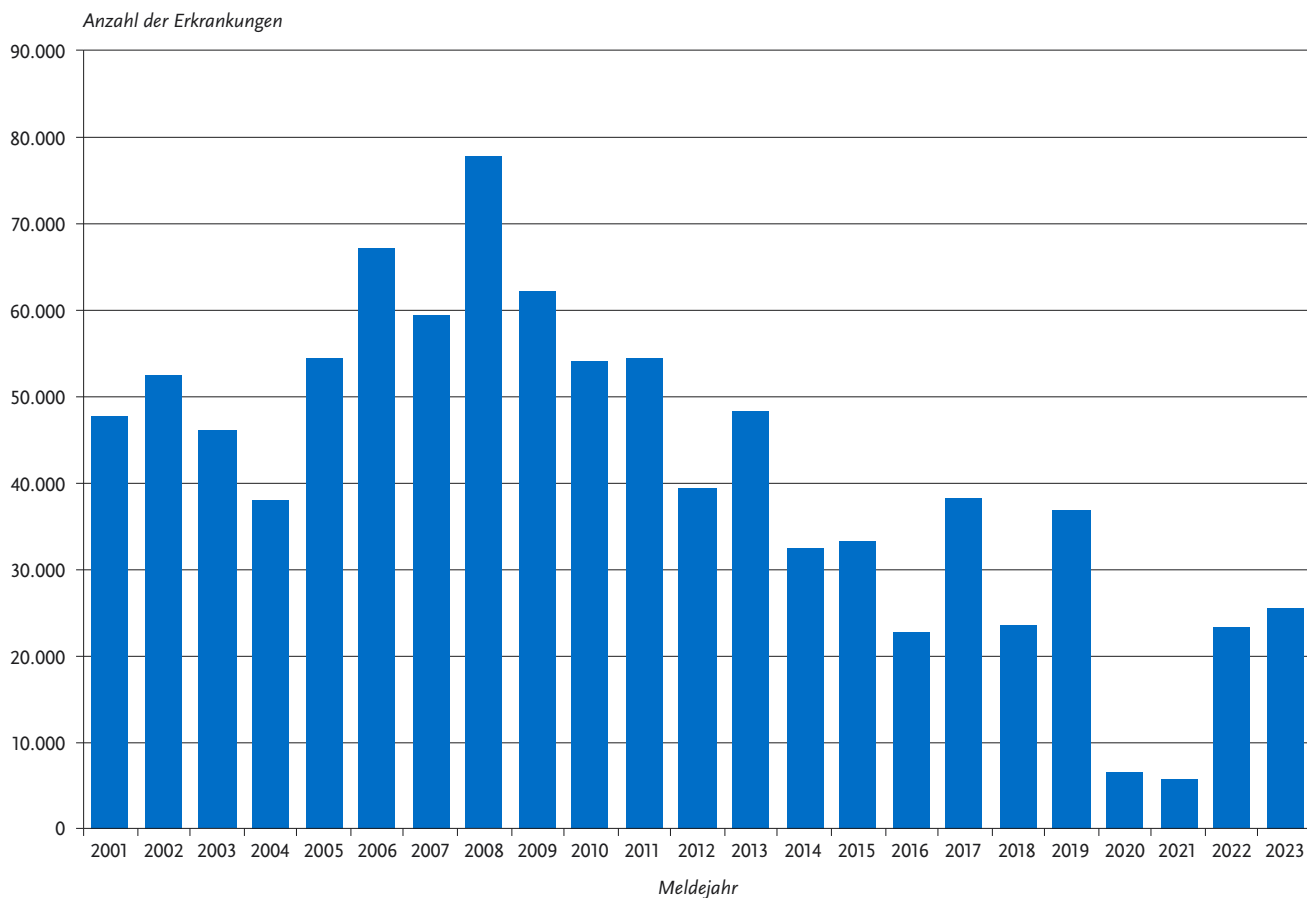
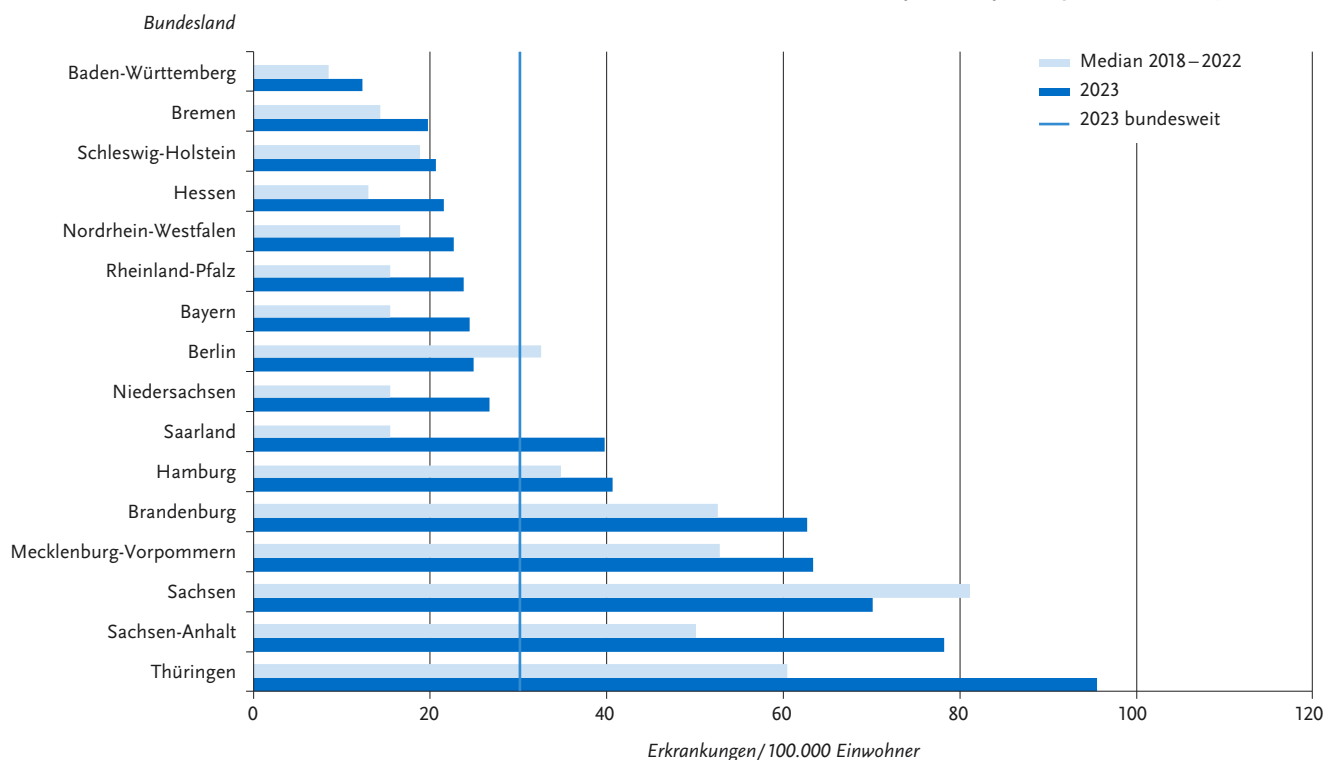


Abb. 6.56.2:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=25.462) im Vergleich mit den Vorjahren



Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten vermehrt im Kindesalter auf; 35 % der Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die höchsten Inzidenzen wurde bei ≤ 2 -jährigen Kindern (244–279 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.56.3). Die Inzidenz nimmt mit steigendem Alter deutlich ab und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Im Jahr 2023 war die Inzidenz in den älteren Altersgruppen bei den über 79-jährigen Personen mit 60 Erkr./100.000 Einw. am höchsten, insgesamt wurden 3.650 (14 %) Erkrankungen in dieser Altersgruppe übermittelt.

Im Vergleich zum Vorjahr ist die Inzidenz bei den Säuglingen und den ≥ 10 -Jährigen angestiegen. Eine ausgeprägte Zunahme um mehr als 30 % im Vergleich zum Vorjahr konnte bei den ≥ 60 -Jährigen registriert werden. Es fällt auf, dass im Säuglingsalter Jungen häufiger betroffen sind als Mädchen.

Klinische Aspekte

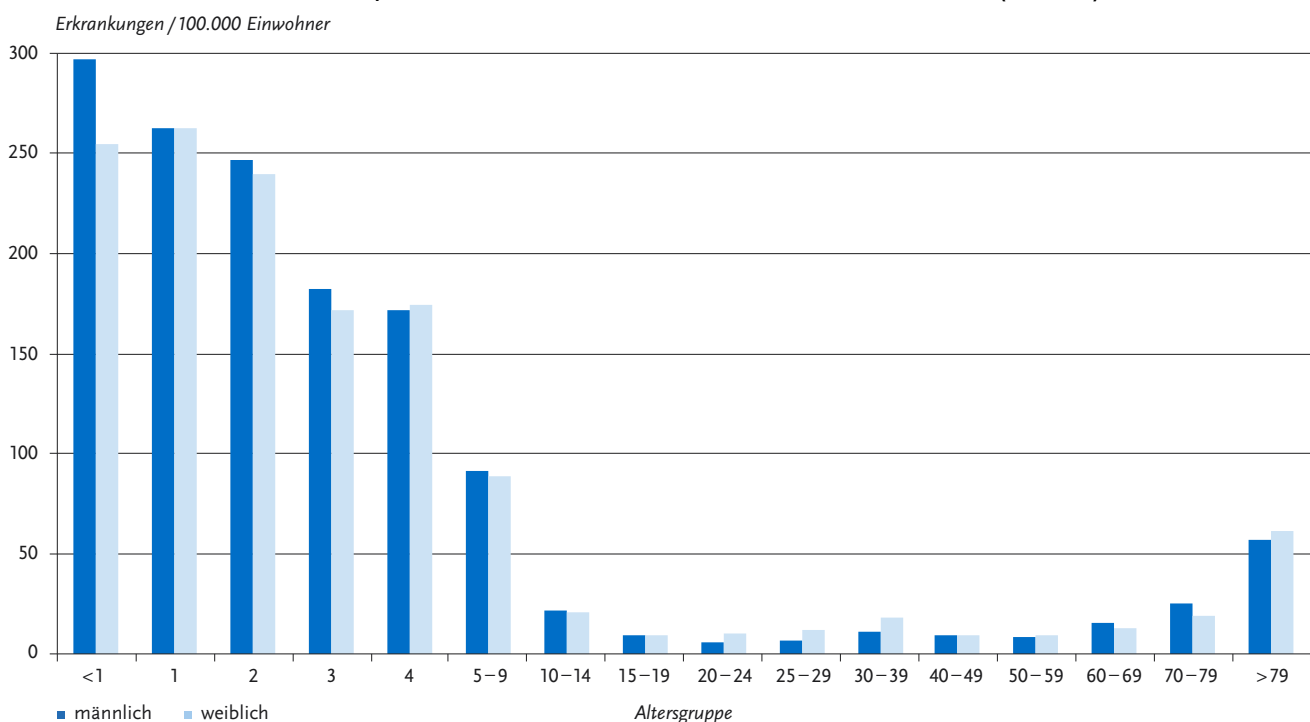
Bei 21.030 Erkrankungen (83 %) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 11.188 Erkrankungen (53 %) wurde eine stationäre Behandlung angegeben. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert wurden, war am höchsten in den Altersgruppen der unter 10-Jährigen (61 %) sowie der über 69-Jährigen (58 %); bei den 20- bis 49-Jährigen war der Anteil mit 24 % am geringsten. Angaben zum Vitalstatus lagen für 99,8 % der Erkrankungen vor. Es wurden 11 Todesfälle übermittelt, für die eine Rotavirus-Gastroenteritis als Todesursache benannt wurde. Betroffen waren Personen im Alter zwischen 60 und 96 Jahren (Altersmedian 87 Jahre). Der Fall-Verstorbenen-Anteil der Rotavirus-Gastroenteritis betrug 0,04 %.

Impfstatus

Zur Impfung gegen die Rotavirus-Gastroenteritis wurden 2006 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) 2 Lebendvakzine für die orale Verabreichung zugelassen: Rotarix® (Rota-A) und RotaTeq® (Rota-B). Beide sind zur aktiven Immunisierung von Säuglingen ab einem Alter von 6 Wochen bis zu 24 (Rota-A) bzw. 32 (Rota-B) Wochen indiziert. Die Impfschritte bestehen aus 2 (Rotarix®) bzw. 3 (RotaTeq®) Impfstoffdosen. Zwischen den einzelnen Impfstoffdosen ist bei beiden Impfstoffen ein zeitlicher Abstand von mindestens 4 Wochen einzuhalten. Die Impfschritte sollten vorzugsweise bis zum Alter von 16 (Rotarix®) bzw. 22 (RotaTeq®) Wochen verabreicht werden, muss aber auf jeden Fall bis zum Alter von 24 (Rotarix®) bzw. 32 (RotaTeq®) Wochen abgeschlossen sein. Ein Impfschutz besteht ab etwa 14 Tagen nach Abschluss der Impfschritte.

Seit August 2013 empfiehlt die STIKO eine routinemäßige Rotavirus-Impfung von unter 6 Monate alten Säuglingen. Das primäre Ziel der Impfeempfehlung ist die Reduzierung von schweren Rotavirus-Erkrankungen und insbesondere die dadurch erforderlichen Krankenhausbehandlungen bei Säuglingen und Kleinkindern. Die Rotavirus-Impfung ist seit 2006 in Deutschland verfügbar. Sachsen, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen und Schleswig-Holstein hatten die Impfung bereits vor 2013 in ihre öffentlichen Impfeempfehlungen aufgenommen. Die Rotavirus-Impfquote des Geburtsjahrgangs 2020 basierend auf den Daten der KV-Impfsurveillance betrug 69 %; sie war regional sehr unterschiedlich und reichte von 62 % in Bayern bis 83 % in Mecklenburg-Vorpommern.

Abb. 6.56.3:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 25.279)



Da der Impfstoff keinen lebenslangen Schutz bietet und die Zielpopulation der Impfung Kleinkinder im Alter von unter 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von unter 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

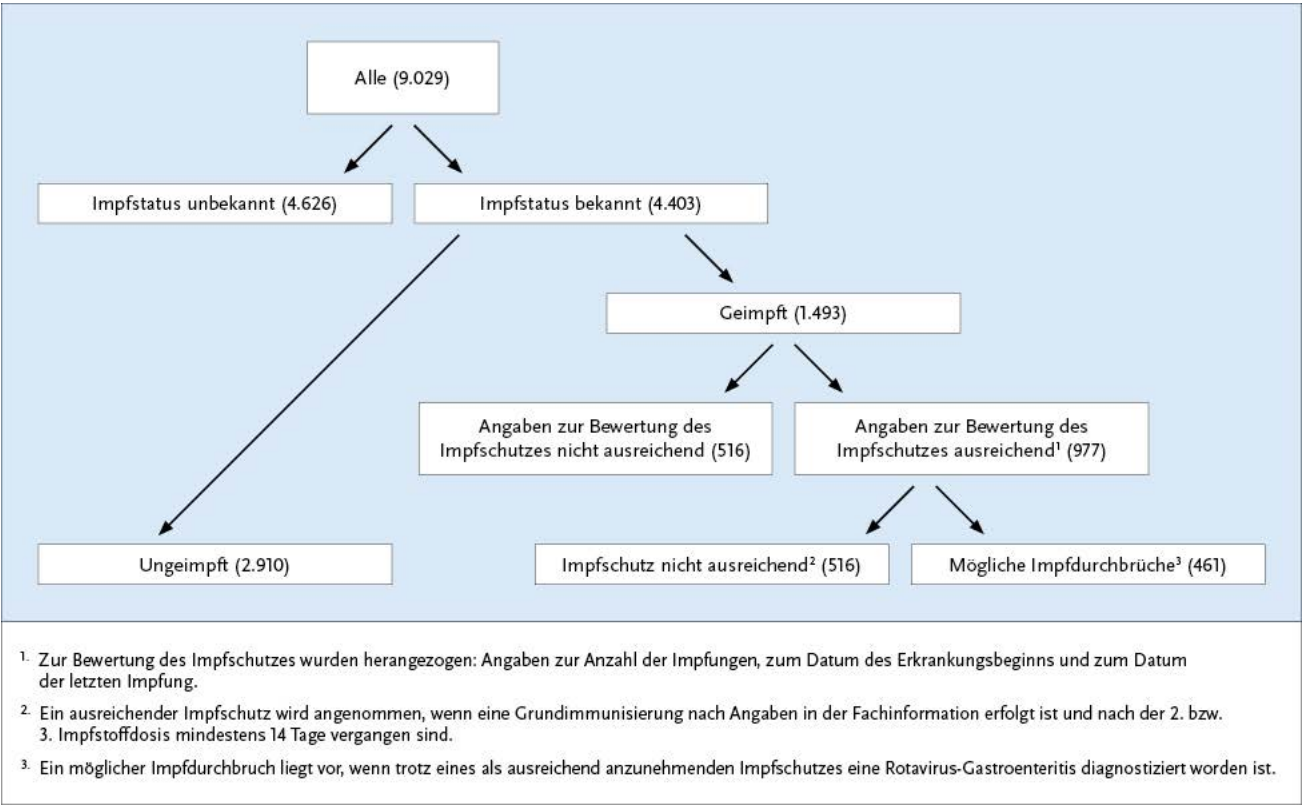
Von den 9.029 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) war der Impfstatus bei 4.403 (49 %) Fällen bekannt. Von diesen wurden 1.493 (34 %) Kinder als geimpft und 2.910 (66 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.56.4). Bei den geimpften Kindern waren von 977 (65 %) die Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen unter 9 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung dahingehend ausreichend, dass der anzunehmende Impfschutz bewertet werden konnte. Von diesen 977 Kindern waren 461 (47 %) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 461 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft.

Darunter waren 346 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung, 103 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung und 12 Erkrankungen nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates. Die Diagnose war bei 416 (90 %) der 461 Erkrankungen labordiagnostisch gesichert. Von den 461 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 71 (15 %) Kinder < 1 Jahr, 142 (31 %) 1 Jahr, 112 (24 %) 2 Jahre, 69 (15 %) 3 Jahre und 67 (15 %) 4 Jahre alt. Insgesamt 204 (44 %) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 7 Erkrankungen zu vermuten ist.

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurden 661 Ausbrüche mit insgesamt 4.610 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.56.2). Nach dem deutlichen Rückgang der Rotavirus bedingten Ausbrüche in den Pandemie-jahren 2020 und 2021 hat die Zahl der Ausbrüche wieder deutlich zugenommen und liegt auf dem präpan-

Abb. 6.56.4: Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus bei Kindern < 5 Jahren, Deutschland, 2023 (n=9.029)



Tab. 6.56.2: Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2022 und 2023

	2022		2023	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	455	1.133	409	1.059
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	240	3.065	252	3.551
Alle Ausbrüche	695	4.198	661	4.610

demischen Niveau. Insgesamt sind 18 % aller Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 409 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 1.059 Erkrankungen) und 252 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 3.551 Erkrankungen) auf. Für 98 % der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Insgesamt 46 % dieser Ausbrüche ereigneten sich in Kindergärten, 32 % in Einrichtungen der Pflege, 6 % in Krankenhäusern und 3 % in privaten Haushalten.

Datenqualität

Auffällig ist der hohe Anteil an Fällen ohne Angaben zum klinischen Bild (15 %). Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass die zusätzlich notwendigen Recherchen zur Klärung des Sachverhalts aufgrund der Arbeitslast in den Gesundheitsämtern nicht immer durchgeführt werden konnten.

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 vereinzelt Personen an einer Rotavirus-Gastroenteritis. In den Jahren 2020 und 2021 hatten die Infektionsschutzmaßnahmen, die aufgrund der COVID-19-Pandemie eingeführt wurden, erhebliche Auswirkungen auf die Rotavirus-Epidemiologie. Insbesondere die Kontaktbeschränkungen, Abstands- und Hygieneregeln sowie die Kita- und Schulschließungen haben wie bei vielen anderen Infektionserregern vermutlich dazu geführt, dass die Zahl der Rotavirus-Fälle und -Ausbrüche in diesem Zeitraum im Vergleich zu den Vorjahren um ein Vielfaches zurückgegangen war. Im Jahr 2023 zeigte die Rotavirus-Epidemiologie wie im Vorjahr wieder ihren typischen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im späten Frühjahr und einem intersaisonalen Tief im Herbst. Auch die Fallzahlen erreichten erneut das präpandemische Niveau.

Literaturhinweise

- 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>
- Marquis A, Koch J: *Impact of routine rotavirus vaccination in Germany: evaluation five years after its introduction*. Pediatr Infect Dis 2020;39(7). <https://doi.org/10.1097/INF.0000000000002656>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;48. <https://doi.org/10.25646/10838>
- RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. Epid Bull 2015;1.

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2019. www.rki.de/ratgeber

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022;4. <https://doi.org/10.25646/9285>

Verberk J, Pijnacker R, Bruijning-Verhagen P, et al.: *Biennial pattern of rotavirus gastroenteritis in The Netherlands and a shifting age distribution after a low rotavirus season, 2010 – 2016*. Pediatr Infect Dis J 2018;37(9). <https://doi.org/10.1097/INF.0000000000001880>

6.57 Röteln



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 5
- ▶ Inzidenz 0,006 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Keine konnatale Röteln-Infektion
- ▶ Klinische Verdachtsfälle sollten unbedingt labordiagnostisch mit einer PCR bestätigt werden
- ▶ Hohe Impfquoten haben dazu geführt, dass Deutschland den Status der Elimination der Röteln erreicht hat

Kurzbeschreibung

Röteln werden durch Viren ausgelöst. Der Mensch ist der einzige bekannte natürliche Wirt für das Rötelnvirus. Die Übertragung erfolgt über Tröpfchen. Besonders im Kindesalter verläuft ein Großteil der Infektionen asymptomatisch. Die Erkrankung ist durch ein kleinleckiges Exanthem gekennzeichnet, das im Gesicht beginnt, sich über Körper und Extremitäten ausbreitet und nach 1 bis 3 Tagen wieder verschwindet. Weiter können insbesondere Kopfschmerzen, subfebrile Temperaturen und Lymphknotenschwellungen (besonders der nuchalen und retroaurikulären Lymphknoten) auftreten. Seltene (jedoch mit zunehmendem Lebensalter der erkrankten Person häufigere) Komplikationen sind Arthralgien, Arthritiden und Enzephalitiden. Im Falle einer Infektion der Mutter während der Schwangerschaft verursacht eine über die Plazenta erfolgte Infektion beim sich entwickelnden Fetus schwere Schäden, deren Häufigkeit und Schweregrad vom Infektionszeitpunkt während der Schwangerschaft abhängen (konnatale Röteln-Embryopathie). Während der ersten 12 Schwangerschaftswochen ist die Gefahr einer Embryopathie bei einer Röteln-Infektion der Mutter extrem hoch. Sie kann zu einer Fehl- oder Totgeburt oder einer Vielzahl von Missbildungen (Embryopathien) wie Taubheit, Augenschäden, geistiger Behinderung, Herzmissbildungen und Knochendefekten führen.

Die Elimination der Röteln ist ein erklärtes Ziel der deutschen und internationalen Gesundheitspolitik. Diese liegt vor, wenn in Deutschland die Unterbrechung einer endemischen Übertragung der Röteln über mindestens 36 Monate durch eine hohe Qualität der Surveillance bewiesen werden kann. Den Status der Elimination der Röteln hat Deutschland im Dezember 2020 von der WHO erhalten.

Postnatale Röteln

Falldefinition

Von 214 im Jahr 2023 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 5 (2 %) die Referenzdefinition (s. Tab. 6.57.1).

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 Fälle nach Referenzdefinition waren labordiagnostisch durch eine Serologie bestätigt worden. Bei zwei Fällen wurde zusätzlich eine PCR durchgeführt, welche negativ ausfiel.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2023 wurden insgesamt 5 Röteln-Erkrankungen übermittelt (2022: 2). Die höchste Fallzahl wurde im Jahr der Einführung der bundesweiten Meldepflicht verzeichnet und lag bei 58 übermittelten Erkrankungen im Jahr 2013. Seitdem nahm die Anzahl der übermittelten Röteln-Erkrankungen mit erfüllter Referenzdefinition kontinuierlich ab. Die im Jahr 2023 übermittelten Erkrankungen traten im Februar, März, August, Oktober und Dezember auf. Es ist zu vermuten, dass ein weiterer Rückgang der übermittelten Fälle in den Jahren 2020 bis 2023 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 weit unterhalb der von der WHO geforderten Indikatorinzidenz für die Eliminierung der Röteln von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Die 5 akuten Röteln-Erkrankungen nach Referenzdefinition waren in Brandenburg, Berlin, Nordrhein-Westfalen und Baden-Württemberg aufgetreten. Bei allen übermittelten Röteln-Erkrankungen war der Expositionsort Deutschland.

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Alle 5 nach Referenzdefinition übermittelten Fälle traten bei Erwachsenen im Alter von 15 bis 49 Jahren auf (davon je zwei Fälle in den Altersgruppen 15 bis 19 und 30 bis 39 Jahre sowie ein Fall zwischen 40 und 49 Jahren).

Bei 4 der 5 übermittelten Röteln-Erkrankungen nach Referenzdefinition war ein männliches und bei einem Fall ein weibliches Geschlecht angegeben.

Klinische Aspekte

Für alle 5 an Röteln erkrankten Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu aufgetretenen Symptomen vor. Bei allen Erkrankten war ein generalisiertes Exanthem aufgetreten. Bei 3 Erkrankten waren Lymphknotenschwellungen und bei 2 Personen waren Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) beschrieben worden. Röteln-assoziierte Hospitalisationen oder Todesfälle wurden im Jahr 2023 nicht berichtet.

Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines röteln-virushaltigen Impfstoffes (Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln [MMR]) erreicht. Bereits nach der 1. Impfung entwickeln über 95 % der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 1. Röteln- (Mumps-Masern) Impfung im Alter von 11 Monaten und eine 2. Impfung im Alter von 15 Monaten mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung. Alle Kinder sollten somit vor ihrem 2. Geburtstag 2-mal geimpft worden sein. Ferner empfiehlt die STIKO, dass alle Frauen im gebärfähigen Alter insgesamt 2-mal gegen Röteln geimpft sein sollten, um vor einer Röteln-Infektion in der Schwangerschaft geschützt zu sein. Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 5 Erkrankungen im Jahr 2023 wurden 3 als geimpft übermittelt. Bei zwei Fällen wurde eine Impfung verneint.

Tab. 6.57.1:
Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	5	2 %	3	1 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-laboridiagnostisch (C)	2	1 %	5	2 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	124	50 %	96	45 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	119	48 %	110	51 %
alle	250	100 %	214	100 %
Referenzdefinition (B+C)	2	1 %	5	2 %

Ausbrüche

Im Jahr 2023 wurde, wie schon in den Jahren 2020 bis 2022, 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 6.57.1). Darüber hinaus können andere Viruserkrankungen eine den Röteln ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsachen ist es sehr schwierig, Röteln-Erkrankungen eindeutig zu erkennen und Infektionsketten sicher nachzuverfolgen. Daher werden Erkrankungen vorwiegend als sporadisch eingestuft und wenige Ausbrüche erkannt.

Ebenso spricht der in den letzten Jahren erstaunlich hohe Anteil der Röteln-Fälle, die nach den Angaben der zuständigen Behörden aufgrund der Röteln-Erkrankung hospitalisiert worden waren (2022: ein von 2 Fällen, 2020: ein von 7 Fällen, 2019: 6 von 18 Fällen, 2018: 3 von 16 Fällen), dafür, dass es sich bei diesen Erkrankungen nicht unbedingt um eine akute Röteln-Infektion gehandelt hatte. Hier könnte es sich um einen Krankenhausaufenthalt zur Abklärung entzündlicher Prozesse des Zentralen Nervensystems gehandelt haben, zu deren Abklärung die sogenannte MRZ-Reaktion (Nachweis einer intrathekalen Synthese von Antikörpern gegen Masern, Röteln und Varicella-Zoster-Viren) herangezogen wird. Ein positiver Befund der MRZ-Reaktion ist Ausdruck einer chronischen Aktivierung des Immunsystems im zentralen Nervensystem, kann aber als akute Röteln-Infektion fehlgedeutet werden.

Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist äußerst unsicher. Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Röteln-Fälle in Deutschland auftreten. Bei klinischem Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion sollte deshalb **immer eine labordiagnostische Abklärung** erfolgen, insbesondere wenn keine epidemiologischen Informationen über eine mögliche Übertragung der Röteln von einem laborbestätigten Fall vorliegen.

Für eine Laborbestätigung der Röteln werden in erster Linie Serologien oder PCR-Untersuchungen durchgeführt. Bei Durchführung **einer Serologie** ist zu bedenken, dass nach Impfung ein positives IgM über Jahre persistieren kann. Ferner können beim Nachweis von IgM-Antikörpern falsch positive Befunde auftreten, die durch Kreuzreaktionen mit anderen Viren (u. a. Parvovirus B19, Epstein-Barr-Virus [EBV]) oder Rheumafaktoren verursacht werden können. Der positive prädiktive Wert der Serologie ist bei den selten auftretenden Röteln extrem niedrig.

Es wird daher empfohlen, insbesondere bei Kindern mit einem Exanthem und Fieber und bei allen sporadisch auftretenden Erkrankungen, einen Rachenabstrich für einen **direkten Virusnachweis mittels PCR** vorzunehmen.

Die RT-PCR bietet insbesondere bei Kindern eine nicht-invasive, zuverlässige Methode, um den Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion sicher zu bestätigen und unzureichend geimpfte, schwangere Kontaktpersonen gut beraten zu können.

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Masern, Mumps, Röteln (MMR) am RKI führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Rötelnvirus-Genotypisierungen durch, falls die RT-PCR ein positives Ergebnis ergab. Die durch die Genotypisierung gewonnenen Sequenzdaten ermöglichen es, im Rahmen der molekularen Surveillance Übertragungsketten auf nationaler wie internationaler Ebene zu verfolgen.

Eine angegebene positive PCR-Untersuchung bei Fällen, die der Kategorie D und E zugeordnet werden (unbekannte oder nicht erfüllte Klinik) sollte immer eine weitere Begutachtung des Falles zur Folge haben, um zu klären, ob es sich um eine Fehlangebe oder tatsächlich um einen positiven PCR-Befund als Goldstandard der labordiagnostischen Erhebung handelt.

Zusammenfassend wird empfohlen, dass

- ▶ bei jedem klinischen Röteln-Verdachtsfall der Nachweis des Rötelnvirus-Genoms in Rachen-Abstrich und Urin über die RT-PCR erfolgen sollte (Probenentnahme möglichst unverzüglich nach Einsetzen des Exanthems);
- ▶ nach jedem positiven IgM-Nachweis (Serologie) und Verdacht auf eine akute Röteln-Erkrankung 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 Röteln-Fälle im Jahr 2023 bleibt auf einem historischen Tiefpunkt. Die Röteln-Inzidenz ist extrem niedrig und hat die WHO-Indikatorinzidenz für die Eliminierung der Röteln von unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner unterschritten. Eine endemische Transmission der Rötelnviren ist unwahrscheinlich. Untersuchungen des NRZ für MMR am RKI haben in den letzten Jahren den Eindruck bestätigt, dass die Röteln in Deutschland kaum noch zirkulieren. Die Röteln gelten seit 2020 in Deutschland als eliminiert.

Die übermittelten Daten von 2023 ermöglichen allerdings keine eindeutige Einschätzung der Epidemiologie der Röteln in Deutschland. Die Anzahl der Fälle der Kategorien D und E ist hoch. Hier können sich aufgrund des unspezifischen Krankheitsbildes durchaus noch weitere akute

Röteln-Fälle verbergen. Eine labordiagnostische Bestätigung durch eine PCR und ggf. weiterer feindiagnostischer Untersuchungen erleichtert die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen).

Letztendlich ist das Ziel, konnatale Röteln in Deutschland zu verhindern. Je 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 vor therapeutischen Entscheidungen immer einer Überprüfung des Befundes durch eine weitere Diagnostik (z. B. Immunblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

Konnatale Röteln

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2023 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>

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. <https://doi.org/10.25646/8109>

STIKO: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. *Epid Bull* 2020;2. <https://doi.org/10.25646/6447>

NAVKO: *Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland*. <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Impfen/Eliminationsprogramme/Nationale-Verifizierungskommission-Masern-Roeteln/Berichte/berichte-node.html>

Rieck T, Steffen A, Feig M, Siedler A: *Impfquoten bei Erwachsenen in Deutschland – Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2022;49:3 – 23. <https://doi.org/10.25646/10855>

Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. *Epid Bull* 2022;48:3 – 2529. <https://doi.org/10.25646/10838>

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

RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln*. *Epid Bull.* 2010;32.

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2020. www.rki.de/ratgeber

6.58 Salmonellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **10.690**
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Infektionen überwiegend in Deutschland erworben
- ▶ 132 Ausbrüche mit 714 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Salmonellosen sind durch Bakterien der Gattung *Salmonella* verursachte Erkrankungen. Beim Krankheitsbild steht Durchfall im Vordergrund. Daneben sind Bauchschmerzen, Übelkeit, Erbrechen und Fieber möglich. Die Symptome dauern in der Regel nur wenige Stunden oder Tage an, führen bei einem Teil der Betroffenen aber auch zu mehrtägigen Krankenhausaufenthalten.

Enteritis-Salmonellen kommen weltweit u. a. in Geflügel, Schweinen, Rindern, aber auch in Reptilien und pflanzlichen Lebensmitteln vor. Sie werden meist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel auf den Menschen übertragen. Typhus und Paratyphus, verursacht durch die beiden Salmonellen-Serovare *Salmonella* (S.) Typhi und S. Paratyphi, unterscheiden sich im Krankheitsbild deutlich von den übrigen Salmonellosen und werden in eigenen Kapiteln (s. Kap. 6.61 und 6.47) behandelt.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.58.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 10.690 (2022: 9.161) Salmonellosen übermittelt. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit. Von 2001 bis 2015 wurde ein rückläufiger Trend beobachtet (von etwa 77.000 auf 14.000 Erkrankungen pro Jahr). Von 2015 bis 2019 lagen die Zahlen relativ konstant im Bereich von etwa 13.000 bis 14.300 Erkrankungen jährlich. In den Jahren 2020 und 2021 sank die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen im Vergleich zum Jahr 2019 auf ein deutlich niedrigeres Niveau (Rückgang um 36 % bzw. 40 %), was wahrscheinlich mit der COVID-19-Pandemie in Zusammenhang stand. Im Jahr 2022 ist die Inzidenz wieder leicht angestiegen, was sich im Jahr 2023 weiter fortgesetzt hat. Die Inzidenz liegt im Jahr 2023 bei 13 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnern (+17 % im Vergleich zum Vorjahr), hat aber bisher nicht wieder das Niveau der Jahre 2015 bis 2019 erreicht (s. Abb. 6.58.1).

Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (4.136; 39 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.58.2).

Tab. 6.58.1:
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	80	1 %	91	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	9.081	81 %	10.599	80 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	415	4 %	591	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.694	15 %	1.888	14 %
alle	11.270	100 %	13.169	100 %
Referenzdefinition (B+C)	9.161	81 %	10.690	81 %

Abb. 6.58.1:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

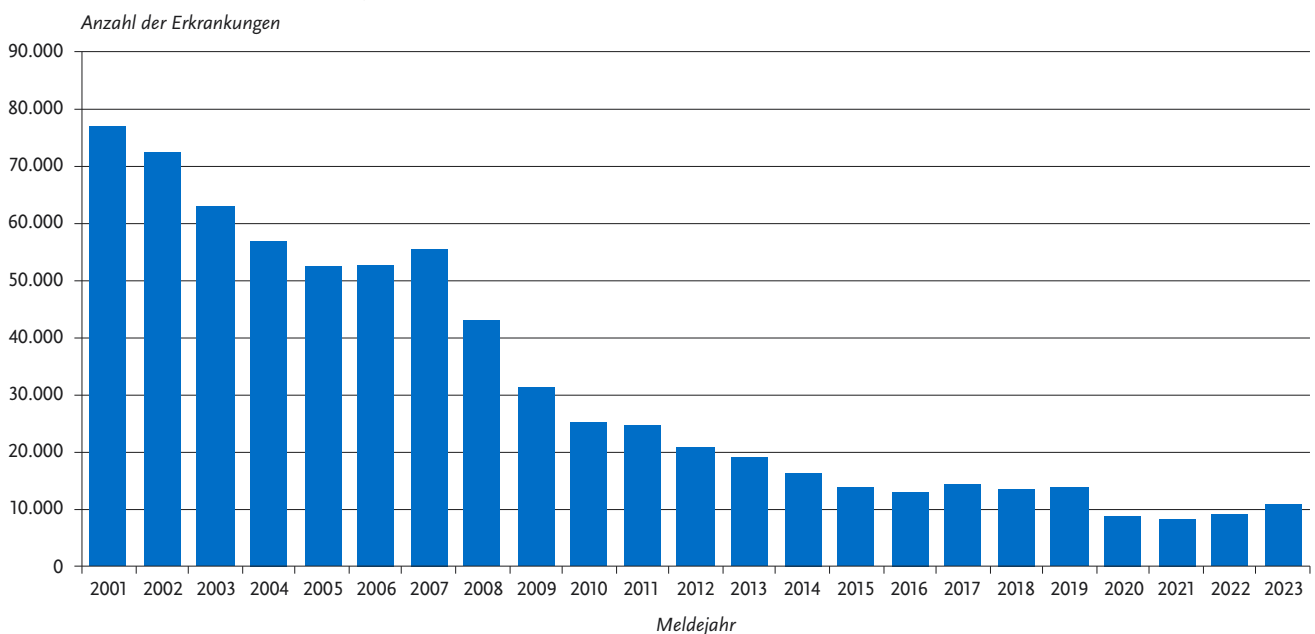
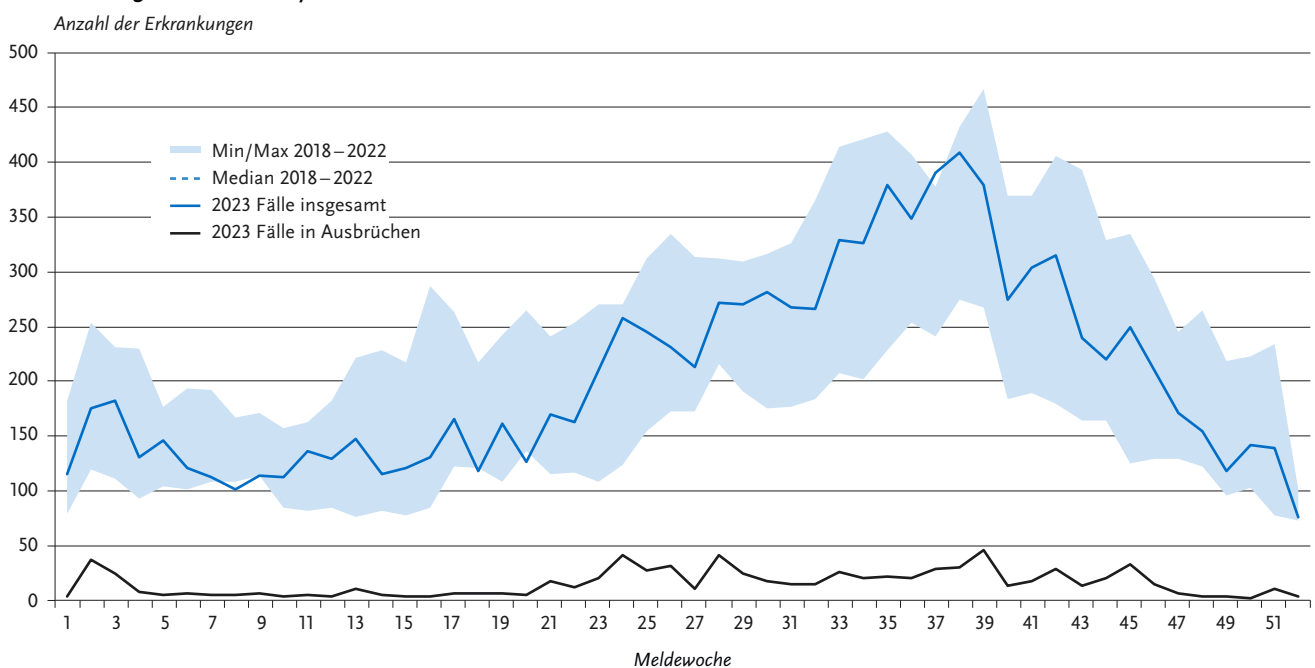


Abb. 6.58.2:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2023 (n=10.690) im Vergleich mit den Vorjahren (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)



Geografische Verteilung

In den meisten Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2023 über dem jeweiligen Median der fünf Vorjahre (s. Abb. 6.58.3). Besonders stark war der relative Anstieg in den folgenden Bundesländern zu verzeichnen: Hamburg (+68 %), Schleswig-Holstein (+32 %), Bayern (+24 %) und Mecklenburg-Vorpommern (+22 %). Ein relativer Rückgang war nur in drei Bundesländern sichtbar: dem Saarland (–17 %), Bremen (–10 %) und Sachsen (–2,9 %). Wie in den 5 Vorjahren war die Inzidenz in Thüringen (30 Erkr./100.000 Einw.) am höchsten.

Bei 6.751 Salmonellosen (63 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (6.893 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich); 4.757 der Nennungen entfielen auf Deutschland (69 %). Andere Länder wurden insgesamt deutlich seltener genannt, am häufigsten die Türkei (549 Nennungen), Ägypten (200) und Indonesien (100).

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. 6.58.4). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen (männlich 52 %; weiblich 48 %).

Klinische Aspekte

Für fast alle Erkrankungen (10.688) wurden ein oder mehrere Symptome angegeben (23.919 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Durchfall (96 % der Erkrankungen) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (65 %), Fieber (39 %) und Erbrechen (24 %). Es wurden 21 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2022: 13). Betroffen waren 13 Männer und 8 Frauen im Alter zwischen 54 und 93 Jahren (Altersmedian insgesamt bei 79 Jahren). Bei 14 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 10-mal *S. Enteritidis* und dreimal *S. Typhimurium* (inklusive der monophasischen Variante) sowie einmal *S. Cholerasuis*. Bei zwei Todesfällen wurden nur die Serogruppen übermittelt (Gruppe B und Gruppe C). Bei fünf Todesfällen wurden keine Angaben zum Serovar übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Bei 7.571 Fällen (71 %; 2022: 81 %) wurde beim Serovar eine Angabe gemacht. Bei 1.485 Fällen (20 %) davon wurde die Typisierung allerdings nur bis zur Spezies, Subspezies oder Serogruppe des Erregers übermittelt. Eine konkrete Angabe des Serovars liegt also für 6.086 Fälle vor (57 % bezogen auf alle Meldetfälle im Jahr 2023) (Tab. 6.58.2). Die am häufigsten genannten Serovare waren *S. Enteritidis* (2.722 Nennungen; 45 % der Fälle mit Serovar-Angaben) und *S. Typhimurium* (inklusive der monophasischen Variante 1.890 Nennungen; 31 %). Mit weitem Abstand folgten *S. Infantis* (139 Nennungen), *S. Chester* (93) und *S. Derby* (83). Andere

Abb. 6.58.3: Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 10.690) im Vergleich mit den Vorjahren

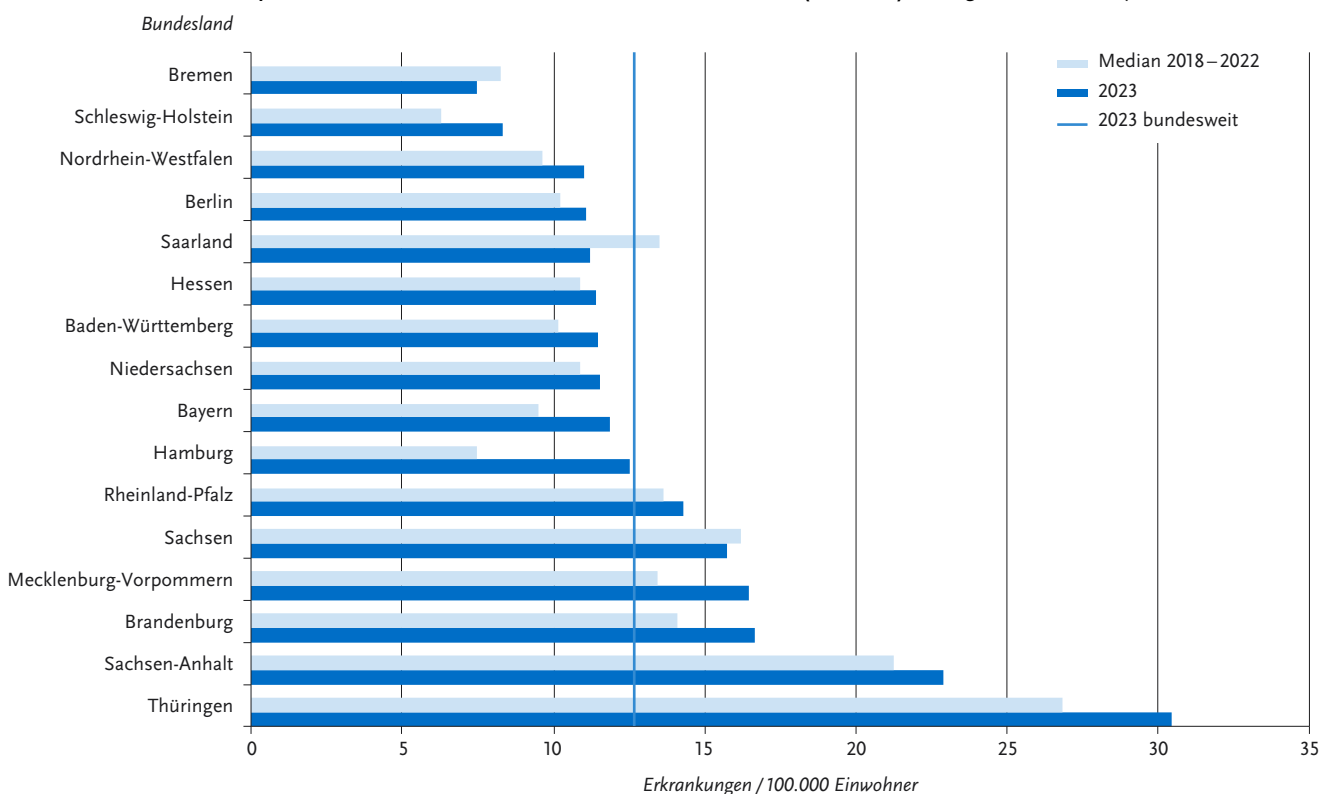
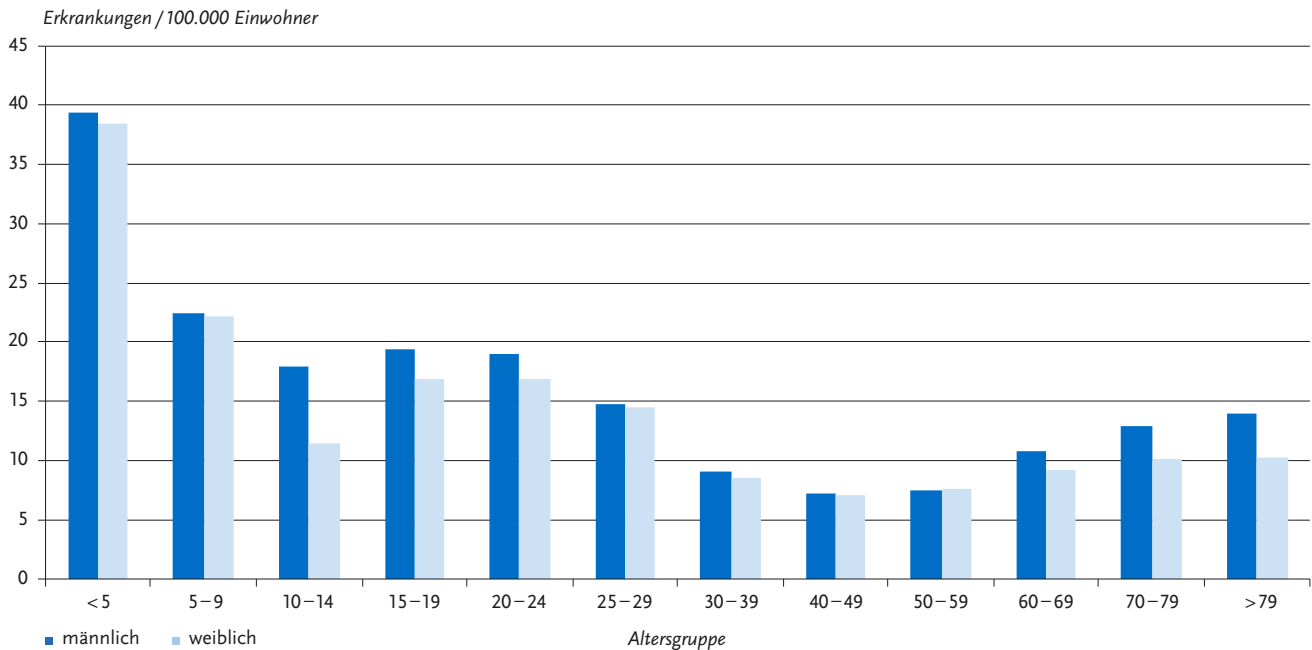


Abb. 6.58.4:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 10.665)



Serovare wurden seltener als je 50-mal genannt. Die am häufigsten genannten Serogruppen waren Gruppe B (540), Gruppe D (225) und Gruppe C (175).

Tab. 6.58.2:
Übermittelte Salmonellosen nach Erreger, Deutschland, 2023 (n = 7.571)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>S. Enteritidis</i>	2.722	44,7 %
<i>S. Typhimurium</i>	1.792	29,4 %
<i>S. Infantis</i>	139	2,3 %
<i>S. Typhimurium</i> , monophasisch	98	1,6 %
<i>S. Chester</i>	93	1,5 %
<i>S. Derby</i>	83	1,4 %
<i>S. Paratyphi B</i> (<i>enterisches Pathovar</i> , <i>Tartrat</i> positiv, <i>SopE</i> negativ, <i>avrA</i> positiv) – vormals <i>S. Java</i>	44	0,7 %
<i>S. Agona</i>	44	0,7 %
<i>Salmonella</i> , serologisch rau	44	0,7 %
<i>S. Strathcona</i>	43	0,7 %
Andere	984	16,2 %
Summe	6.086	100 %

Ausbrüche

Es wurden 132 (2022: 128; 2021: 112) Ausbrüche mit insgesamt 714 Erkrankungen (7% aller Salmonellosen) übermittelt (s. Tab. 6.58.3), davon 26 Ausbrüche mit fünf oder mehr Erkrankungen. Die drei größten Ausbrüche umfassten je 40 oder mehr übermittelte Erkrankungen und wurden durch *S. Strathcona* und *S. Enteritidis* ausgelöst.

Datenqualität

Der Anteil der übermittelten Salmonellosen, bei denen ein Serovar übermittelt wurde, lag bei 57 %. Im Jahr 2023 wurde die RKI-Falldefinition für Salmonellosen und andere gastrointestinale Infektionen erweitert, so dass auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. PCR, als ein direkter labordiagnostischer Erregernachweis gilt. Der Anteil von übermittelten Fällen mit kulturellem labordiagnostischen Nachweis hat seitdem leicht abgenommen, während zeitgleich der Anteil von Fällen, bei denen als labordiagnostische Methode ausschließlich ein PCR-Nachweis angegeben war, zugenommen hat. Dies könnte auch mit der Zunahme der Anwendung von sogenannten Multiplex-PCR-Panels für gastrointestinale Infektionen in Primärlaboren in Zusammenhang stehen. Da die verwendeten PCR-Nachweise keine Differenzierung des

Tab. 6.58.3:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2022 und 2023

	2022		2023	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	84	182	106	259
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	44	698	26	455
Alle Ausbrüche	128	880	132	714

Serovars erlauben und für die Sequenzierung eine Reinkultur des Erregers benötigt wird, ist zu erwarten, dass in den nächsten Jahren der Anteil der übermittelten Salmonellen-Serovare weiter sinken wird und die genomische Surveillance der Salmonellen erschwert wird.

Fazit

Die Epidemiologie der Salmonellose war bis 2015 von einer deutlichen Abnahme der Erkrankungszahlen geprägt, die primär, aber nicht ausschließlich, durch einen Rückgang der Erkrankungen durch *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* gekennzeichnet war. Von 2017 bis 2019 hat sich der rückläufige Trend nicht weiter fortgesetzt. Erst 2020 und 2021 kam es während der COVID-19-Pandemie erneut zu einem deutlichen Rückgang. In den Jahren 2022 und 2023 stieg die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zu den beiden Vorjahren wieder leicht an; es wurde aber bisher nicht das Niveau der Jahre 2017 bis 2019 erreicht. *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* machten zusammen 76 % 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: *Monophasic Salmonella Typhimurium outbreak linked to chocolate products. 15 July update.* 2021. <https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/15-july-update-monophasic-salmonella-typhimurium-outbreak-linked-chocolate-products>
- ECDC/EFSA: *Multi-country outbreak of Salmonella Braenderup ST22, presumed to be linked to imported melons. 20 July 2021.* 2021. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/ROA_S_Braenderup-ST22_UI-719_2021.pdf
- 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;148. <https://doi.org/10.1017/S0950268820000394>
- Larkin L, Pardos de la Gandara M, Hoban A, et al.: *Investigation of an international outbreak of multidrug-resistant monophasic Salmonella Typhimurium associated with chocolate products, EU/EEA and United Kingdom, February to April 2022.* *Euro Surveill* 2022;27(15). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.15.2200314>
- Meinen A, Simon S, Banerji S, et al.: *Salmonellosis outbreak with novel Salmonella enterica subspecies enterica serotype (11:z41:e,n,z15) attributable to sesame products in five European countries, 2016 to 2017.* *Euro Surveill* 2019;24(36). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.36.1800543>
- RKI: *RKI-Ratgeber.* 2019. www.rki.de/ratgeber
- Uelze L, Becker N, Borowiak M, et al.: *Toward an integrated genome-based surveillance of Salmonella enterica in Germany.* *Front Microbiol* 2021;12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.626941>

6.59 Shigellose



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: **1.100**
- Anzahl der Erkrankungen 3,2-mal höher als im Vorjahr
- Männer häufiger betroffen als Frauen (58 % zu 42 %)
- Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 25 und 49 Jahren
- 45 % der Erkrankungen in Deutschland erworben; weitere relativ häufig angegebene Infektionsländer sind Ägypten und Indien

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 Ländern 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. 6.59.1). Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 gilt auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. mittels PCR, als direkter labordiagnostischer Nachweis einer Shigellose. Als Nukleinsäurenachweis gilt der Nachweis des *ipaH*-Gens oder *Shigella*-spp.-spezifischer Gene.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden insgesamt 1.100 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen war damit 3,2-fach höher als im Vorjahr. Nach einer deutlichen Abnahme der Fallzahlen in den Jahren von 2001 bis 2008 schwankte die Zahl der jährlichen Erkrankungen von 2009 bis 2019 zwischen 424 und 731. Die Fallzahl lag im Jahr 2022 zwar höher als in den COVID-19-Pandemiejahren 2020 und 2021, hatte aber noch nicht das Niveau der Vorpandemiejahre erreicht (Median 2015 bis 2019: 572). Im Jahr 2023 war die Zahl der übermittelten Shigellosen fast doppelt so hoch wie der Median der Vorpandemiejahre (s. Abb. 6.59.1).

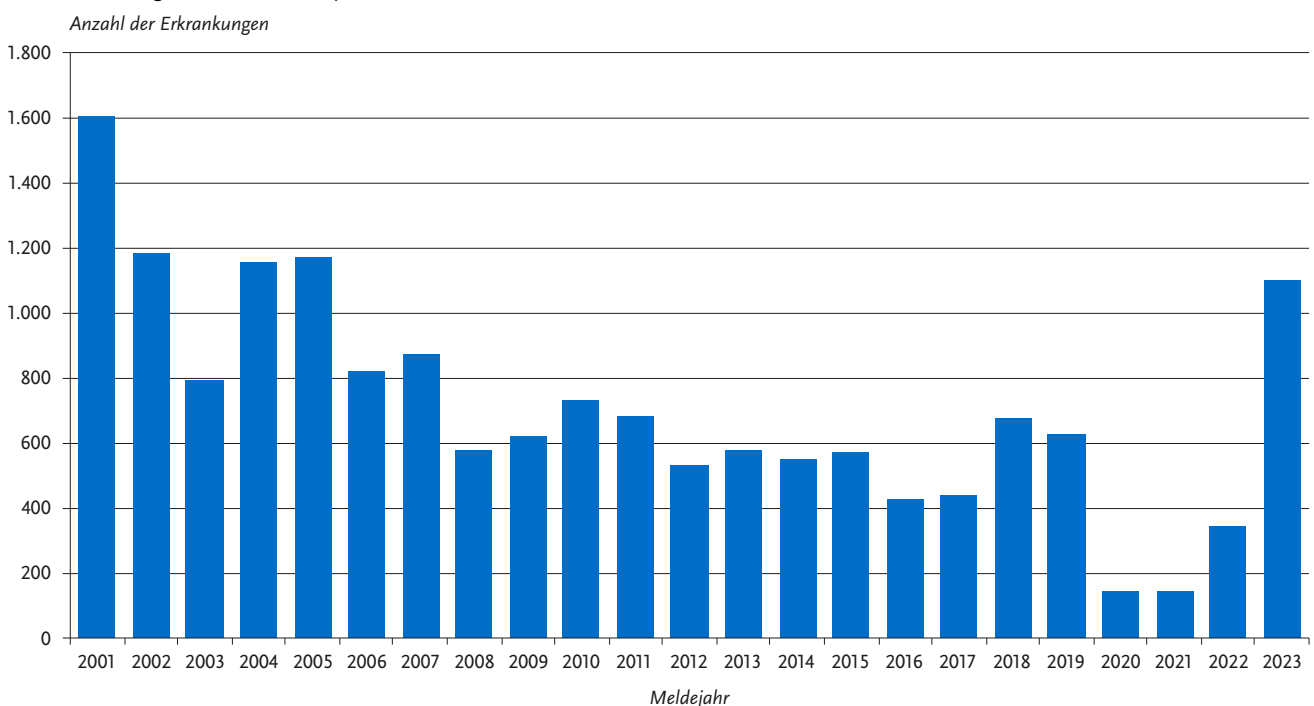
Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 1,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit deutlich höher als der Median der 5 Vorjahre (0,4).

Tab. 6.59.1:
Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4	1 %	29	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	339	88 %	1.071	84 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	2 %	27	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	35	9 %	141	11 %
alle	387	100 %	1.268	100 %
Referenzdefinition (B+C)	343	89 %	1.100	87 %

Abb. 6.59.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

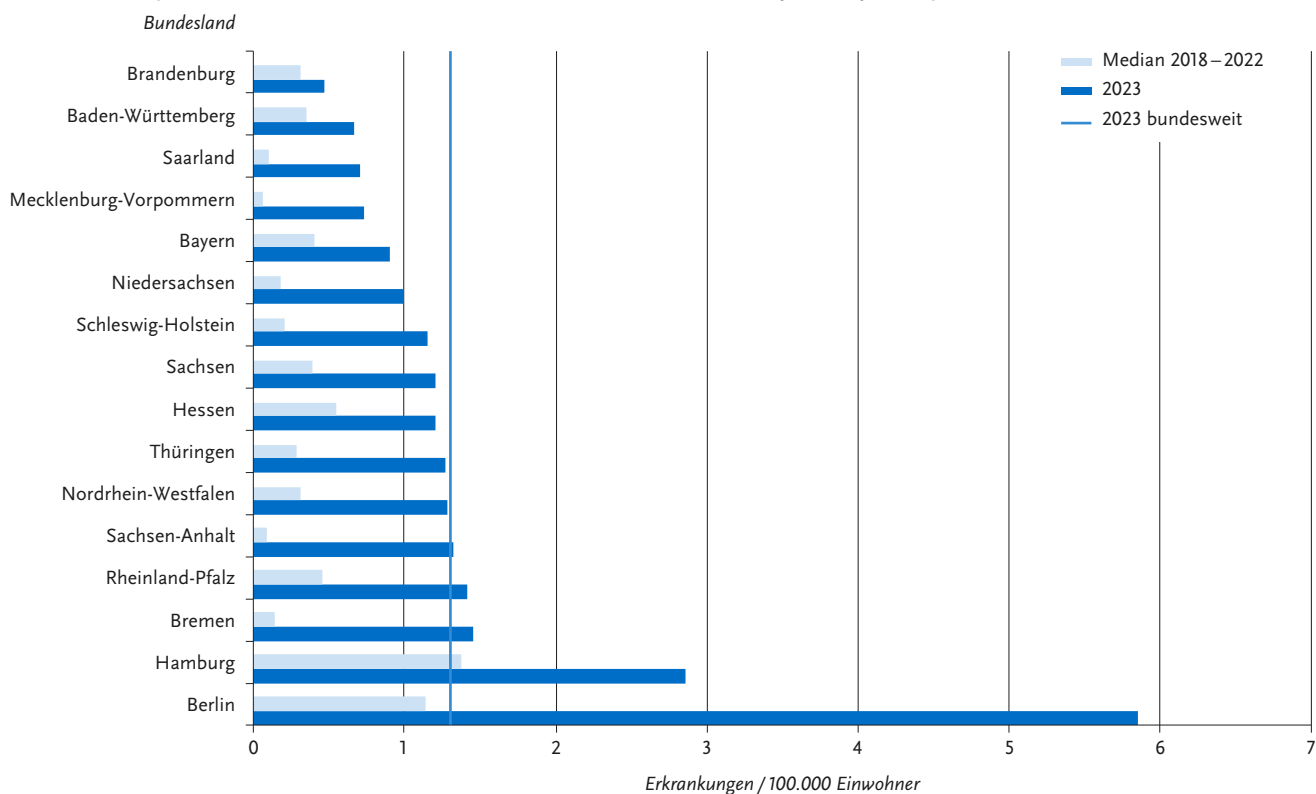


In allen Bundesländern war die Inzidenz im Jahr 2023 höher als der jeweilige Median der 5 Vorjahre. Die höchsten Inzidenzen wurden im Jahr 2023 in Berlin (5,9 Erkr./100.000 Einw.) und Hamburg (2,9) registriert (s. Abb. 6.59.2). Die stärkste relative Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre wurde in Sachsen-Anhalt (15-fach erhöht), Mecklenburg-Vorpommern (12-fach erhöht) und Bremen (10-fach erhöht) verzeichnet. Bei 948 Erkrankungen (86 %) lagen insgesamt 962 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 433 Nennungen (45 %) wurde Deutschland am häufigsten als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, gefolgt von Ägypten (16 %) und Indien (3 %) (s. Tab. 6.59.2).

Tab. 6.59.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2023 (Mehrfachnennungen möglich; 948 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	433	45 %
Ägypten	153	16 %
Indien	31	3 %
Türkei	23	2 %
Marokko	22	2 %
Spanien	20	2 %
Jordanien	18	2 %
Tunesien	15	2 %
Tansania	13	1 %
Mexiko	12	1 %
Andere	222	23 %
Summe	962	100 %

Abb. 6.59.2:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 1.100) im Vergleich zu den Vorjahren

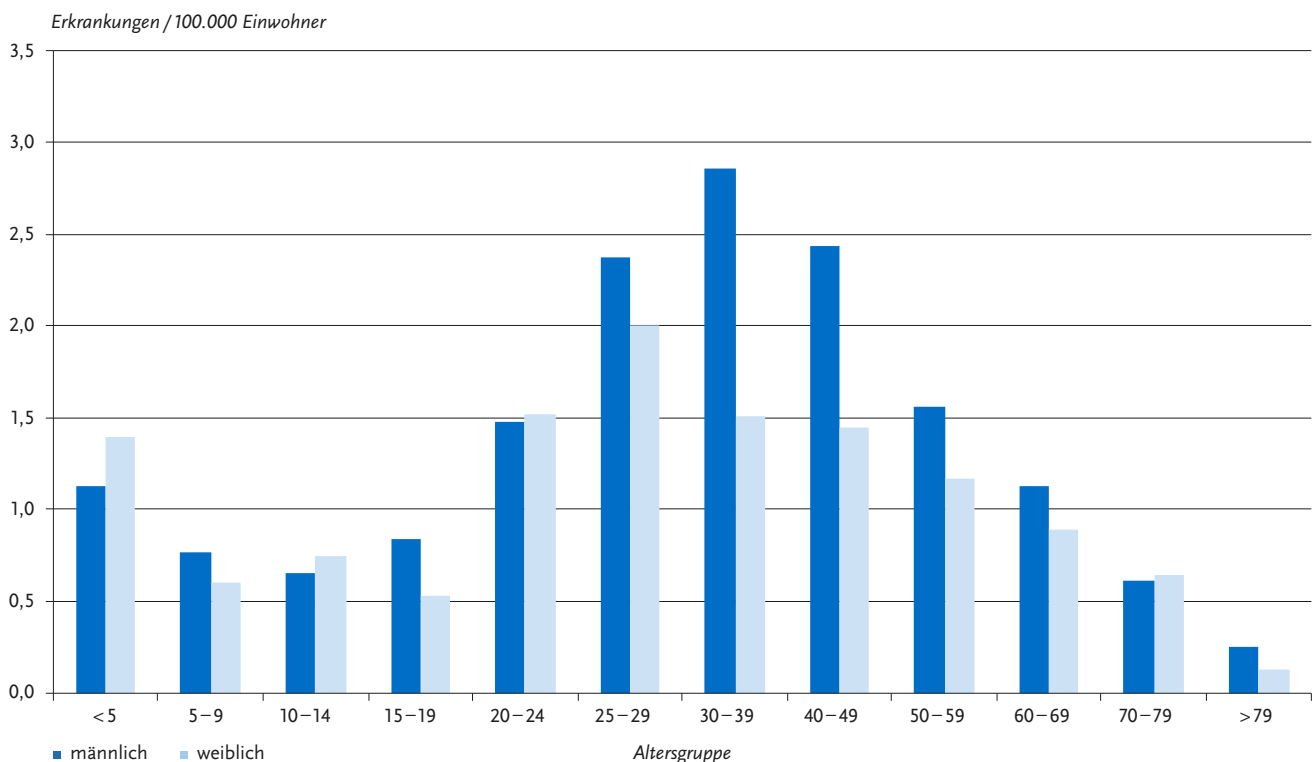


Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Shigellosen war zweigipfelig. Bei Kindern unter 5 Jahren lag die Inzidenz bei 1,3 Erkr./100.000 Einw. (n = 50). Bei Erwachsenen wurde die höchste Inzidenz in den Altersgruppen der 25- bis 49-Jährigen, registriert

(25 bis 29 Jahre: 2,2; n=110; 30 bis 39 Jahre: 2,2; n=244; 40 bis 49 Jahre: 2,0; n=199). Insgesamt waren mehr männliche (58 %) als weibliche Personen (42 %) betroffen. In den Altersgruppen der 30- bis 49-Jährigen war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen (s. Abb. 6.59.3).

Abb. 6.59.3:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 1.099)



Klinische Aspekte

Für alle 1.100 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (98 %) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (68 %), Fieber (40 %) und Erbrechen (19 %). Im Jahr 2023 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Bei 548 Erkrankungen (50 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (70 %), *S. flexneri* (18 %), *S. boydii* (3 %) und *S. dysenteriae* (0,9 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. dysenteriae* (2022: 2 %) abgenommen, während der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* (2022: 61 %) zugenommen hat. Der Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* und *S. boydii* ist in etwa gleichgeblieben (2022: 17 % bzw. 3 %).

Ausbrüche

Es wurden 17 Ausbrüche mit insgesamt 80 Erkrankungen (7 % aller Shigellosen) übermittelt (2022: 8 Ausbrüche mit 24 Erkrankungen). Für 4 Ausbrüche wurden 5 oder mehr Erkrankungen übermittelt. Der größte Ausbruch wurde durch *S. sonnei* verursacht, war bundeslandübergreifend bzw. Teil eines größeren internationalen Geschehens und umfasste 23 Erkrankungen bei Männern. Fäkal-orale Mensch-zu-Mensch-Übertragungen wurden als wahrscheinlich angesehen. Der zweitgrößte Ausbruch mit 17 Erkrankungen in Rheinland-Pfalz stand mit einem Kindergarten/Hort in Zusammenhang und betraf daher vor allem Kinder. Auch hier war als Erreger *S. sonnei* angegeben und fäkal-orale Mensch-zu-Mensch-Übertragungen wurden als wahrscheinlich angesehen. Von den übrigen 15 Ausbrüchen wurden 2 mit jeweils 5 Erkrankungen übermittelt und 13 Ausbrüche umfassten weniger als 5 Erkrankungsfälle.

Datenqualität

Durch die Meldepflicht werden nur Shigellosen erfasst, die in Deutschland labordiagnostisch 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. Der Anteil von Shigellosen, bei denen keine Erregerspezies, sondern lediglich die Gattung *Shigella* spp. angegeben wurde, betrug im Jahr 2023 etwa 43 % (2022: 27 %).

Fazit

Die Anzahl der Shigellose-Erkrankungen stieg im Jahr 2023 im Vergleich zum Vorjahr deutlich an und lag etwa um den Faktor 3 höher. Die Fallzahl im Jahr 2023 war damit die höchste seit dem Jahr 2006. Die starke Zunahme der Shigellose-Fälle im Jahr 2023 könnte mit der Zunahme der Anwendung von sogenannten Multiplex-PCR-Panels in der Primärdiagnostik von gastrointestinalen Infektionen in Zusammenhang stehen.

Literaturhinweise

ECDC: *Spread of multidrug-resistant Shigella in EU/EEA among gay, bisexual and other men who have sex with men*. 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/spread-multidrug-resistant-shigella-eueea-among-gay-bisexual-and-other-men-who-have-sex>

Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. *Epid Bull* 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>

Njamkepo E, Fawal N, Tran-Dien A, et al.: *Global phylogeography and evolutionary history of Shigella dysenteriae type 1*. *Nature Microbiol* 2016;1. <https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2016.27>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2021. www.rki.de/ratgeber

6.60 Syphilis



- ▶ Fälle 2023: 9.128
- ▶ deutlicher Anstieg im Vergleich zum Vorjahr, höchste jemals gemeldete Fallzahl
- ▶ Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- ▶ Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben

Kurzbeschreibung

Die Syphilis ist eine bakterielle, durch die Spirochätenart *Treponema pallidum* verursachte Erkrankung, die nur beim Menschen vorkommt und sexuell, durch Blut und intrauterin von der Mutter auf das Kind übertragbar ist. Sie verläuft typischerweise in drei Stadien: Ein so genannter Primäraffekt (ein meist schmerzloses Geschwür an der Eintrittsstelle) bildet sich wenige Tage bis Wochen nach der Infektion, im Sekundärstadium macht sich die Erkrankung durch Allgemeinsymptome und Hauterscheinungen bemerkbar und im Tertiärstadium (Jahre nach der Erstinfektion) kann es zur Schädigung des Gehirns und der Blutgefäße kommen.

Symptomfreie Phasen werden als Latenz bezeichnet. In Abhängigkeit von der seit der Infektion vergangenen Zeitspanne wird zwischen Früh- (bis etwa ein Jahr nach der Infektion) und Spätlatenz unterschieden. Infektiös sind Personen im Primär- und Sekundärstadium sowie während der Frühlatenz. Die Infektion kann durch Antibiotika geheilt werden; wiederholte Infektionen sind möglich.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG werden Nachweise von *Treponema pallidum* direkt an das RKI gemeldet. Die eingegangenen Meldungen werden nach Fallkriterien bewertet. Alle Fälle sind 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 2023 wurden dem RKI 9.128 Syphilis-Fälle gemeldet, 778 (9,3 %) mehr als im Vorjahr. Damit wurde 2023 die höchste jemals gemeldete Fallzahl verzeichnet (s. Abb. 6.60.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit betrug die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2023 10,8 Fälle pro 100.000 Einwohner und lag damit über dem Median der 5 Vorjahre (8,9). Die Inzidenz stieg in 13 Bundesländern an. Der Anstieg im Vergleich zum Vorjahr war prozentual besonders ausgeprägt in Brandenburg (von 4,3 auf

6,2 Fälle/100.000 Einw.; + 44 %), Niedersachsen (von 5,5 auf 7,1; + 29 %), Hessen (von 8,8 auf 11,1; + 26 %) und Bremen (von 10,4 auf 13,0; + 25 %). In den Bundesländern Berlin (von 40,6 auf 39,5 Fälle/100.000 Einw.; – 2,8 %), Thüringen (von 6,3 auf 6,0; – 5,9 %) und Schleswig-Holstein (von 6,3 auf 5,6; – 11 %) fiel die Inzidenz ab, wenn auch in geringerem Ausmaß.

Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (39,5) und Hamburg (28,1) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Bremen (13,0) und Hessen (11,1); am niedrigsten im Saarland (5,9), in Schleswig-Holstein (5,6) und Mecklenburg-Vorpommern (5,1) (s. Abb. 6.60.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von 25 Fällen/100.000 Einw. oder mehr waren außer in Berlin und Hamburg in den Städten Köln (43,0), Frankfurt/M. (40,6), München (36,6), Offenbach (29,8), Leipzig (28,1), Düsseldorf (27,2) und Nürnberg (27,1) zu verzeichnen (s. Abb. 6.60.3).

Für 6.590 Fälle (72 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (6.122; 93 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (70 Nennungen), Thailand (40) sowie Rumänien und die Ukraine (je 21).

Abb. 6.60.1:
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2023

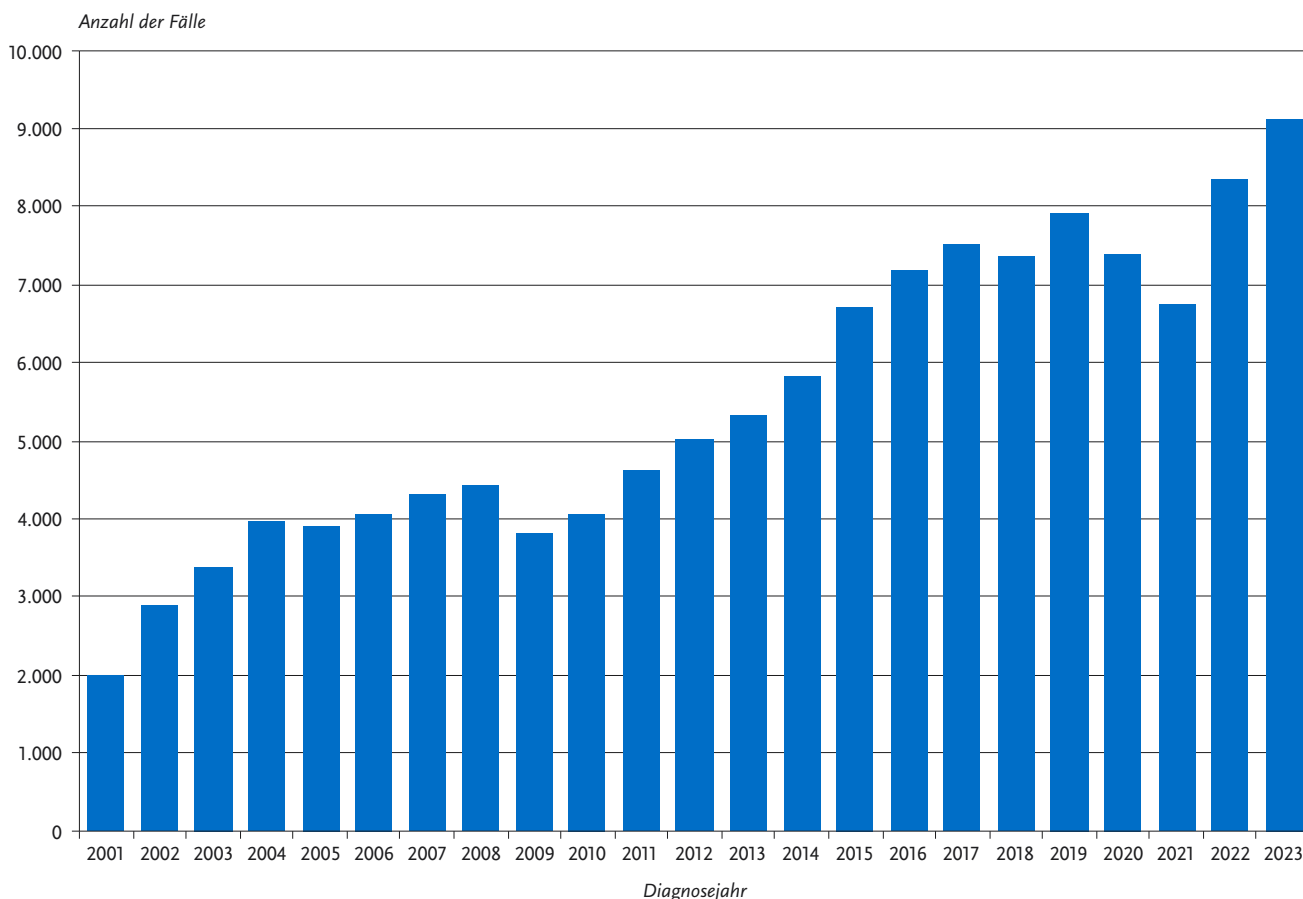


Abb. 6.60.2:

Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=9.128) im Vergleich mit den Vorjahren

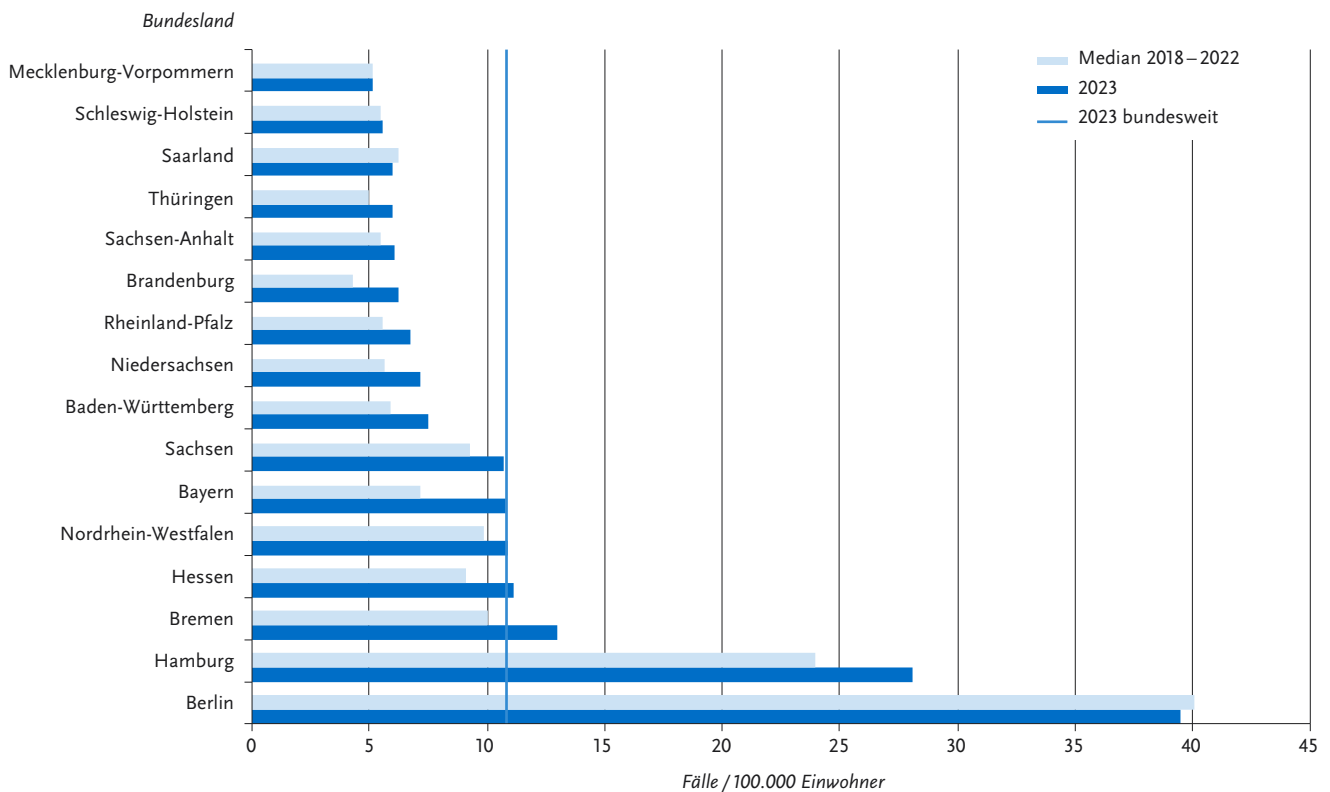
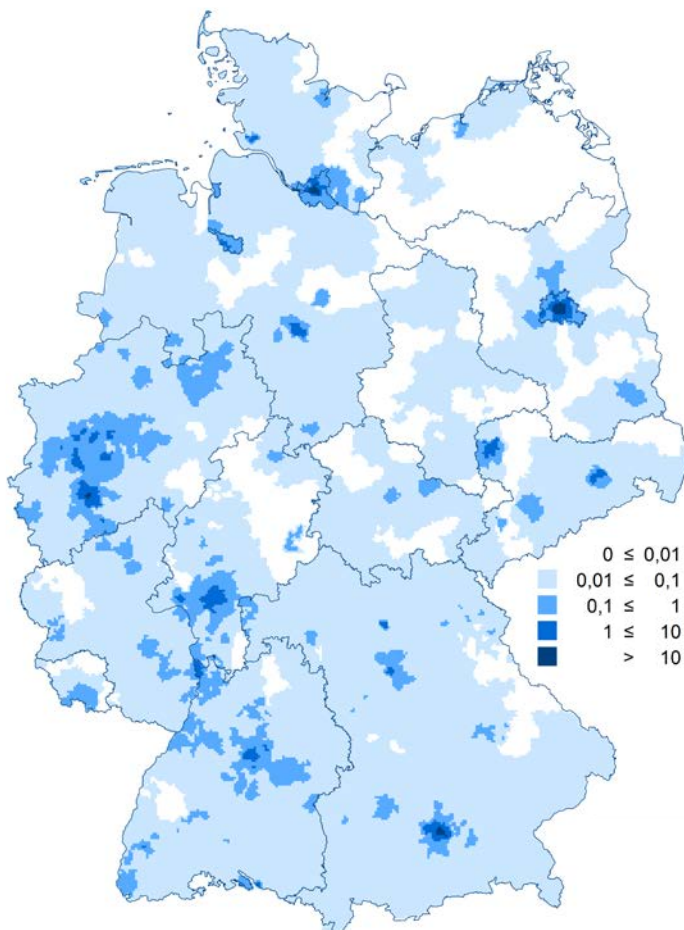


Abb. 6.60.3:

Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitzahlbereich (geglättet), Deutschland, 2023 (n=9.128)



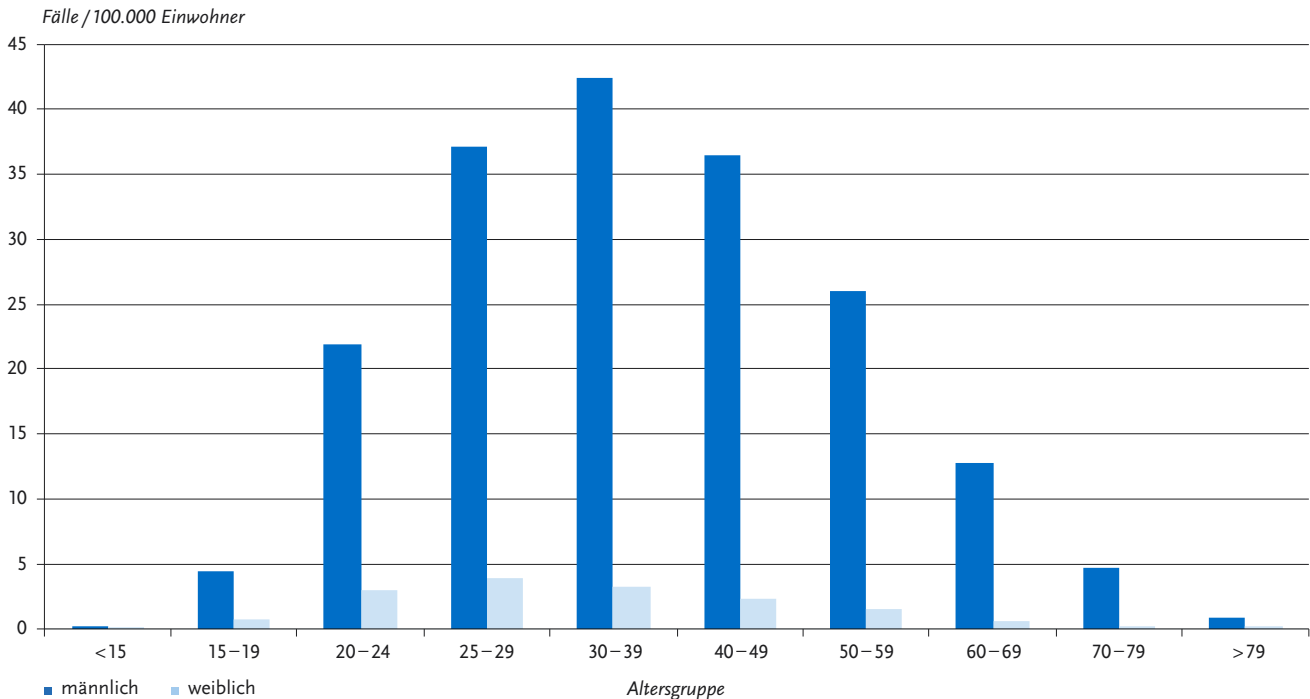
Demografische Verteilung

Im Jahr 2023 lag der Anteil an weiblichen Fällen bei 6,9 % und damit über dem Niveau des Vorjahres (5,6 %). Die absolute Anzahl von Frauen unter den Syphilis-Fällen lag über der des Vorjahres und stieg um 35 % (2022: 468, 2023: 632). Die Anzahl der Fälle von Männern (8.424) stieg um 7,8 %. Mit 20,3 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,5 Fälle/100.000 Einw.). Die höchste Inzidenz wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (42,4) auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (37,1) und der 40- bis 49-Jährigen (26,1) waren ebenfalls stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen die höchste Inzidenz auf (4,0), gefolgt von den 30- bis 39-Jährigen (3,3) sowie den 20- bis 24-Jährigen (3,0) (s. Abb. 6.60.4).

Klinische Aspekte

Für 97 % der Fälle lag eine Information zum Erkrankungsstadium bei Diagnosestellung vor. In 27 % dieser Fälle wurde die Syphilis-Diagnose im Primärstadium gestellt, in 18 % im Sekundärstadium und in 1,5 % im Tertiärstadium. Weitere 25 % der Diagnosen wurden im Stadium der Frühlatenz und 2 % im Stadium der Spätlatenz, also jeweils ohne Vorliegen von Symptomen gestellt. Für weitere 27 % wurden ebenfalls keine Symptome berichtet, aufgrund fehlender Angaben zum wahrscheinlichen Infektionszeitpunkt konnte hier aber nicht die Dauer der Latenz berechnet werden.

Abb. 6.60.4:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=9.025)



Bei einem Viertel der Fälle aus dem Jahr 2023 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (24%). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM mit 34% deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (7,2%).

Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 76 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Infektionen, die wahrscheinlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) erworben wurden, 83 % aus und lag damit leicht unter dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 17%.

Bei MSM stieg die Anzahl der Fälle gegenüber 2022 deutschlandweit um 5,3 %, ein Anstieg fand in 11 Bundesländern statt. Der stärkste prozentuale Anstieg war dabei in Hessen (+ 31 %) zu verzeichnen, gefolgt von Rheinland-Pfalz (+ 29 %) und Hamburg (+ 21 %). In 5 Bundesländern nahm die Anzahl der Fälle unter MSM hingegen ab, am stärksten in Bremen (–9,6 %) und Mecklenburg-Vorpommern (–8,3 %).

Im Vergleich zum Vorjahr stieg die Anzahl von Fällen, bei denen Kontakte zu Sexarbeiterinnen und Sexarbeitern als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden, an (n=135; + 57%). Die Anzahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden, fiel demgegenüber auf insgesamt niedriges Niveau ab (n=86; –9,5%). Die Zahl der bei Neugeborenen bzw. Kindern diagnostizierten Fälle von konnataler Syphilis lag in den Jahren 2001 bis 2022 zwischen ein und acht Fällen pro Jahr. Im Jahr 2023 wurden fünf Fälle gemeldet.

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, stieg von 10.492 im Jahr 2022 auf 11.459 im Jahr 2023. Das Verhältnis von Erstmeldungen zu Doppelmeldungen blieb dabei seit dem Jahr 2011 annähernd stabil. Die entsprechende Entscheidung und Zuordnung war angesichts des Fehlens einer eindeutigen fallbezogenen Kodierung schwierig und wird auf Grundlage des oben genannten Algorithmus getroffen, der auf Basis soziodemografischer, labordiagnostischer und klinischer Merkmale die eingehenden Meldungen dahingehend prüft, ob sie sich auf einen bereits gemeldeten Fall beziehen.

Fazit

Nach einem seit 2010 zu beobachtenden Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland und einem deutlichen Abfall der Meldungen nach dem Beginn der COVID-Pandemie stieg deren Anzahl im Jahr 2023 auf einen neuen Höchststand. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf. Hauptbetroffenen-Gruppe sind nach wie vor MSM, mit Anstiegen in etwa drei Viertel der Bundesländer in unterschiedlichem Ausmaß.

Der weitere Anstieg von Fällen kann sowohl ein verstärktes Transmissionsgeschehen als auch verbesserte diagnostische Angebote wie z. B. zusätzliche allgemeine Testangebote oder auch das regelmäßige Screening für Nutzende der HIV-Präexpositionsprophylaxe sein. Es ist wahrscheinlich, dass eine Kombination beider Faktoren relevant ist, allerdings kann der Einfluss dieser möglichen Effekte anhand der Meldedaten nicht genau beziffert werden.

Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschafts-Vorsorgeuntersuchungen in Deutschland ist, auch im internationalen Vergleich, von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle mit nur 5 gemeldeten Fällen im Jahr 2023. Die Ausübung sowie die Inanspruchnahme von Sexarbeit scheint für die Syphilis-Epidemie in Deutschland auf Grundlage der Meldedaten trotz des prozentualen Anstiegs in absoluten Zahlen eine untergeordnete Rolle zu spielen, allerdings ist eine Untererfassung dieser Merkmale im Rahmen der Meldung möglich.

Der neue Höchststand der Fallzahlen im Jahr 2023 unterstreicht die Bedeutung einer frühzeitigen Diagnose und Behandlung von Syphilis-Infektionen, um Infektionsketten möglichst frühzeitig zu unterbrechen. Das Bewusstsein für die Syphilis als sexuell übertragbare Infektion mit hohem Potential für Folgeerkrankungen bei ausbleibender Behandlung sollte daher sowohl beim ärztlichen Personal als auch bei den betroffenen Gruppen weiter gestärkt werden. Darüber hinaus ist es wichtig, insbesondere für Gruppen mit hohen Inzidenzen wie MSM ausreichende und niedrigschwellige Beratungs-, Test- und Therapieangebote vorzuhalten. Laut Leitlinien der Deutschen STI-Gesellschaft sollten MSM in Abhängigkeit von der Anzahl der Sexualpartner ein regelmäßiges Screening auf Syphilis, aber auch andere STI wie Chlamydien, Gonorrhö, Hepatitis C und HIV alle 3 bis 12 Monate angeboten werden. Bei der Einnahme einer HIV-Präexpositionsprophylaxe sind regelmäßige STI-Tests inklusive Syphilis vorgesehen.

Literaturhinweise

- ECDC: *Syphilis*. In: ECDC. *Annual Epidemiological Report for 2022*. Stockholm; 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-annual-epidemiological-report-2022>
- ECDC: *Syphilis and congenital syphilis in Europe – A review of epidemiological trends (2007 – 2018) and options for response*. 2019. www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-and-congenital-syphilis-europe-review-epidemiological-trends-2007-2018
- ECDC: *A systematic review and meta-analysis of the prevalence of chlamydia, gonorrhoea, trichomoniasis and syphilis in Europe*. Stockholm; 2024. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/systematic-review-chlamydia-gonorrhoea-trichomoniasis-and-syphilis-prevalence>
- Deutsche STI-Gesellschaft: *S2k-Leitlinie: Diagnostik und Therapie der Syphilis*. AWMF-Leitlinie 059/002. 2021. <https://www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2020. www.rki.de/ratgeber

6.61 Tollwut



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 0
- ▶ Deutschland gilt seit 2008 als frei von terrestrischer Tollwut
- ▶ Infektionsrisiko in Deutschland durch Fledermauskontakte noch gegeben
- ▶ Eine präexpositionelle Impfung schützt zuverlässig

Kurzbeschreibung

Tollwut ist eine weltweit verbreitete virale Zoonose, die eine tödliche Entzündung des Gehirns und des Rückenmarks verursacht. Sie wird durch neurotrope Lyssaviren verursacht, die typischerweise durch den Speichel infizierter Tiere übertragen werden, in 99 % der Fälle durch Hunde.

Tollwut kann – theoretisch auch noch nach der Übertragung – durch Impfung und Gabe von Immunglobulinen verhindert werden, verläuft aber in der Regel tödlich, sobald typische Krankheitszeichen aufgetreten sind. Klinisch können folgende Symptome auftreten: erhöhte Erregbarkeit, Parästhesien, Lähmungen, vermehrter Speichelfluss, Spasmen, Krämpfe und Atemlähmung. Weltweit sterben jährlich ca. 60.000 Menschen an Tollwut, wobei davon auszugehen ist, dass dies eine grobe Unterschätzung darstellt. Ca. zwei Drittel aller Tollwutfälle weltweit werden in Asien gemeldet, ca. ein Drittel in Afrika. Die Hälfte der Fälle betrifft Kinder < 15 Jahren.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurde dem RKI **kein** Tollwutfall übermittelt.

In Deutschland sind seit dem Jahr 2005 insgesamt fünf 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. Der letzte registrierte Tollwutfall bei einem Wildtier (außer Fledermäusen) trat in Deutschland im Februar 2006 bei einem Fuchs auf.

Fazit

Seit 2008 gilt Deutschland als frei von terrestrischer Tollwut. Daher besteht für in Deutschland lebende Menschen (abgesehen von Fledermauskontakten) ein erhöhtes Infektionsrisiko fast ausschließlich bei Reisen in Länder mit endemischer Tollwut. Tollwut ist durch eine präexpositionelle Impfung vollständig vermeidbar.

Literaturhinweise

- RKI: *RKI-Ratgeber Tollwut*. 2022. <https://www.rki.de/ratgeber>
- 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* 2024;14. <https://doi.org/10.25646/12006.4>

Whitehouse ER, Mandra A, Bonwitt J, et al.: *Human rabies despite post-exposure prophylaxis: a systematic review of fatal breakthrough infections after zoonotic exposures*. *Lancet Infect Dis* 2023;23(5). [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(22\)00641-7](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(22)00641-7)

WHO: *Expert Consultation on Rabies, Third report*. World Health Organ Tech Rep 2018. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/272364>

WHO: *Rabies vaccines: WHO position paper – April 2018*. <https://www.who.int/publications/i/item/who-wer9316>

6.62 Toxoplasmose, konnatale Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 15
- ▶ 8 Fälle aus Baden-Württemberg, 4 Fälle aus Bayern und jeweils ein Fall aus Thüringen, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen.

Kurzbeschreibung

Die Toxoplasmose wird durch den Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen. Die Übertragung kann durch ungenügend gegartes kontaminiertes Fleisch oder den Umgang mit infizierten Katzen erfolgen. Beim gesunden Erwachsenen verläuft die Infektion in der Regel ohne Symptome, jedoch

kann eine erstmalige Infektion in der Schwangerschaft zu schweren Schädigungen (z. B. der Augen oder des Gehirns) beim Ungeborenen führen, die zum Teil erst nach Jahren in Erscheinung treten.

Alle Fälle, für die ein direkter Erregernachweis oder ein Nachweis spezifischer IgM- bzw. IgA-Antikörper vorliegt, werden – soweit es sich um Neugeborene oder Säuglinge handelt – als konnatale Toxoplasmose gewertet. Für eine konnatale Infektion sprechen auch die mittels vergleichendem Immunoblot (parallele Testung von mütterlichem und kindlichem Serum) nachgewiesenen IgG-Antikörper des Neugeborenen oder die Persistenz oder Konzentrationserhöhung von IgG-Serumantikörpern im postnatalen Verlauf.

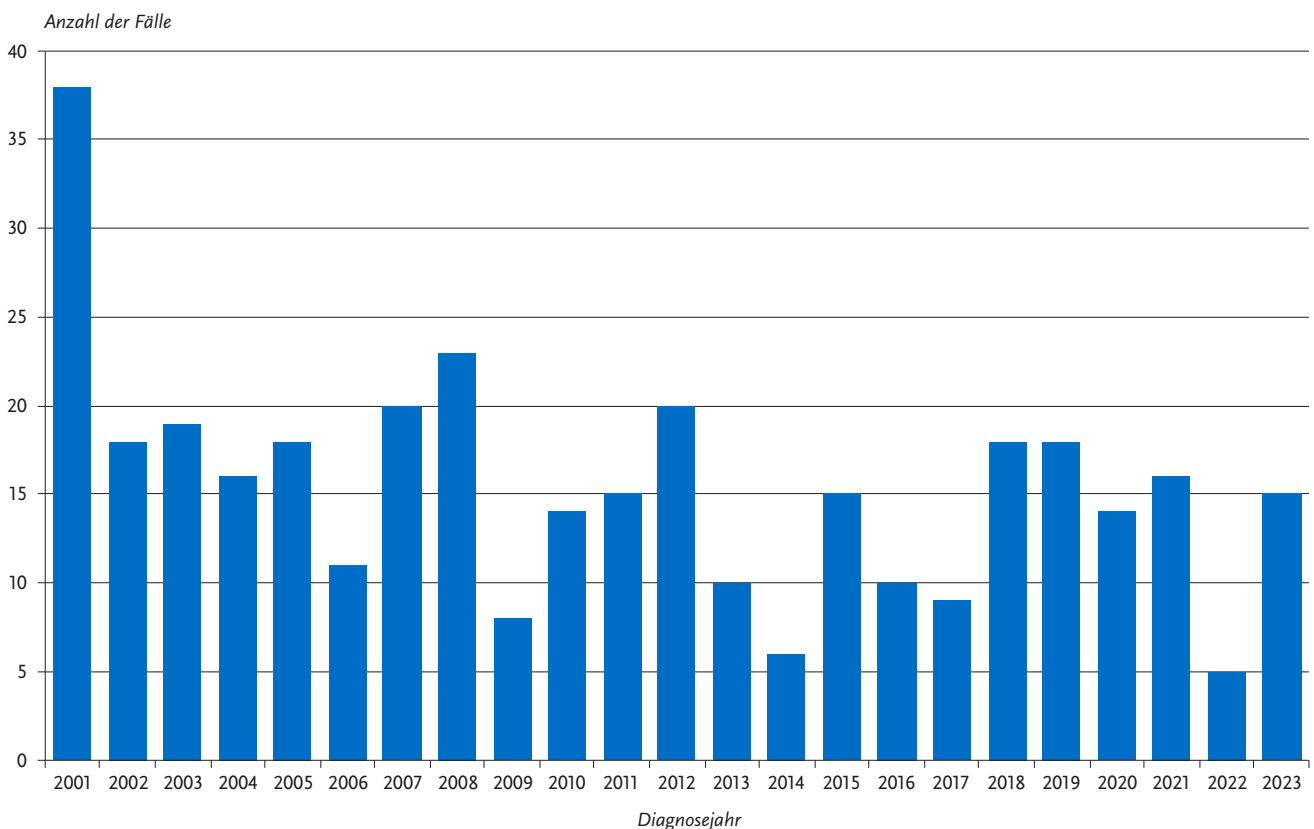
Situation in Deutschland

Für das Jahr 2023 wurden dem RKI 15 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.62.1). Die Meldungen kamen aus 5 Bundesländern, davon 8 Fälle aus Baden-Württemberg, 4 Fälle aus Bayern und jeweils ein Fall aus Thüringen, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen.

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

Abb. 6.62.1:
Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Symptome bei bekannten Fällen über die Meldungen gemäß § 7 Abs. 3 IfSG nicht erfasst werden können, da diese nicht-namentlich an das RKI erfolgen und somit Ergänzungen nicht nachgemeldet werden können.

Fazit

Mit der Digitalisierung des Meldeweges in den nächsten Jahren ist eine Verbesserung der Datenqualität zu erwarten, die bisher durch eine starke Unter- und Fehlerfassung der gemeldeten konnatalen Toxoplasmose-Fälle charakterisiert ist.

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;27(8). <https://doi.org/10.3201/eid2708.203740>

Pleyer U, Gross U, Schlüter D, Wilking H, Seeber F: *Toxoplasmosis in Germany*. Dtsch Arztebl Int 2019;116(25). <https://doi.org/10.3238/arztebl.2019.0435>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2018. www.rki.de/ratgeber

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;6. <https://doi.org/10.1038/srep22551>

6.63 Trichinellose



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 3
- Alle Fälle wurden wahrscheinlich im Ausland erworben

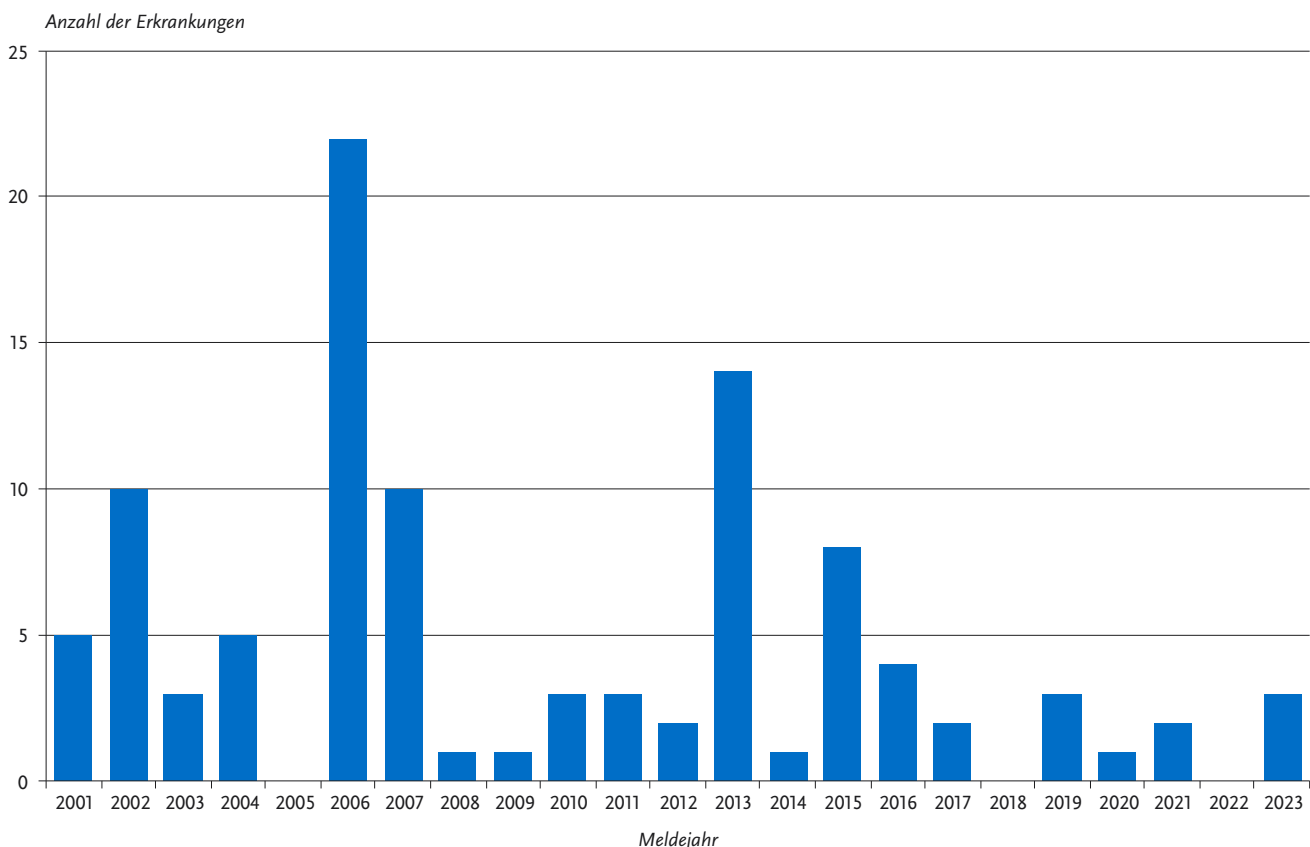
Kurzbeschreibung

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 2023 wurden drei Fälle von Trichinellose übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.63.1). Es handelte sich um 3 Männer zwischen 30 und 59 Jahren. Bei allen drei Fällen wurde eine Exposition im Ausland übermittelt.

Abb. 6.63.1:
Übermittelte Trichinellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Fazit

Die Trichinellose ist eine hierzulande sehr seltene Erkrankung. In der Regel tritt sie sporadisch nach Exposition im Ausland auf.

Literaturhinweise

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(12). <https://doi.org/10.1093/cid/civ199>

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 (10). <https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2018.04.003>

RKI: RKI-Ratgeber. 2013. www.rki.de/ratgeber

6.64 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **4.481**
- ▶ Anstieg der Fallzahlen (+9,8 %) im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei jungen Erwachsenen – insbesondere Männern – im Alter zwischen 25 und 29 Jahren
- ▶ Tuberkulose im Kindesalter (242 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (192 Fälle) angestiegen
- ▶ Lungentuberkulosen machen rund drei Viertel (77 %) der Erkrankungen aus, davon etwa 83 % als offene (infektiöse) Form
- ▶ Die Zahl der Tuberkulosen mit einer Rifampicin-Resistenz (RR/MDR-TB) ist im Vergleich zum Vorjahr von 189 auf 208 Fälle angestiegen.
- ▶ Anteil erfolgreicher Behandlungen im Jahr 2022 liegt bei 75 % und ist gegenüber 2021 (77 %) leicht gesunken. Das WHO-Ziel (90 % Behandlungserfolg) wird nicht erreicht.

Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex werden *Mycobacterium (M.) tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. microti*, *M. canetti* u. a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund ist zur Unterbrechung von Infektionsketten eine frühzeitige Diagnose der Tuberkulose, im Idealfall bevor sich eine offene Lungentuberkulose (infektiöse Form) entwickelt, sowie die rasch eingeleitete und konsequent über mindestens 6 Monate durchgeführte Kombinationstherapie von besonderer Bedeutung.

Initial geht die Erkrankung häufig mit unspezifischen Symptomen wie Appetitverlust (Gewichtsabnahme), subfebrilen Temperaturen, Nachtschweiß und Husten einher. In Abhängigkeit von den betroffenen Organen ist eine vielfältige Symptomatik möglich. Tuberkulose ist in der Regel medikamentös heilbar, unbehandelt ist die Krankheit jedoch durch einen langen, schweren Verlauf gekennzeichnet.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, welche die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.64.1).

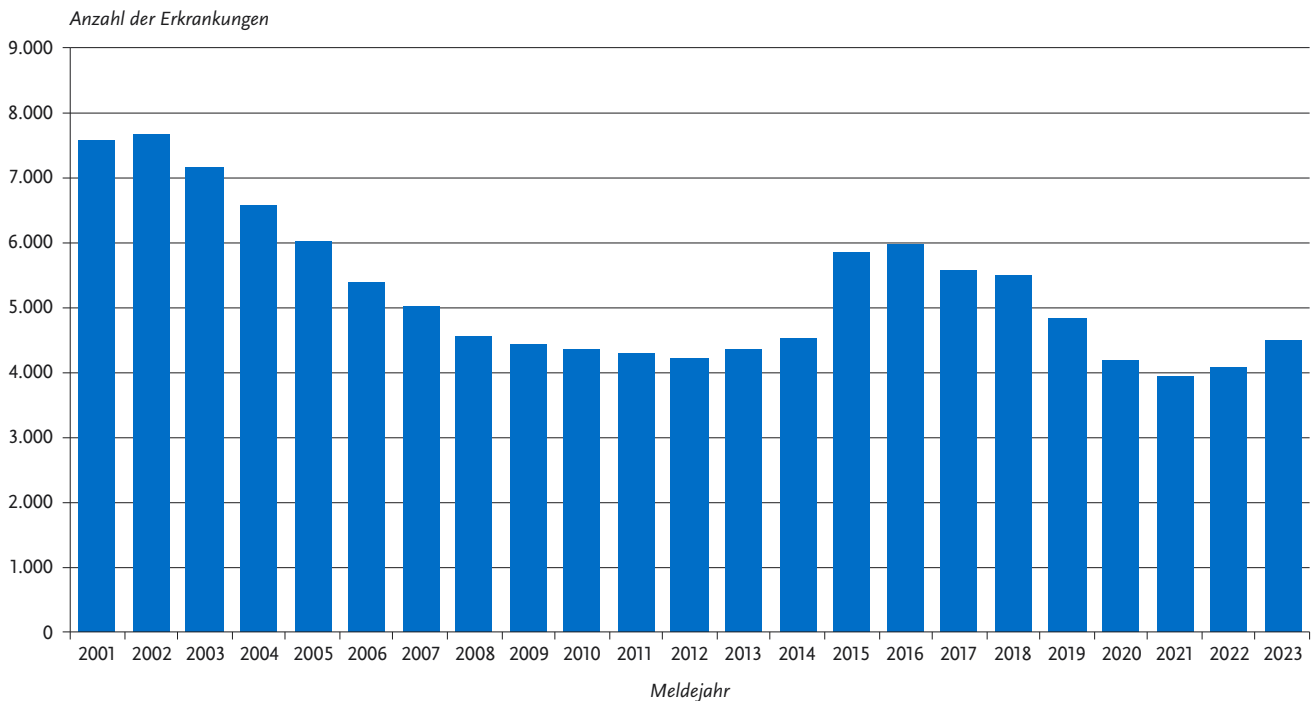
Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2023 wurden dem RKI 4.481 Fälle übermittelt. Dies entspricht einer Inzidenz von 5,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2022: 4082 Fälle; 4,8 Erkr./100.000 Einw.; 2021: 3.931 Fälle; 4,7 Erkr./100.000 Einw.). Damit stieg die Inzidenz der Tuberkulose in Deutschland erstmal seit vier Jahren wieder über 5 Erkr./100.000 Einwohner. Seit dem Anstieg der Tuberkulosefallzahlen in den Jahren 2015 und 2016 auf rund 6.000 Fälle (Abb. 6.64.1), sank die Anzahl der erkrankten Personen bis 2021 auf unter 4.000 und einer Inzidenz von 4,7 Erkr./100.000 Einwohner. Im Jahr 2022 zeigt sich erstmals seit 2016 wieder ein leichter Anstieg von 3,8 % im Vergleich zum Vorjahr, der sich in 2023 noch einmal auf fast zehn Prozent erhöhte (s. Abb. 6.64.1).

Tab. 6.64.1:
Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	759	18 %	899	20 %
klinisch-epidemiologisch (B)	66	2 %	58	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.257	78 %	3.524	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	87	2 %	44	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	29	1 %	47	1 %
alle	4.198	100 %	4.572	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	4.082	97 %	4.481	98 %

Abb. 6.64.1:
Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2023

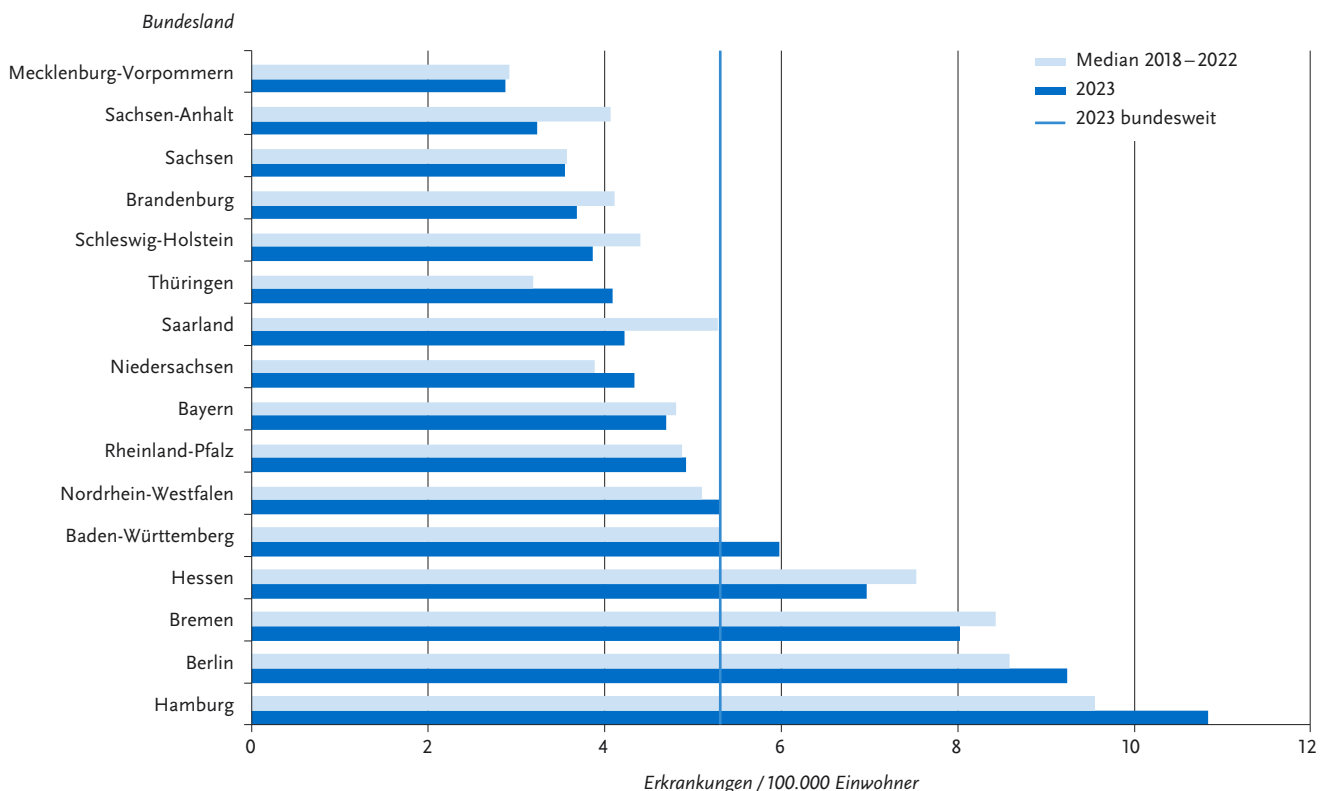


Geografische Verteilung

Die Inzidenz ist im Jahr 2023 in 7 von 16, vor Allem in den bevölkerungsschwächeren Bundesländern geringer als der Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.64.2). Eine deutliche Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre wurde in Baden-Württemberg (6,0), Niedersachsen

(4,3), Thüringen (4,1) sowie in den beiden Stadtstaaten Berlin (9,2) und Hamburg (10,8), beobachtet. Insgesamt weisen die östlichen Bundesländer, ausgenommen Berlin, bundesweit die niedrigsten Inzidenzen auf während die Stadtstaaten Bremen (8,0), Berlin und Hamburg die höchsten Inzidenzen aufweisen.

Abb. 6.64.2:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n=4.481) im Vergleich mit den Vorjahren



Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 242 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (192) nochmals deutlich erhöht. Insgesamt erkrankten etwa gleichviele Jungen (122) wie Mädchen (120). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 2,1 Erkr/100.000 Kinder und stieg damit im Vergleich zum Vorjahr (1,6). Wie in den vergangenen Jahren war bei Kindern unter 5-Jahren die Inzidenz höher als bei Älteren (2,2; 87 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen fand sich ein Häufigkeitsgipfel im Alter zwischen 25 und 29 Jahren (11,4 Erkr/100.000 Einw. [Männer: 15,3; Frauen: 7,1]), wobei die Inzidenz in der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen mit 10,5 Erkr/100.000 Einw. (Männer: 14,3; Frauen 6,4) ein ebenfalls hohes Niveau erreichte (s. Abb. 6.64.3). Während die Inzidenz in den nachfolgenden Altersgruppen bis 79 Jahre kontinuierlich sank, ließ sich ab der Altersgruppe der über 79-Jährigen wieder ein langsamer Anstieg der Inzidenz beobachten.

Insgesamt betrug die Inzidenz bei männlichen Personen 7,3 Erkr/100.000 Einw. und war damit mehr als doppelt so hoch wie bei weiblichen Personen (3,4). Ab dem 15. Lebensjahr erkrankten Männer in allen Altersgruppen deutlich häufiger an einer Tuberkulose als Frauen (s. Abb. 6.64.3).

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 77,2 % (3.425 von 4.434 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose überwiegend als Lungentuberkulose auf. Ausschließlich extrapulmonal manifestierten sich 22,8 % der

Erkrankungen (1.009), damit sank der Anteil geringfügig im Vergleich zum Vorjahr. Unter den extrapulmonalen Tuberkulosen waren die Lymphknoten mit insgesamt 11,4 % der Erkrankungen (506) am häufigsten betroffen und verteilten sich mit 7,7 % (341 Erkrankungen) auf extrathorakale und mit 3,7 % (165 Erkrankungen) auf intrathorakale Lymphknoten. Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen, d.h. bakteriologisch bestätigten Form 83 % (2.842 von 3.425 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 59 % (1.674 Erkrankungen) um die mikroskopisch positive Form, die infektiöser ist als eine ausschließlich kulturell bestätigte Lungentuberkulose. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 17 % (583 Erkrankungen).

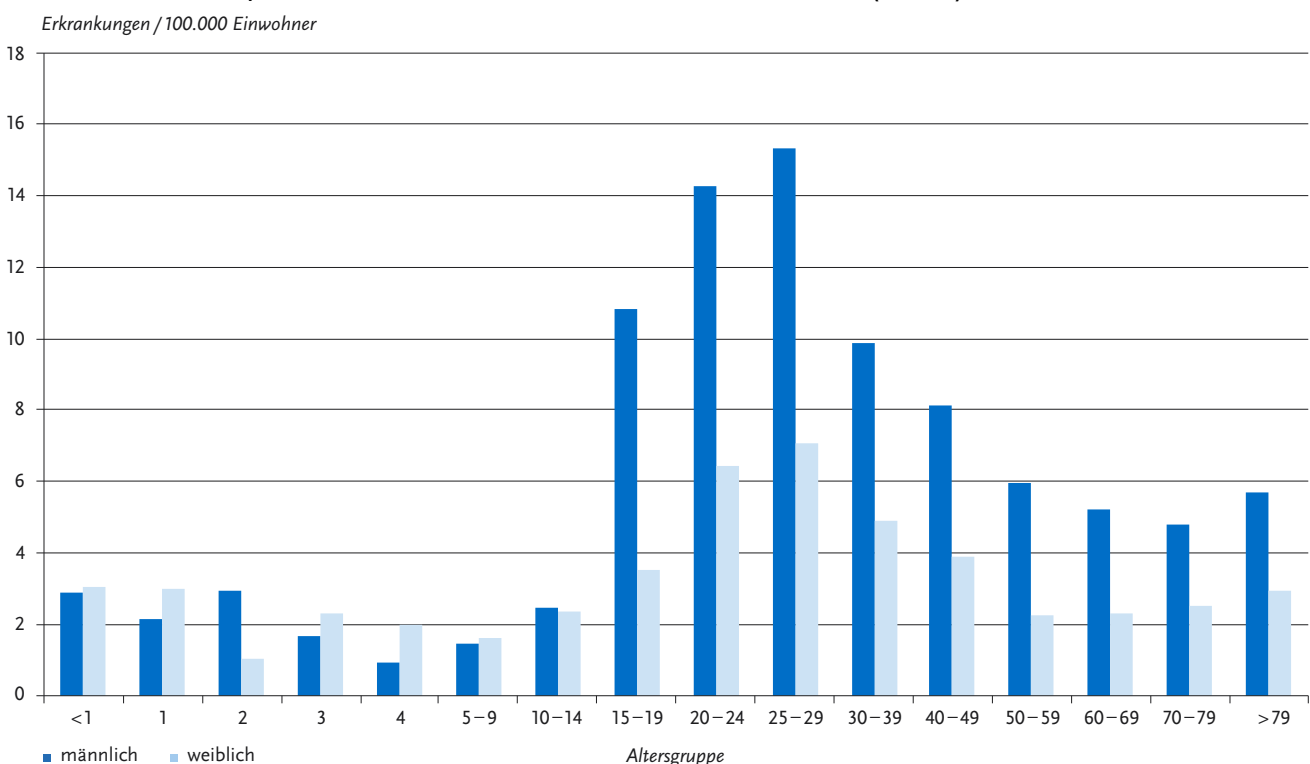
Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde bei 123 von 4.440 Erkrankungen mit entsprechenden Angaben übermittelt. Dies entspricht einer Letalität von 2,8 %, wobei diese in der Altersgruppe der über 79-Jährigen mit 43 Todesfällen am höchsten war. Bei Kindern wurde ein Todesfall in der Altersgruppe der <1-Jährigen registriert.

Behandlungsergebnis für 2022

Die folgenden Angaben gelten für das Jahr 2022. Entsprechende Daten für 2023 liegen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Für nur 3.231 der 4.082 im Jahr 2022 gemäß Referenzdefinition übermittelten Erkrankungen (79,2 %) wurden Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt. Der Anteil sank damit im Vergleich zum Vorjahreszeitraum um mehr

Abb. 6.64.3:
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=4.470)



als 5 %. Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 2.436 Erkrankte (75,4 % bezogen auf alle Fälle mit übermitteltem Behandlungsergebnis) übermittelt und ist damit im Vergleich zu 2021 (2.772 erfolgreich behandelte Fälle; 78,9 %) gesunken. Somit wurde die Zielsetzung der WHO, die einen 90 %-igen Behandlungserfolg vorsieht, weiterhin nicht erreicht.

In 128 Fällen (4,0 %) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 199 Erkrankte (6,2 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 98 Erkrankungen (3,0 %) wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Ein Versagen der Behandlung wurde für einen der im Jahr 2022 registrierten Fälle übermittelt. Insgesamt 369 Erkrankte (11,4 %) verstarben, davon insgesamt 143 Erkrankte (4,4 %) verstarben ursächlich an Tuberkulose sowie 226 (7,0 %) vor Beginn oder während der Behandlung an der Tuberkulose oder an anderen Ursachen.

Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger wurden für 3.902 (87,1 %) der 4.481 Fälle übermittelt. Für 579 Fälle (12,9 %) lagen keine näheren Angaben vor.

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *Mycobacterium (M.)-tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 2.556 (65,5 %) der 3.902 Erkrankungen mit Erregerangabe vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 96,4 % (2.465 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. bovis* wurde bei 50 Erkrankten (2,0 %) angegeben; *M. africanum* wurde 37-mal (1,4 %), und *M. canetti* zweimal genannt. Infektionen mit *M. microti* und *M. pinnipedii* wurden im Jahr 2023 jeweils einmal registriert.

Für 1326 (34 %) der 3.902 Erkrankungen mit Erregerangabe wurde lediglich die Angabe »*Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt. Dies ist ein deutlicher Anstieg im Vergleich zum Vorjahr (24 %).

Im Jahr 2023 wurden 208 Fälle von Rifampicin-resistenter (RR-TB) oder multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) übermittelt (zum Vergleich: 2022 waren es 189 RR/MDR-TB Fälle).

Häufungen

Für das Jahr 2023 wurden 76 Häufungen mit insgesamt 189 Erkrankungen übermittelt. Eine Häufung umfasst 6, drei Häufungen jeweils 5 Fälle. Bei den anderen 72 Häufungen mit insgesamt 168 Erkrankungen handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 4 assoziierten Erkrankungen, die meist im familiären Umfeld aufgetreten waren.

Datenqualität

Das Behandlungsergebnis wird nach internationaler Vereinbarung frühestens 12 Monate nach Abschluss des Meldejahres ausgewertet. Aus diesem Grund können die bundesweiten Daten für das Behandlungsergebnis jeweils erst mit einer entsprechenden zeitlichen Verzögerung publiziert werden.

Der Anteil sowie auch die absolute Zahl von Fällen, welche die Referenzdefinition nicht erfüllen, ist mit 2,0 % (91 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (3 %; 116 Fälle) gesunken. Eine Ursache für den erhöhten Anteil an Fällen der letzten Jahre, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, kann sein, dass zunehmend bereits in Therapie befindliche Patientinnen und Patienten gemeldet wurden. Schon kurze Zeit nach Beginn der Therapie ist es häufig nicht mehr möglich den Erreger nachzuweisen, außerdem besteht keine Notwendigkeit einer ärztlichen Meldung auf Grund der Diagnose. Dies führt zur Nichterfüllung der Referenzdefinition.

Ungeachtet der einzelnen Gründe für nachlassende Datenqualität, die bereits in den Vorjahren zu beobachten war, gilt es durch einen adäquat ausgestatteten öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) entgegenzuwirken. Denn eine hohe Datenqualität stellt die Basis für eine aussagekräftige Surveillance dar.

Fazit

Die Entwicklung der Tuberkulose-Zahlen war in jüngster Vergangenheit durch eine hohe Dynamik geprägt. Drei Viertel der Menschen, die eine Tuberkulosediagnose erhalten, sind außerhalb Deutschlands geboren.

Der epidemiologische Trend reflektiert darüber hinaus die Auswirkungen von globalen Entwicklungen einschließlich der oft damit einhergehenden Migrationsbewegungen. Nachdem die Erkrankungszahlen in Deutschland in den Jahren 2015 und 2016 migrationsbedingt stark angestiegen waren, wurde im weiteren Verlauf ein deutlicher Rückgang beobachtet. So wurden 2021 die bislang niedrigsten Zahlen seit Einführung des IfSG registriert. Seit Beginn 2022 kam es, maßgeblich durch das Kriegsgeschehen in der Ukraine zu einem Wiederanstieg der Tuberkulosezahlen. Hintergrund ist, dass mehr als 1 Million Menschen aus der Ukraine Schutz in Deutschland suchten. Menschen aus der Ukraine haben bzw. hatten aufgrund der höheren Tuberkuloseprävalenz in ihrem Heimatland meist ein höheres Infektions- und Erkrankungsrisiko. Unter den geflüchteten Menschen waren jene mit einer zuvor nicht diagnostizierten behandlungsbedürftigen Tuberkuloseerkrankung sowie Menschen die sich schon vor der Einreise nach Deutschland in Behandlung befanden und sie hier fortsetzen konnten. All dies führte zu einer höheren Zahl an übermittelten Fällen und zu einem Anstieg der erfassten Neuerkrankungen.

In welchem Ausmaß im Jahr 2022 auch die COVID-19-Pandemie eine Rolle gespielt hat, lässt sich auf Basis der Meldedaten allerdings nur schwer einschätzen.

Vor dem Hintergrund der Tuberkulose-Endstrategie der WHO, die für Niedriginzidenzländer wie Deutschland bis zum Jahr 2035 die Senkung der Inzidenz auf unter einen Fall pro 100.000 Einwohner vorsieht, wäre eine jährliche Abnahme der Inzidenz von ca. 15 % notwendig. Dieses Ziel scheint mit jedem Jahr weiter in die Ferne zu rücken. Die derzeitige epidemiologische Situation ist vielschichtig und wird, wie aufgeführt, durch globale Krisen und den damit verbundenen Migrationsbewegungen aus Tuberkulose-Hochrisikogebieten oder aus Gebieten mit einem hohen Anteil von medikamenten-resistenten Tuberkulosestämmen sowie durch die demografische Entwicklung in der Bevölkerung beeinflusst. Um das Eliminationsziel der WHO, das heißt weniger als eine Neuerkrankung pro Million Einwohner pro Jahr, zu erreichen, bedarf es weiterer intensiver Anstrengungen, wie schnelle Fallfindung, adäquate Behandlung und einen gut ausgestatteten und damit leistungsfähigen ÖGD.

Der hohe und in den vergangenen Jahren kontinuierlich gestiegene Anteil offener und damit infektiöser Lungentuberkulosen macht deutlich, dass die Maßnahmen zur Kontaktpersonennachverfolgung inklusive der präventiven Behandlung infizierter Personen (bzw. Chemoprophylaxe exponierter Kinder < 5 Jahren) enorm wichtig sind. Sie sind notwendig, um Folgeerkrankungen frühzeitig zu erkennen bzw. zu verhindern und weitere Übertragungen zu unterbinden.

Aufgrund der besonderen Vulnerabilität von Kindern, und da Erkrankungen im Kindesalter als Indikator für aktuelle Infektionsketten gelten, bedarf die Kindertuberkulose stets einer erhöhten Aufmerksamkeit. Dies gilt auch aktuell für das Jahr 2023, angesichts der weiter gestiegenen Zahl an Kindertuberkulosen.

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 von 90 % bleibt. Ferner ist die Untersuchung auf Resistenz gegen Antituberkulotika unter Ausschöpfung aller diagnostischer Methoden – unabhängig vom Geburtsland – entscheidend für eine erfolgreiche Tuberkulosekontrolle.

Die frühzeitige Diagnose, eine adäquate und vollständige Therapie sowie die konsequente Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung und zur Prävention der Tuberkulose sind von entscheidender Bedeutung für die Tuberkulosekontrolle. Das gilt aktuell gerade auch mit Blick auf die Menschen, die in Deutschland Schutz suchen.

Für die Umsetzung der erforderlichen Maßnahmen und Strategien in Deutschland bedarf es der koordinierten Zusammenarbeit aller Beteiligten im Gesundheitswesen. Insbesondere komplexe Medikamentenresistenzen wie die multi-, präextensiv und extensiv resistente Tuberkulose benötigen ein kompetentes, bedarfsgerechtes Fallmanagement durch gut ausgebildete und erfahrene Ärztinnen und Ärzte

in Kooperation mit Behandlungszentren sowie einen adäquat ausgestatteten öffentlichen Gesundheitsdienst. Dabei schließt eine patientenzentrierte Versorgung neben medizinischen auch soziale Aspekte und eine sprach-, kultur- und diskriminierungssensible Kommunikation ein. Ein wichtiger Pfeiler für eine erfolgreiche Tuberkulosekontrolle ist nicht zuletzt auch eine gut etablierte Tuberkulose-Surveillance, die es erlaubt, aktuelle Entwicklungen umfassend zu analysieren und Änderungen im epidemiologischen Geschehen frühzeitig zu erkennen.

Vor diesem Hintergrund bleibt die Tuberkulose – gerade auch in Bezug auf die internationale Migration – in Deutschland eine wichtige, Public Health-relevante Erkrankung.

Literaturhinweise

- Breuer C: *Welttuberkulosekongress 2022: Tuberkulosebekämpfung während der COVID-19-Pandemie*. *Epid Bull* 2022;11. <https://doi.org/10.25646/9748>
- Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Kröger S, Haas W: *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2022*. 2023. <https://doi.org/10.25646/11180>
- Deutsches Zentralkomitee zur Bekämpfung der Tuberkulose: *Informationen für Ärzte (inkl. nationaler Empfehlungen und Leitlinien), Patienten und Laien*. www.dzk-tuberkulose.de
- ECDC: *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2022 – 2020 data*. 2022. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/tuberculosis-surveillance-and-monitoring-europe-2022-2020-data>
- Hauer B, Kröger S, Haas W, Brodhun B: *Tuberkulose bei Patientinnen und Patienten mit Geburtsland Ukraine in Deutschland im Jahr 2022*. *Epid Bull* 2023;11. <https://doi.org/10.25646/11183>
- Kröger S: *Welttuberkulosekongress 2023: Yes! We can end TB!* *Epid Bull* 2023;11. <https://doi.org/10.25646/11208>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2023. www.rki.de/ratgeber
- WHO: *Global tuberculosis report 2022*. 2022. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240061729>
- Witte P: *Aktualisierung der DZK-Empfehlungen zur Infektionsprävention bei Tuberkulose*. *Epid Bull* 2023;11. <https://doi.org/10.25646/11177>

6.65 Tularämie



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **103**
- ▶ Langfristig ansteigender Trend der Fallzahlen
- ▶ Überwiegende Zahl der Fälle wurde aus dem Süden und Osten Deutschlands übermittelt
- ▶ Inzidenzgipfel im Erwachsenenalter

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.

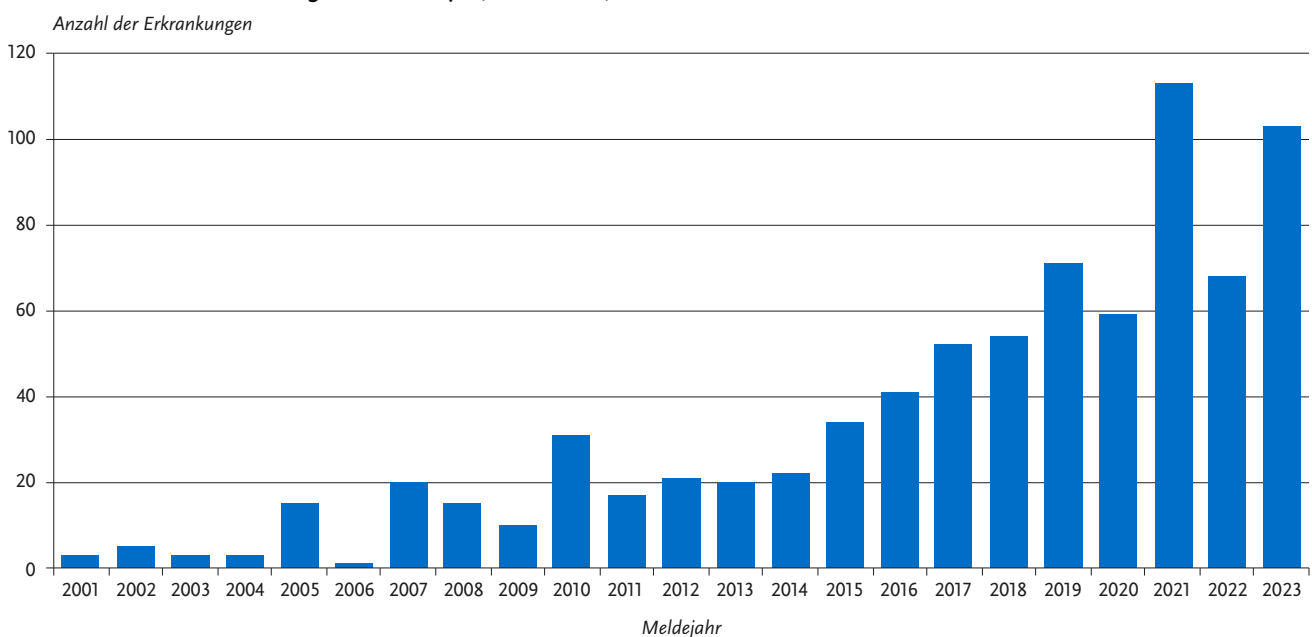
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.65.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 103 Erkrankungen an Tularämie übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme der Fallzahlen um 51 % im Vergleich zum Vorjahr und der zweithöchsten Fallzahl, die seit 2001 registriert wurde (s. Abb. 6.65.1). Die Inzidenz lag im Jahr 2023 bei 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Wie bereits in den Vorjahren traten die meisten Infektionen in der zweiten Jahreshälfte auf.

Abb. 6.65.1:
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Tab. 6.65.1:
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	68	94 %	103	96 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4	6 %	3	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	1	1 %
alle	72	100 %	107	100 %
Referenzdefinition (B+C)	68	94 %	103	96 %

Geografische Verteilung

Die Erkrankten kamen aus allen Bundesländern außer Bremen und Thüringen (s. Abb. 6.65.2). Die bundesland-spezifischen Inzidenzen lagen in Sachsen-Anhalt, Sachsen und Rheinland-Pfalz mit mehr als 0,25 Erkr./100.000 Einw. deutlich über der bundesweiten Inzidenz der Erkrankung. Für 78 von 87 (90 %) Erkrankungen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Für 87 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 91 Nennungen). Deutschland wurde bei 85 % der Nennungen als Infektionsland angegeben (2022: 94 %).

Demografische Verteilung

Im Jahr 2023 waren insgesamt 70 Erkrankte (68 %) männlich. Bei den Männern waren die Altersgruppen der 60- bis 69-Jährigen und der >79-Jährigen mit einer Inzidenz von über 0,3 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen (s. Abb. 6.65.3). Bei den Frauen waren die Altersgruppen der 40- bis 69-Jährigen mit über 0,1 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Bei Kindern war die Erkrankung vergleichsweise selten (0,05 Erkr./100.000 Einwohner).

Klinische Aspekte

Es wurden 2 Todesfälle als Folge einer Tularämie übermittelt. Betroffen waren zwei Männer in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen.

Ausbrüche

Es wurden keine Ausbrüche übermittelt.

Datenqualität

Die Untererfassung für Tularämie-Erkrankungen ist aufgrund der Seltenheit und Variabilität des Krankheitsbildes und der häufig spontan ausheilenden Krankheitsverläufe wahrscheinlich hoch.

Fazit

Die jährliche Zahl übermittelter Erkrankungen unterliegt seit ihrer Erfassung stärkeren Schwankungen mit einem langfristig ansteigenden Trend. Der Grund für die deutlich erhöhten Fallzahlen in den Jahren 2021 und 2023 ist nicht bekannt.

Abb. 6.65.2: Übermittelte Tularämie-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 103) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2018 – 2022)

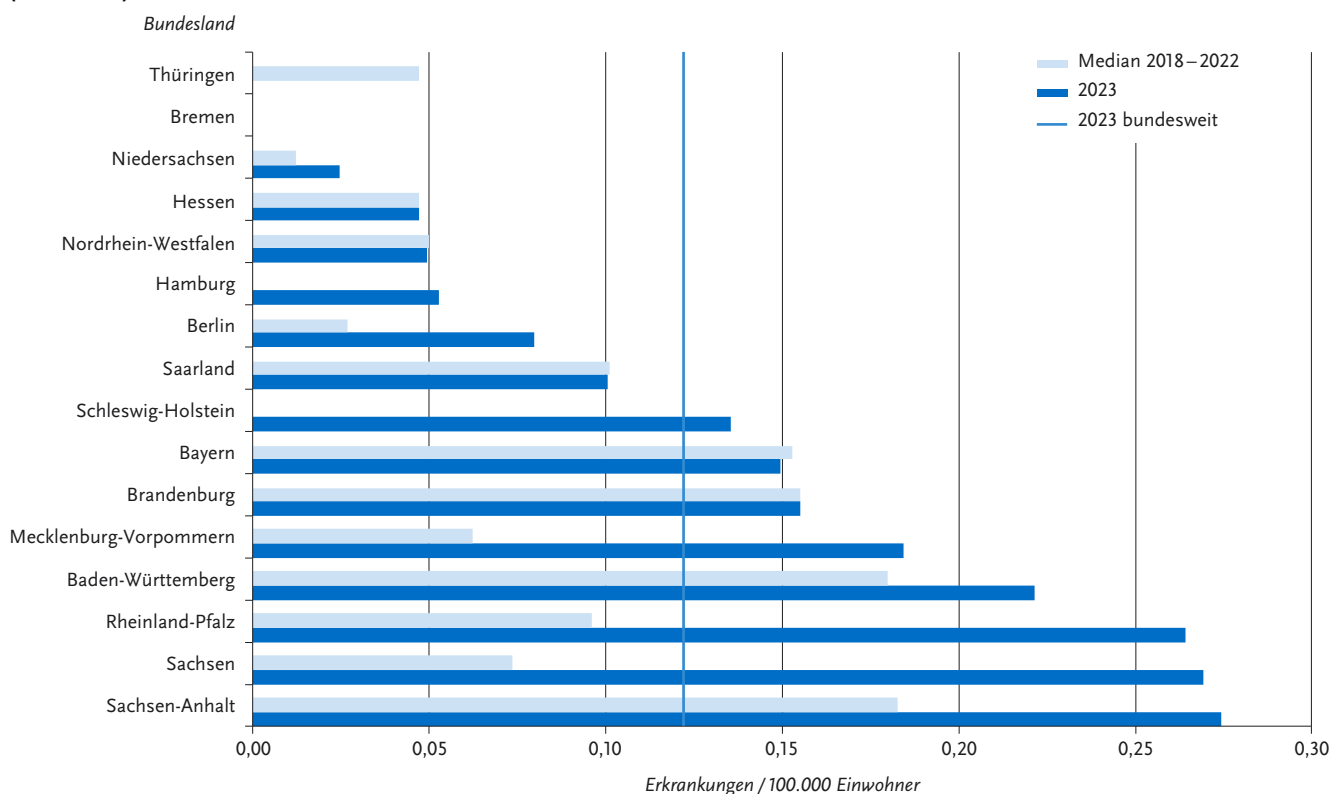
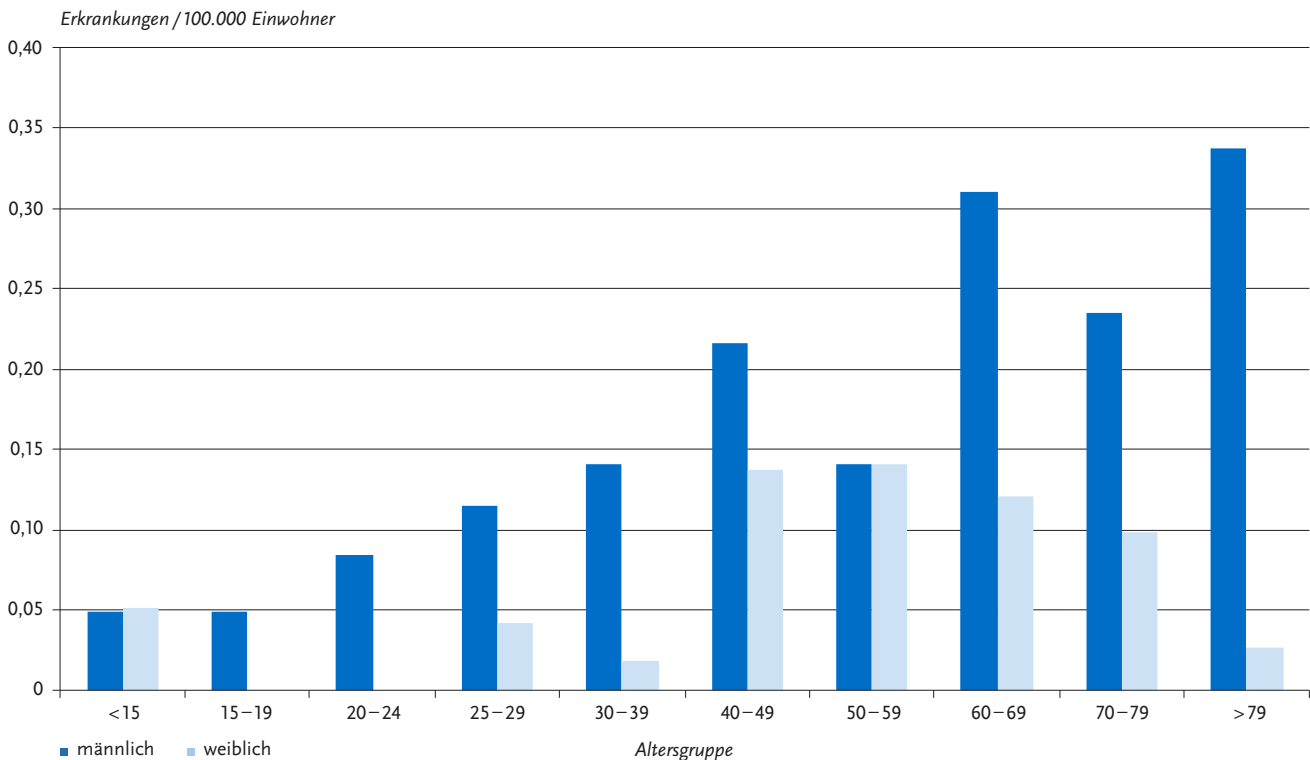


Abb. 6.65.3:

Übermittelte Tularämie-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n=103)



Literaturhinweise

Appelt S, Faber M, Köppen K, et al.: *Francisella tularensis* Subspecies *holarctica* and *Tularemia* in Germany. *Microorganisms* 2020;8(9). <https://doi.org/10.3390/microorganisms8091448>

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;69(2). <https://doi.org/10.1111/zph.12899>

Faber M, Heuner K, Jacob D, Grunow R: *Tularemia in Germany – a re-emerging zoonosis*. *Front Cell Infect Microbiol* 2018;8. <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;141(4). <https://doi.org/10.1017/S0950268812001008>

RKI: *Tularämie – eine differentialdiagnostische Herausforderung*. *Epid Bull* 2015;46.

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2016. www.rki.de/ratgeber

6.66 Typhus abdominalis



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 79
- Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Ungeimpften
- Altersspanne der übermittelten Erkrankungen: 2 bis 69 Jahre

Kurzbeschreibung

Typhus abdominalis wird durch das Serovar Typhi der Bakterienart *Salmonella enterica* verursacht. Es handelt sich um eine systemische Erkrankung, die mit hohem Fieber, Kopfschmerzen und Benommenheit einhergehen kann. Einziges bekanntes Erregerreservoir ist der Mensch. Die Übertragung erfolgt vorwiegend durch verunreinigte Lebensmittel oder verunreinigtes Wasser; dagegen ist die direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der Patienten zu Dauerausscheidern werden. Selten kann dies auch nach einer Antibiotikabehandlung vorkommen.

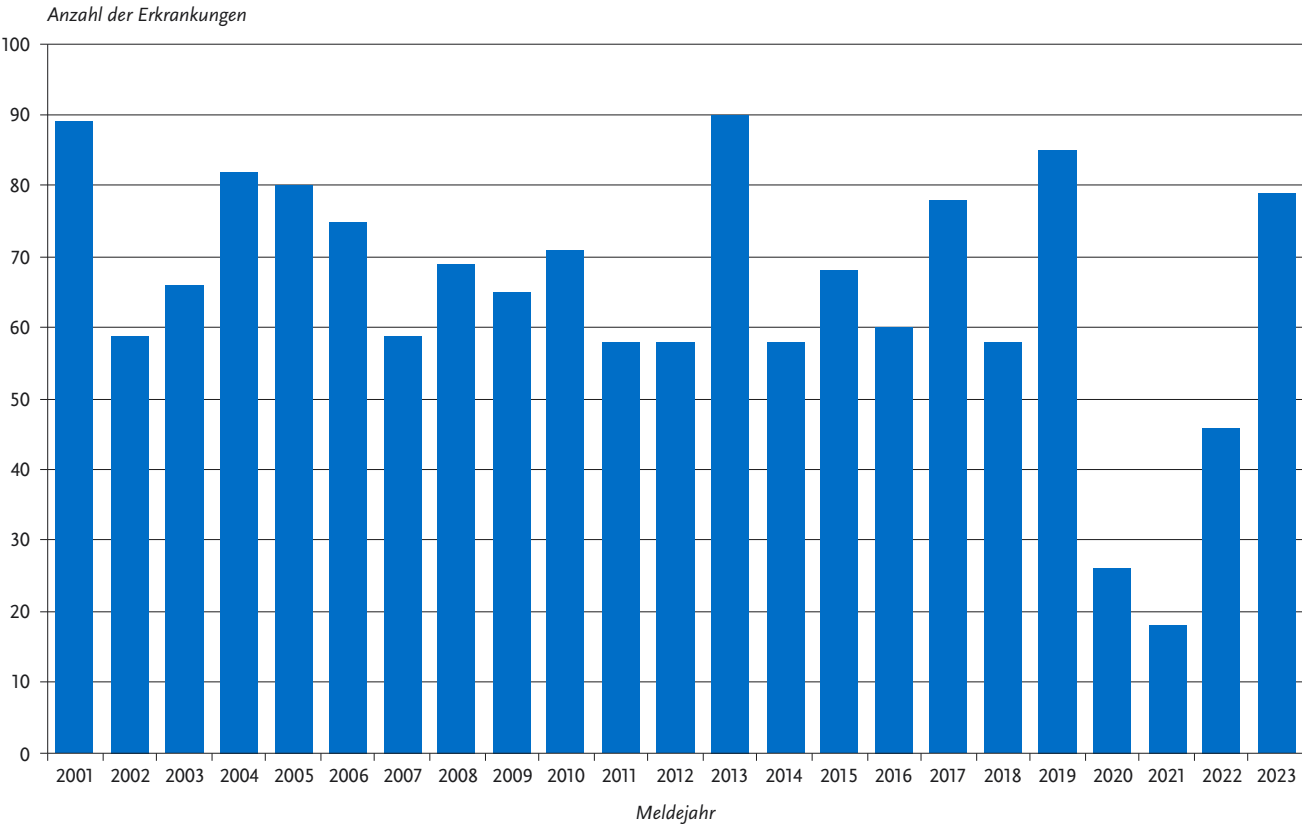
Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.66.1).

Tab. 6.66.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	2 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	45	82 %	79	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8	15 %	4	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	2 %	1	1 %
alle	55	100 %	84	100 %
Referenzdefinition (B+C)	46	84 %	79	94 %

Abb. 6.66.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 79 Erkrankungen übermittelt. Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen hat sich damit im Vergleich zum Vorjahr auf das 1,7-Fache erhöht und lag damit wieder auf dem Niveau der Jahre vor der COVID-19-Pandemie (s. Abb. 6.66.1). Die meisten übermittelten Erkrankungen wurden im Februar (13) und November (11) gemeldet.

Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz lag unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Erkrankungen wurden aus den 13 Bundesländern Hessen (14), Bayern und Nordrhein-Westfalen (je 12), Baden-Württemberg (11), Berlin (8), Sachsen (5), Brandenburg (4), Schleswig-Holstein und Niedersachsen (je 3), Saarland, Thüringen und Rheinland-Pfalz (je 2) und Hamburg (1) übermittelt.

Für 78 Erkrankungen lagen 79 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Für 6 Erkrankungen wurde Deutschland als einziges Infektionsland genannt. Die häufigsten genannten wahrscheinlichen Infektionsländer außerhalb Deutschlands waren Indien (28), Pakistan (20), Mexiko (7) und Bangladesch (5).

Demografische Verteilung

Von den 79 Erkrankungen mit Angaben betrafen 32 weibliche und 47 männliche Personen im Alter zwischen 2 und 69 Jahren (Median 27 Jahre). Die höchste Inzidenz betraf die Altersgruppe der 25-bis 29-Jährigen.

Klinische Aspekte

Unter Erkrankten, für die Angaben vorlagen, war das am häufigsten genannte Symptom Fieber (99%), gefolgt von

Durchfall (81 %), Bauchschmerzen (58 %), Kopfschmerzen (29 %), Obstipation (10 %) und Husten (8 %). Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

Impfstatus

Für 57 (72 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen waren 3 Personen gegen Typhus geimpft.

Ausbrüche

Es wurde ein Ausbruch mit 5 autochthonen Erkrankungen aus 2 benachbarten Landkreisen in Bayern übermittelt. Lebensmittel von Imbissen wurden verdächtigt, aber eine eindeutige Infektionsquelle konnte nicht ermittelt werden.

Zusätzlich wurden 3 Ausbrüche mit jeweils 2 Fällen nach Auslandsaufenthalten übermittelt.

Datenqualität

Es wurden 2023 keine zusätzlichen Informationen zur Datenqualität übermittelt.

Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Ungeimpften. Der Wiederanstieg der übermittelten Erkrankungen ist vermutlich durch eine Wiedernahme der (Fern-)Reiseaktivität zurückzuführen, die während der COVID-19 Pandemie eingeschränkt war.

Literaturhinweise

ECDC/EFSA: *Multicountry outbreak of new Salmonella enterica 11:z41:e,n,z15 infections associated with sesame seeds* – 13 June 2017. 2017. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-outbreak-assessment-multi-country-outbreak-new-salmonella-enterica>

Falkenhorst G, Enkelmann J, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2022*. *Epid Bull* 2023;46:3–20. <https://doi.org/10.25646/11768.2>

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* 2024;14. <https://doi.org/10.25646/12006.4>

RKI: *Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) Salmonella Typhi bei Reiserückkehrern aus Pakistan*. *Epid Bull* 2019;30.

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2019. www.rki.de/ratgeber

6.67 Virale Hämorrhagische Fieber



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 1
- Diese Erkrankung im Kontext einer Gelbfieberimpfung
- Fälle im Zusammenhang mit einer Gelbfieberimpfung erfüllen ab Mitte 2023 nicht mehr die Falldefinition

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 im afrikanischen Endemiegebiet in der Differentialdiagnose beachtet werden. Ausgehend von solchen Fällen sind Folgeinfektionen im nosokomialen oder familiären Umfeld möglich, aber selten: 2016 kam es in Deutschland zu einer solchen Übertragung, Anfang 2022 im Vereinigten Königreich.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden dem RKI keine Lassafieber-Erkrankungen übermittelt.

Zuletzt wurden in Deutschland 2 Lassafieber-Erkrankungen im Jahr 2016 gemeldet: ein Patient, der zur medizinischen Behandlung aus Togo eingeflogen wurde und wenige Stunden nach Ankunft verstarb sowie ein in Deutschland infizierter Sekundärfall, der die Erkrankung überlebte.

Ebola- und Marburgfieber

Kurzbeschreibung

Ebola- und Marburgviren bilden zusammen die Familie der Filoviren. Ebolaviren kommen in einigen zentral- und westafrikanischen Ländern vor, Marburgviren in Zentral- und vereinzelt auch in Westafrika. Sie können beim Menschen zu schweren, fieberhaften Krankheitsverläufen mit Blutungen führen. Bei den bisher untersuchten Ausbrüchen lag die Sterblichkeit zwischen 30 und 90 %. Ausbrüche entstehen in der Regel durch eine oder einige wenige Infektionen beim Menschen durch Kontakt zu infizierten Menschenaffen oder Fledermäusen. Die weitere Übertragung von Mensch-

zu-Mensch erfolgt dann in der Regel durch Kontakt mit erregertem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten und führt zu größeren Ausbrüchen (= kein endemisches Auftreten). Mittlerweile stehen spezifische Therapeutika und Impfstoffe (gegen Ebolavirus) zur Verfügung, die bei den letzten Ausbrüchen (z. B. Demokratische Republik Kongo 2018 bis 2020, Guinea 2021), verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Zaire, erfolgreich eingesetzt wurden. Im Osten der Demokratischen Republik Kongo gab es 2022 eine einzelne genotypisch noch zu einem früheren Ausbruch gehörenden Erkrankung, im Westen des Landes einen kleinen Ausbruch von 5 Fällen (beide durch die Ebolavirus-Spezies Zaire). In Uganda gab es 2022 einen Ausbruch verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Sudan.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden dem RKI keine Ebolafieber- oder Marburgfieber-Erkrankungen übermittelt. Im Jahr 2014 wurden im Zusammenhang mit dem Ausbruch in Westafrika 3 Ebolafieber-Erkrankungen übermittelt. Es handelte sich um internationales medizinisches Personal nicht-deutscher Staatsangehörigkeit, welches sich in Westafrika mit dem Ebolavirus infiziert hatte und zur medizinischen Behandlung nach Deutschland evakuiert worden war.

Gelbfieber

Kurzbeschreibung

Das Gelbfiebervirus gehört in die Familie der Flaviviren und ist im tropischen Afrika sowie im tropischen Südamerika endemisch verbreitet. Es wird durch Mücken übertragen. Die Krankheit ist durch hohes Fieber, Muskel-, Rücken- und Kopfschmerzen gekennzeichnet. Bei schweren Verläufen kommt es zu einer Leberentzündung mit Gelbsucht, Schädigung verschiedener Organe sowie inneren und äußeren Blutungen (Hämorrhagien). Die Sterblichkeit kann dann 60 bis 70 % betragen. Es gibt eine wirksame Impfung. Zuletzt kam es 2016 in Afrika (in Angola und der Demokratischen Republik Kongo) und ab 2016 in Südamerika (insbesondere in Brasilien) zu großen Ausbrüchen, die auch einzelne Reisende aus Europa betrafen.

Situation in Deutschland

Im Juni 2023 wurden dem RKI eine einzelne Erkrankung im zeitlichen Zusammenhang mit einer Gelbfieberimpfung übermittelt (noch vor der geplanten Reise). Seit der Jahresmitte 2023 schließt eine geänderte Faldefinition solche Erkrankungen aus der Statistik aus.

Zum ersten Mal seit 2001 waren dem RKI 2018 Gelbfieberfälle übermittelt worden: 2 reiseassoziierte Infektionen nach Brasilienaufenthalt und eine Impfreaktion. Im Jahr 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 Südosteuropa und zuletzt auch Zentralspanien.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurde dem RKI keine Erkrankung an Krim-Kongo-Hämorrhagischem-Fieber übermittelt. Im Jahr 2009 wurden 2 Krim-Kongo-Virus-Infektionen 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 2023 wurde dem RKI keine Rift-Valley-Fieber-Erkrankung übermittelt.

Zuletzt wurde im Jahr 2008 eine asymptomatische Infektion mit Rift-Valley-Fieber-Virus als Koinfektion zu einer letalen Hepatitis-A-Virus-Infektion übermittelt. Die Infektion wurde wahrscheinlich in Kenia erworben.

Fazit

Kein Erreger von viralem hämorrhagischen Fieber ist in Deutschland endemisch. Reiseassoziierte Fälle sind sehr selten.

Literaturhinweise

- Bernard C, Joly Kukla C, Rakotoarivony I, et al.: *Detection of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in Hyalomma marginatum ticks, southern France, May 2022 and April 2023*. Euro Surveill. 2024;29(6). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.6.2400023>
- Boecken G: *Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt*. Epid Bull 2018;15. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2018-019>
- Ehlkes L, George M, Samosny G, et al.: *Management of a Lassa fever outbreak, Rhineland-Palatinate, Germany, 2016*. Euro Surveill 2017;22(39). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.16-00728>
- Falkenhorst G, Frank C, Faber M et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. Epid Bull 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023. 28(7). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Gossner CM, Haussig JM, de Bellegarde de Saint Lary C, et al.: *Increased risk of yellow fever infections among unvaccinated European travellers due to ongoing outbreak in Brazil, July 2017 to March 2018*. Euro Surveill 2018;23(11). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.11.18-00106>
- Hunger I, Becker S, Frank C, et al.: *Vier Jahre nach der Ebolakrise – Herausforderungen und Schlussfolgerungen für den Öffentlichen Gesundheitsdienst in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2019;62(9). <https://doi.org/10.1007/s00103-019-02995-x>
- Kofman A, Choi MJ, Rollin PE: *Lassa fever in travelers from West Africa, 1969 – 2016*. Emerg Infect Dis 2019;25(2). <https://doi.org/10.3201/eid2502.180836>
- 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;22(39). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00088>
- Lorenzo Juanes HM, Carbonell C, Sendra BF, et al.: *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Spain, 2013–2021*. Emerg Infect Dis 2023;29(2). <https://doi.org/10.3201/eid2902.220677>
- Njuguna C, Vandi M, Liyosi E, et al.: *A challenging response to a Lassa fever outbreak in a non endemic area of Sierra Leone in 2019 with export of cases to The Netherlands*. Int J Infect Dis 2022;117. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2022.02.020>
- 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;25(15). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.15.2000265>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2019. www.rki.de/ratgeber

Weirauch T, Burger G, Cadar D, et al.: *Vaccine-derived yellow fever in an immunocompromised patient on anti-CD20-antibody therapy and its treatment with sofosbuvir*. Int J Infect Dis. 2024;143. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2024.107017>

6.68 West-Nil-Virus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 16 (davon 6 autochton)
- ▶ Jährliche Fallzahlen autochthoner WNV-Infektionen schwanken, bislang max. 22 Infektionen/Jahr registriert
- ▶ Menschliche autochthone Fälle begrenzt auf Gebiete mit bekannter WNV-Zirkulation in Vögeln und Pferden

Kurzbeschreibung

Das West-Nil-Virus (WNV, Flavivirus) wird von *Culex*- und anderen Mückenspezies übertragen. Das Reservoir der Infektion sind Stechmücken, Hauptwirte sind Vögel, die durch Mückenstiche infiziert werden. Menschen und Pferde gelten als Fehlwirte, die zwar erkranken können, aber das Virus nicht wieder an Mücken weitergeben. WNV verursacht bei ca. 20 % der infizierten Menschen Symptome, hauptsächlich Fieber. Unter 1 % der Infizierten, vor allem ältere oder immunschwache Personen, entwickeln ein neuroinvasives Krankheitsbild, welches mit einer substanziellen Letalität verbunden ist. Nach einer ersten autochthonen WNV-Infektion in Deutschland im Jahr 2018 (ein Tierarzt, vermutlich durch Kontakt zu einem an WNV-verendeten Vogel infiziert), wurden 2019 insgesamt 5, 2020 insgesamt 22 Infektionen (20 Erkrankungen und 2 asymptomatische Infektionen), 2021 insgesamt 4 Infektionen und 2022 12 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 2023 wurden 16 WNV-Infektionen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Erkrankten waren zwischen 22 und 84 Jahre alt (Median: 40,5 Jahre), 13 waren männlich (81 %, 2021: 40 %, 2022: 57 %). Bei 3 Fällen (19 %) wurden Anzeichen einer neuroinvasiven Erkrankung übermittelt (2021: 40 %, 2022: 50 %). Todesfälle wurden nicht übermittelt.

Die Infektionen von 10 Personen waren reiseassoziiert, nach Aufhalten in Italien (3 Nennungen), Serbien, Ungarn, der Türkei, Tansania, Kenia, Indonesien und den USA. Die anderen 6 Personen hatten sich in Deutschland infiziert (je 2 in Berlin und Sachsen-Anhalt, je eine in Thüringen und Sachsen). Eine der in Berlin infizierten Personen hatte einen Wohnsitz in Nordrhein-Westfalen. Ansonsten infizierten

sie sich in ihren Heimat-Bundesländern. Unter den 4 in Deutschland infizierten Personen mit bekanntem Erkrankungsbeginn erkrankten 2 im Juli und 2 im September; die letzteren beiden hatten einen neuroinvasiven Krankheitsverlauf (Enzephalitis). Zwei der autochthonen Fälle waren gänzlich asymptomatisch.

Für die 6 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 der Akutphase oder Liquor/Urin später in der Erkrankung), durch Neutralisationstest oder WNV-Serologie unter Ausschluss anderer Flaviviren.

Alle bestätigten autochthonen WNV-Infektionen 2023 und den Vorjahren hatten eine Exposition in Gebieten mit WNV-Nachweisen bei Vögeln oder Pferden (vgl. WNV-Seite des Friedrich-Loeffler-Institutes: <https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/west-nil-virus/>).

Es ist auch weiterhin von einer Untererfassung vor allem leichter Krankheitsverläufe von WNV-Infektionen auszugehen:

Hinter jeder diagnostizierten neuroinvasiven Infektion stehen circa 80 asymptomatische und 20 Infektionen mit nur leichter Symptomatik. Im Zuge der Angleichung an die EU-Falldefinitionen erfüllen in Deutschland seit Mitte 2023 auch asymptomatische WNV-Infektionen die Referenzdefinition, wenn sie einen Erregernachweis (spezifische PCR) haben.

Fazit

Das Virus ist in der Lage in Deutschland zu überwintern und wird vor allem von in Deutschland weit verbreiteten Stechmücken der Gattung *Culex* übertragen. Daher sollten Ärztinnen und Ärzte insbesondere im Sommer und Spätsommer und in Gebieten mit bekannter WNV-Zirkulation in Tieren bei Personen mit ätiologisch unklaren Enzephalitiden und bei örtlichen Häufungen von Fällen mit Fieber unklaren Ursprungs (mit oder ohne Hautausschlag) eine WNV-Diagnostik in die Wege leiten – auch wenn die Personen keine Reiseanamnese aufweisen. Personen in Risikogruppen für schwere Verläufe von WNV-Infektionen (vor allem ältere Menschen oder Personen mit Vorerkrankungen) ist insbesondere in dieser Jahreszeit und in diesen Gebieten Schutz vor Mückenstichen empfohlen.

Literaturhinweise

- 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>
- Frank C, Offergeld R, Lachmann R, Stark K: *Gekommen, um zu bleiben? Bei autochthonen West-Nil-Virus-Infektionen steht regional die Saison 2022 vor der Tür*. *Epid Bull* 2022;25/26. <https://doi.org/10.25646/10171>
- Frank C, Offergeld R, Lachmann R, Stark K, Schmidt-Chanasit J: *Saison stechmückenübertragener Krankheitserreger beginnt*. *Epid Bull* 2023;22. <https://doi.org/10.25646/11492>
- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. *Euro Surveill* 2023;28(7). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Kampen H, Tews BA, Werner D: *First evidence of West Nile Virus overwintering in mosquitoes in Germany*. *Viruses*. 2021;13(12). <https://doi.org/10.3390/v13122463>
- Lachmann R, Domingo C, Frank C, et al.: *West Nile Virus Emergence in Germany 2019: Looking for Hidden Human West Nile Virus Infections*. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2024;24(6). <https://doi.org/10.1089/vbz.2023.0103>
- Offergeld R, Schmidt-Chanasit J, Frank C: *West Nil-Virus in Deutschland – Relevanz für die Transfusionsicherheit*. *Hämotherapie* 2022;38.
- Nat. Expertenkommission für Stechmücken am FLI: *Das West Nil-Virus in Deutschland*. 2022. https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00045763/WNV-in-Deutschland_Basisinfo_2022-04-26.pdf
- Ziegler U, Bergmann F, Fischer D, et al.: *Spread of West Nile Virus and Usutu Virus in the German Bird Population, 2019 – 2020*. *Microorganisms* 2022;10(4). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040807>
- Ziegler U, Dianne Santos P, Groschup MH, et al.: *West Nile virus epidemic in Germany triggered by epizootic emergence, 2019*. *Viruses* 2020;12(4). <https://doi.org/10.3390/v12040448>

6.69 Windpocken



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: **17.810**
- ▶ Anstieg der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr (78 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 10 Jahren
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar
- ▶ Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- ▶ Doppelt so viele Ausbrüche wie im Vorjahr: insgesamt 1.160 Ausbrüche mit 4.787 Erkrankungen

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 März 2013.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Windpocken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.69.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2023 wurden insgesamt 17.810 Windpocken-Erkrankungen übermittelt. Das sind zwar 78 % mehr Erkrankungen als im Vorjahr (2022: 10.031), aber immer noch weniger als in den Jahren 2014 bis 2019 mit jeweils mehr als 20.000 Erkrankungen. Die gemeldeten Fälle lagen in Jahr

2023 von März bis zum Jahresende über dem Fünfjahresmedian 2018 bis 2022. Die Zahl der gemeldeten Fälle war seit Januar 2023 anhaltend hoch im dreistelligen Bereich, mit Maximum in der 12. und der 16. Meldewoche mit 521 und 530 übermittelten Erkrankungen. Die Anzahl der übermittelten Fälle war im ersten und zweiten Quartal besonders hoch. Damit wurde eine typische Windpocken-Saisonalität beobachtet, mit weniger gemeldeten Fällen um das dritte Quartal herum (Woche 28 bis 44) und einem wiederholten Anstieg der Fälle zum Ende des Jahres. (s. Abb. 6.69.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag mit 21,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner fast doppelt so hoch wie im Vorjahr (2022: 12) und überschritt deutlich den Median der Inzidenz der fünf Vorjahre (2018 bis 2022: 13,7). Der Inzidenzanstieg im Vergleich zum Median der Inzidenz der fünf Vorjahre betraf mit Ausnahme von Bremen alle Bundesländer. Über dem bundesweiten Wert lag die Inzidenz für das Jahr 2023 in Sachsen (40,8), Bayern (31,8), Baden-Württemberg (25,9), Hamburg (24,7) und Berlin (23,8). Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Sachsen-Anhalt (9,3) und im Saarland (10,5) verzeichnet. In allen anderen Bundesländern lagen die Inzidenzen zwischen 12,1 (Mecklenburg-Vorpommern) und 20,2 (Thüringen) (s. Abb. 6.69.2).

Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Fälle war ähnlich wie im Vorjahr: 65 % aller Erkrankungen im Jahr 2023 traten bei Kindern unter 10 Jahren auf (2022: 64 %). Die höchsten Inzidenzen hatten Kinder von 5–9 Jahre (162 Erkr./100.000 Einw.) und die 4-Jährigen (140) gefolgt von Kinder unter einem Jahr (136). Ab einem Alter von 10 Jahren ist die Inzidenz niedriger und lag bei den 10- bis 14-Jährigen bei 83, bei den 15- bis 19-Jährigen bei 24, bei den 20- bis 49-Jährigen zwischen 10 und 3,1 und ab einem Alter von mehr als 50 Jahren unter 2 Erkr./100.000 Einw. Es ergaben sich keine eindeutigen geschlechtsspezifischen Inzidenzunterschiede. Geringe Unterschiede mit etwas höheren Werten bei Mädchen und Frauen wurden in den Altersgruppen 2 und 3 Jahre, 5–9, 20–29 und 60–79 Jahren, in den übrigen Altersgruppen etwas höhere Werte bei Jungen und Männern beobachtet (Abb. 6.69.3).

Tab. 6.69.1:
Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	6.774	68 %	11.530	65 %
klinisch-epidemiologisch (B)	2.135	21 %	4.694	26 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.122	11 %	1.586	9 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	0	0 %	0	0 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	10.031	100 %	17.810	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	10.031	100 %	17.810	100 %

Abb. 6.69.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche (n = 17.810), Deutschland, 2023 im Vergleich mit den Vorjahren (Median 2018 bis 2022)

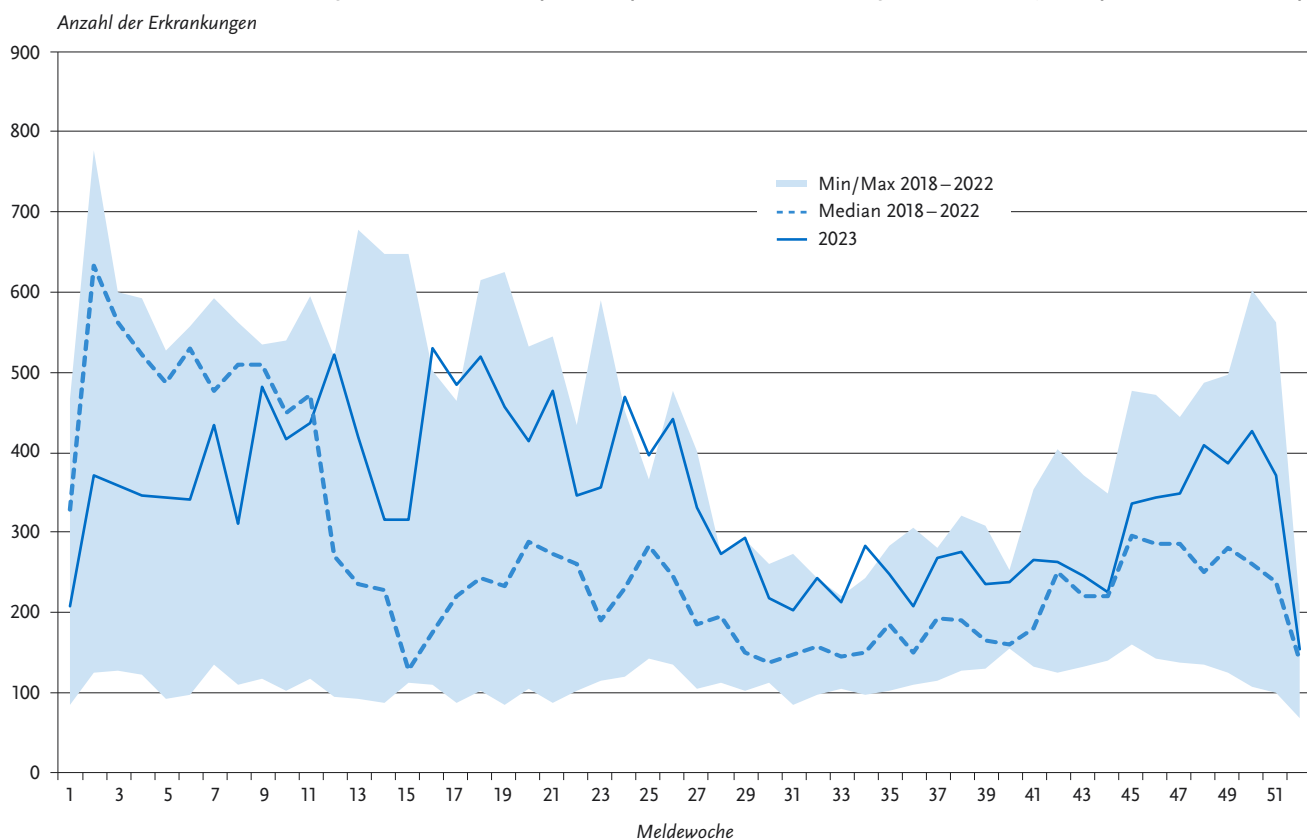


Abb. 6.69.2:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 17.810) im Vergleich zum Median der Vorjahre (2018–2022)

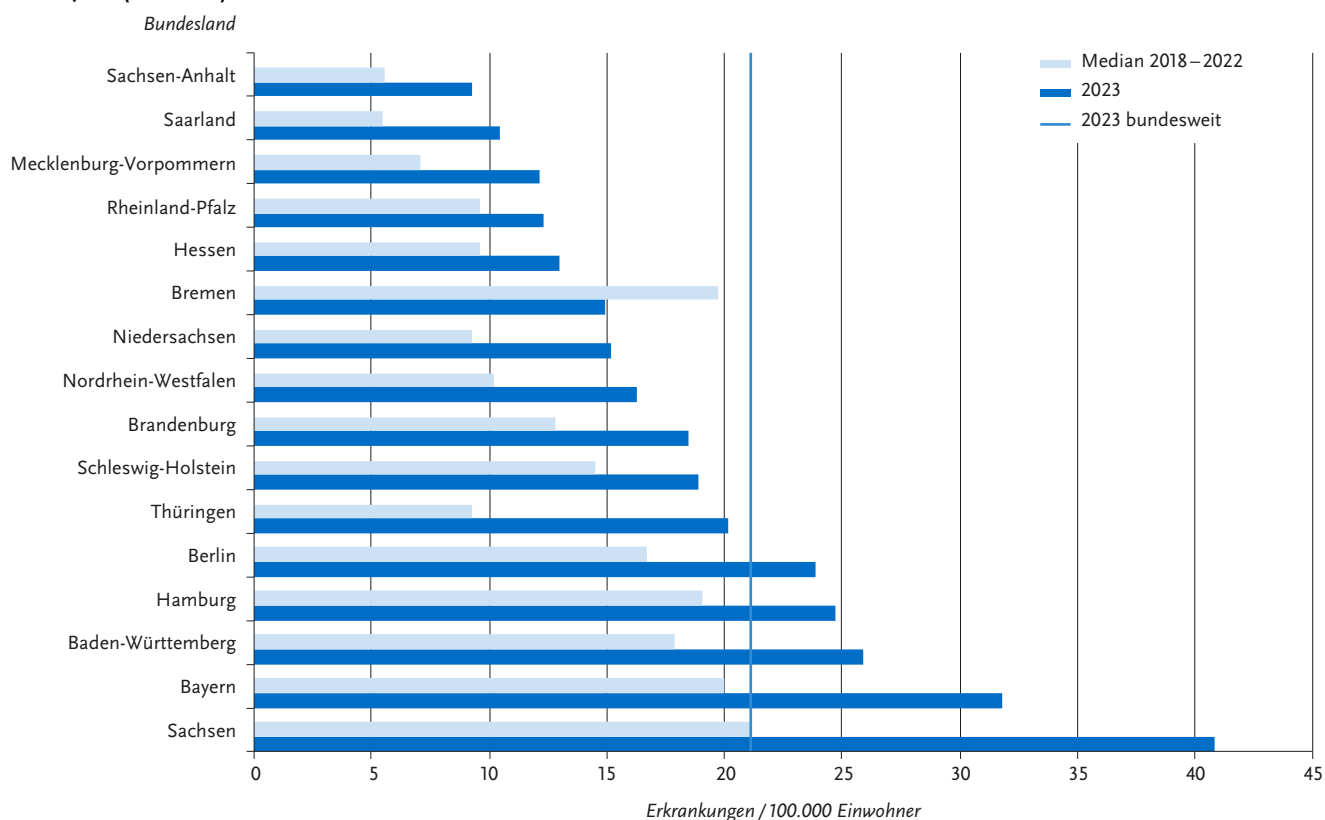
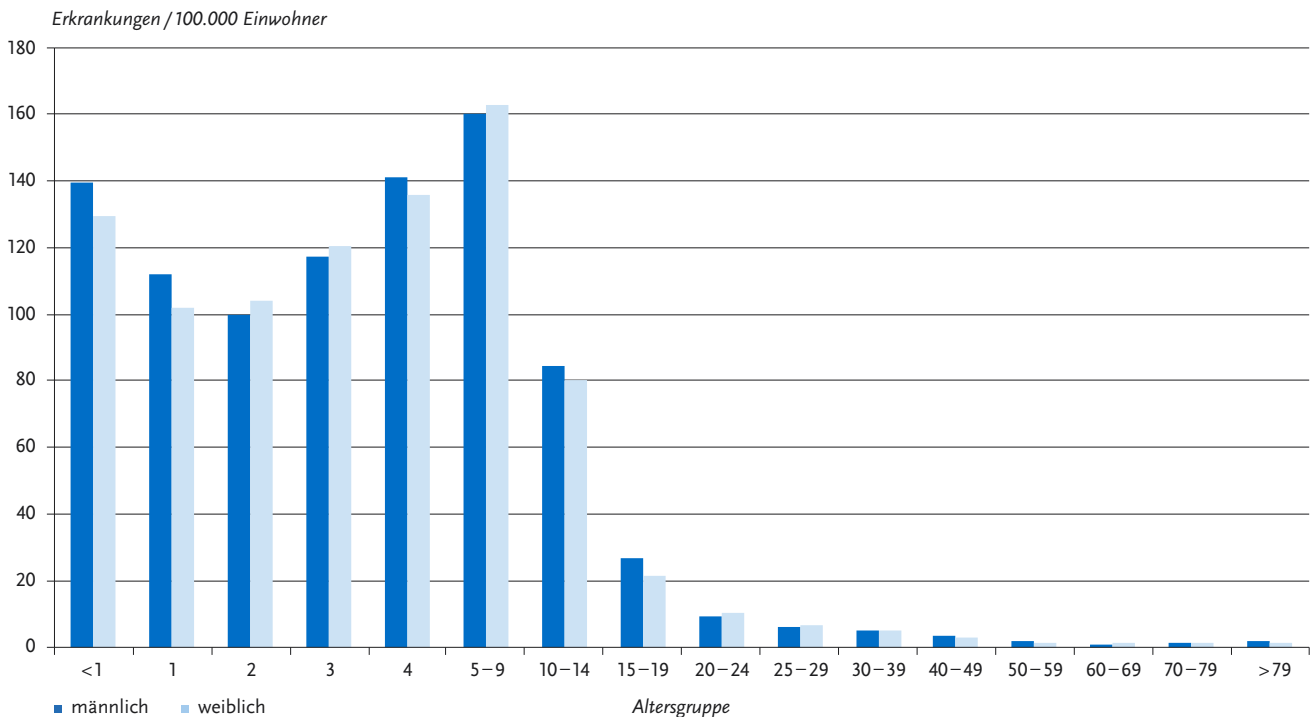


Abb. 6.69.3:

Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 17.692)



Klinische Aspekte

Im Jahr 2023 wurde ein Todesfall bei einer älteren Person übermittelt, bei dem dezidiert eine Windpocken-Infektion als Todesursache benannt wurde.

Impfstatus

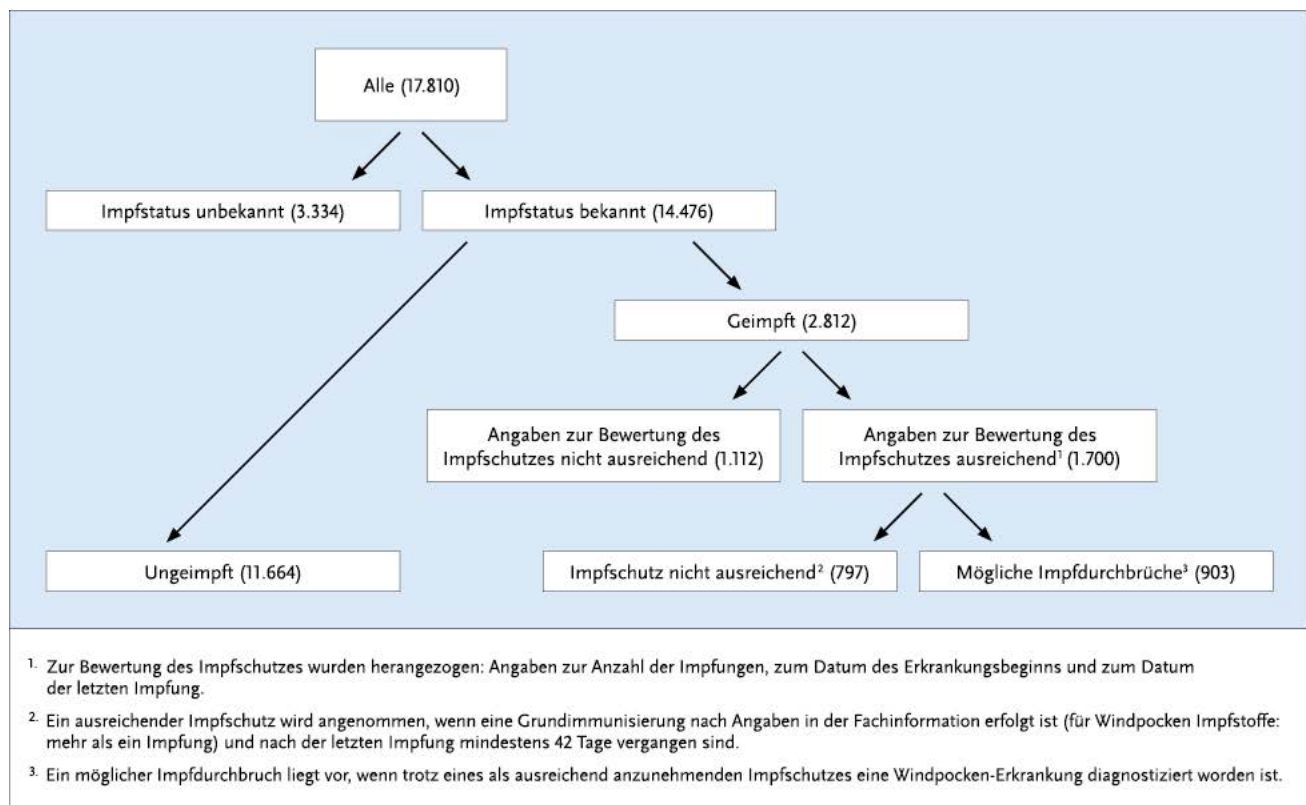
Seit 2004 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) die Impfung gegen Windpocken für alle Kleinkinder, seit 2009 sind 2 Impfdosen empfohlen. Die gegenwärtige Empfehlung sieht die erste Impfung im Alter von 11 Monaten und die zweite Impfung im Alter von 15 Monaten vor. Fehlende Impfungen können jederzeit 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 aufgebaut.

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 Zeit-

punkt der Impfung entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt zu einer an Varizellen erkrankten Person und die Impfung konnte den Infektion nicht mehr verhindern oder es entwickelten sich in sehr seltenen Fällen s.g. Impfvarizellen durch das Impfvirus. Eine Unterscheidung von Wild- oder Impfvirus ist nur durch einen direkten Erregernachweis idealerweise aus einem Pustelabstrich und einer nachfolgenden Sequenzierung möglich.

Angaben zum Impfschutz lagen bei 14.476 (81 %) von 17.810 Erkrankungen vor. Die meisten Erkrankten waren nicht geimpft (n=11.664; 81 % der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz). Von den 2.812 als geimpft übermittelten Erkrankten waren bei 1.700 (61 %) die Angaben zum Impfstatus vollständig und valide. Da für die übrigen Fälle 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 1.700 Erkrankten mit ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfschutzes waren 797 (47 %) nicht ausreichend geimpft. In ihrem Fall waren sie entweder nur einmalig geimpft oder die Erkrankung trat innerhalb von 42 Tagen nach der zweiten Impfung auf. Als mögliche Impfdurchbrüche werden jene eingestuft, die nach mindestens 2 zeitgerechten Impfungen an Windpocken erkrankt waren. Dies betraf im Jahr 2023 insgesamt 903 Erkrankungen (6 % der Erkrankten mit Angaben zum Impfstatus) (Abb. 6.69.4).

Abb. 6.69.4:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2023 (n = 17.810)



Ausbrüche

Etwa 27 % (n = 4.787) der Erkrankungen waren insgesamt 1.160 Häufungen zugeordnet. Damit waren die Zahl der übermittelten Häufungen und die darin erfassten Erkrankungen mehr als doppelt so hoch wie im Vorjahr (2022: 544 Häufungen mit insgesamt 2.114 Erkrankungen). Den 272 Häufungen mit 5 oder mehr Erkrankten im Jahr 2023 wurden insgesamt 2.554 Fälle zugeschrieben, was auch mehr als zweimal so vielen Häufungen und Erkrankungen wie im Vorjahr entspricht (2022: 105 Häufungen mit 1.027 Fällen). In insgesamt 7 % (76) Häufungen wurden 10 Fälle oder mehr erfasst.

Der größte registrierte Ausbruch mit 90 Erkrankungen ereignete sich von Januar bis Mai 2023 in einer Schule in Baden-Württemberg.

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 75 % der Erkrankten (11.664 Ungeimpfte sowie 1.706 Geimpfte mit vollständigen Angaben) vor.

Fazit

Windpocken gehören zu den meldepflichtigen Krankheiten mit hohen Erkrankungszahlen, die in den Jahren der Pandemie absanken. Im Jahr 2022 kam es zu einem erneuten Anstieg der Erkrankungszahlen, der sich im Jahr 2023 fortsetzte. Die Werte blieben jedoch weiterhin unter dem vorpandemischen Niveau. Die Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern sind durch regionale Ausbrüche sowie durch unterschiedliche regionale Impfquoten beeinflusst. Die Bundesländer mit den höchsten Windpocken-Impfquoten der Schuleingangsuntersuchung 2020 gehörten 2023 zu denen mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen (Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern). Umgekehrt gehörten einige der Bundesländer mit den niedrigsten Impfquoten (Bayern, Baden-Württemberg) zu den Bundesländern, deren Windpocken-Inzidenzen über dem Bundesdurchschnitt lagen.

Die überwiegende Anzahl der im Jahr 2023 Erkrankten war nicht geimpft und gehörte hauptsächlich zu den Altersgruppen, für die seit mehr als 15 Jahren eine Impfempfehlung besteht. 6 % 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 als Windpockenerkrankung 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 vielfach zu Ausbrüchen in Gemeinschaftseinrichtungen, die lange anhalten können. Damit beeinträchtigen sie den normalen Betrieb der Einrichtungen. Zudem werden besonders vulnerable Gruppen einem erhöhten Risiko ausgesetzt, an Windpocken zu erkranken, wie z. B. Säuglinge, ungeschützte Schwangere oder Personen mit geschwächtem Immunsystem, bei denen die Erkrankung in der Regel einen schweren Verlauf nimmt.

Literaturhinweise

- Moek F, Siedler A: *Trends in age-specific varicella incidences following the introduction of the general recommendation for varicella immunization in Germany, 2006–2022*. BMC Public Health. 2023;23(1). <https://doi.org/10.1186/s12889-023-17098-1>
- 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;22(17). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.17.30521>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022;48. <https://doi.org/10.25646/10838>
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2018. www.rki.de/ratgeber
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.jpeds.2016.02.040>
- Siedler A, Dettmann M, Tolksdorf K, Polte C, Walter C, Ehlers B: *Laboratory investigations of vaccinated patients with varicella*. Vaccine 2015;33(16). <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2015.02.057>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022;4. <https://doi.org/10.25646/9285>
- STIKO: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. Epid Bull 2020;2. <https://doi.org/10.25646/6447>
- STIKO: *Evaluation der Varizellen-Impfempfehlung durch die STIKO, 2019*. Epid Bull 2020;3. <https://doi.org/10.25646/6453>

6.70 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 1.941
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern, insbesondere bei ein- und 2-jährigen Kindern
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ 8 Ausbrüche mit 19 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 erfüllen (s. Tab. 6.70.1). Seit einer Änderung des Infektionsschutzgesetzes im Juli 2017 sind zusätzlich zum Nachweis von *Y. enterocolitica* auch Nachweise von anderen darmpathogenen Yersinien meldepflichtig geworden. Seitdem werden auch *Y. pseudotuberculosis*-Infektionen erfasst. Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 gilt nicht nur die kulturelle Erregerisolierung, sondern auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. PCR, als direkter labordiagnostischer Nachweis einer Yersiniose. Als Nukleinsäurenachweis gilt der Nachweis eines Virulenzgens, z. B. *virF*-Gen oder *ail*-Gen, oder der Nachweis des Erregers mittels spezifischer PCR. Nur die darmpathogenen Spezies *Y. enterocolitica* und *Y. pseudotuberculosis* erfüllen die Kriterien für einen labordiagnostischen Nachweis.

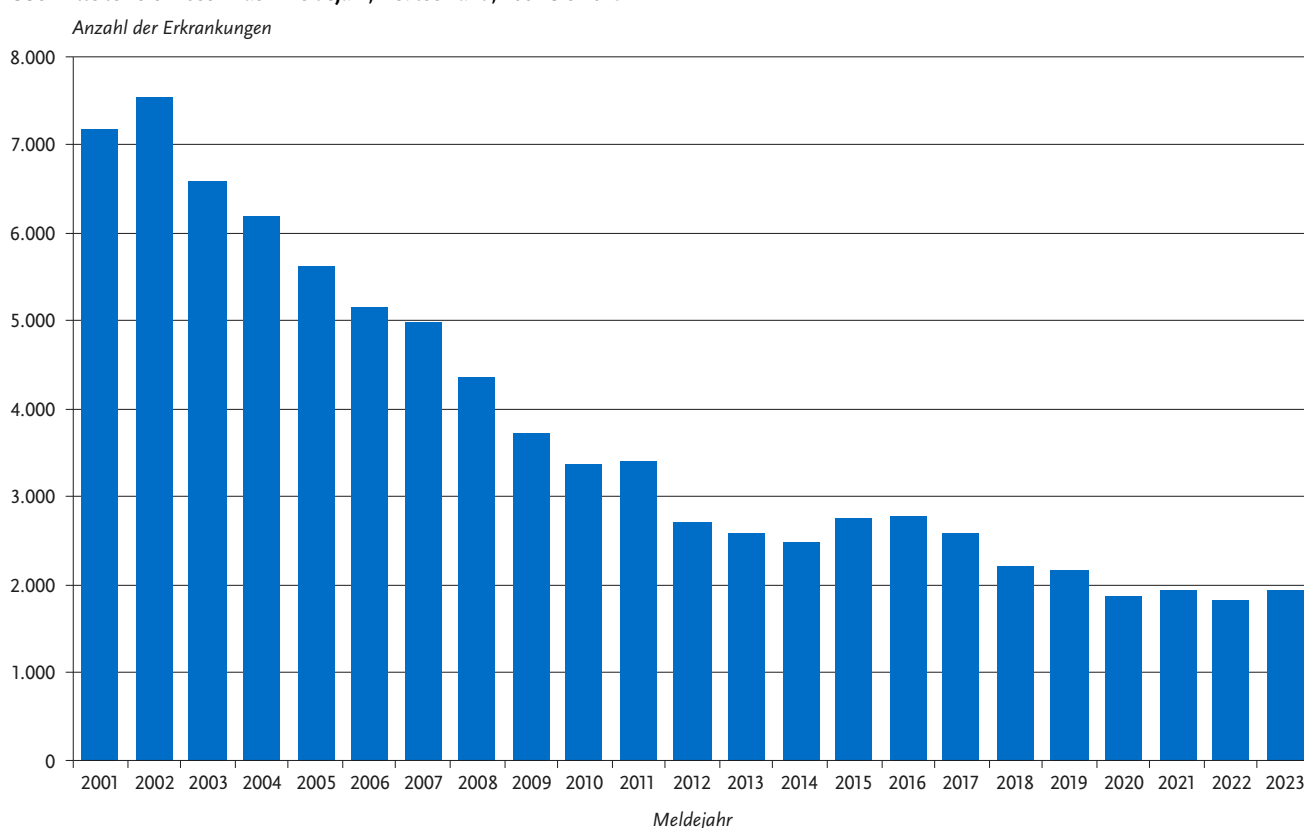
Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2023 wurden 1.941 Erkrankungen übermittelt (2022: 1.813). Dies entsprach einer Inzidenz von 2,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2022: 2,1). 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 ca. 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. 6.70.1). Im Jahr 2023 lag die Fallzahl etwa im Bereich der Vorjahre 2020 bis 2022 (1.813–1.935). Eine ausgeprägte

Tab. 6.70.1:
Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	10	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.812	76 %	1.931	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	82	3 %	100	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	497	21 %	471	19 %
alle	2.392	100 %	2.512	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.813	76 %	1.941	77 %

Abb. 6.70.1:
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2023



Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war nicht erkennbar. Die höchsten Fallzahlen wurden im ersten Quartal ($n = 565$) des Jahres 2023 verzeichnet.

Geografische Verteilung

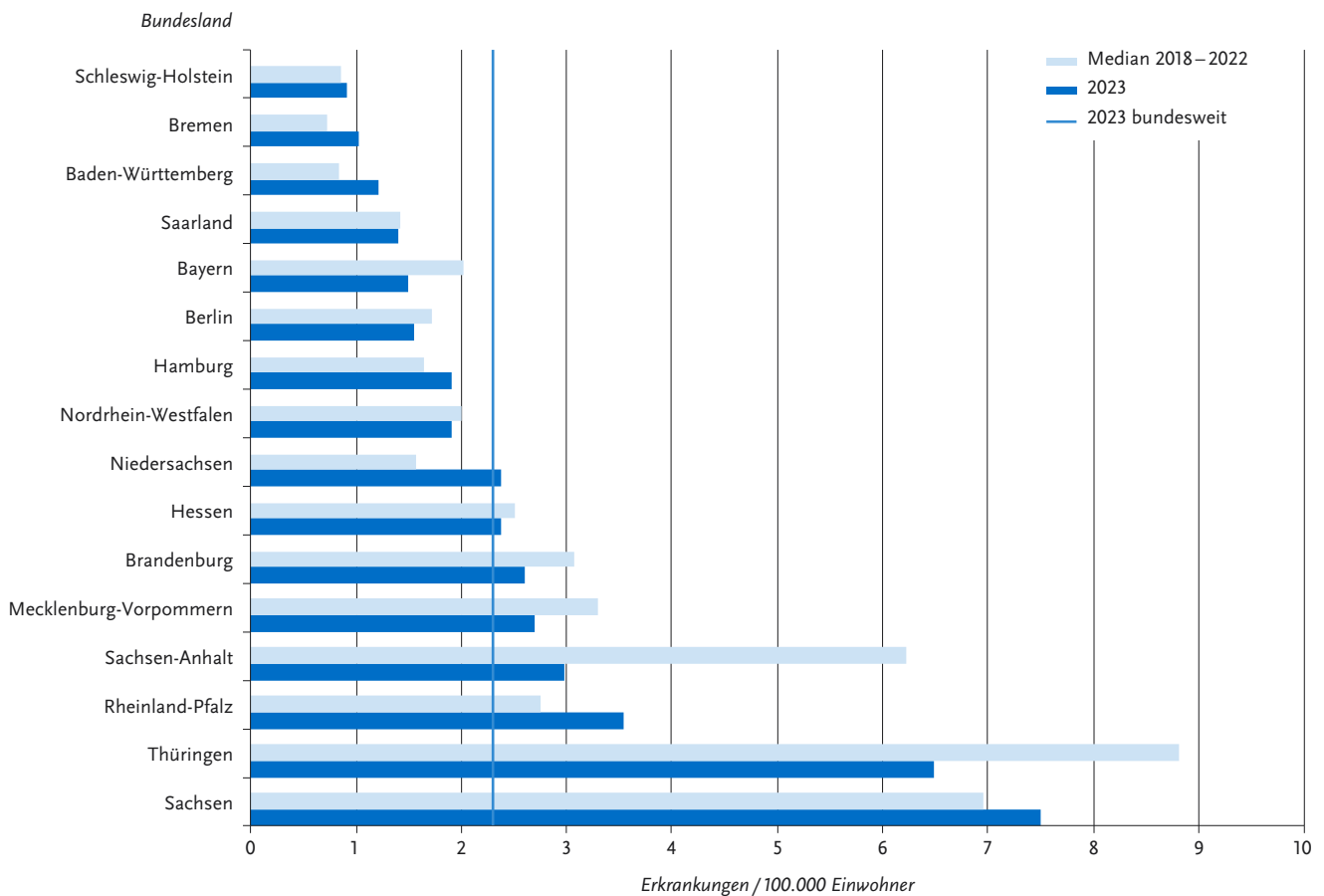
In Sachsen, Thüringen, Rheinland-Pfalz, Sachsen-Anhalt, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg, Hessen und Niedersachsen lag die Inzidenz im Jahr 2023 über der bundesweiten Inzidenz (2,3 Erkr./100.000 Einw.). Hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Sachsen (7,5) und Thüringen (6,5) registriert (Abb. 6.70.2). In diesen Bundesländern sowie in Sachsen-Anhalt wurde eine hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 46; Sachsen: 38; Sachsen-Anhalt: 28). In 7 Bundesländern (Sachsen, Rheinland-Pfalz, Niedersachsen, Hamburg, Baden-Württemberg, Bremen und Schleswig-Holstein) war im

Vergleich zum Median der 5 Vorjahre eine Zunahme der Inzidenz zu verzeichnen (s. Abb. 6.70.2). Die relative Zunahme war in Niedersachsen (+ 50 %), Baden-Württemberg (+ 46 %) und Bremen (+ 40 %) am größten. In den übrigen 9 Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2023 unter dem Median der 5 Vorjahre. Die relative Abnahme war in Sachsen-Anhalt (– 52 %), Thüringen (– 26 %) und Bayern (– 26 %) am größten.

Bei 1.070 Erkrankungen (55 %) wurden 1.086 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 91 % der Nennungen auf Deutschland und 6 % auf ein anderes europäisches Land entfielen (Mehrfachnennungen möglich). Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Spanien (9 Nennungen), Kroatien, Österreich (jeweils 8) und Italien (7). Bei den nichteuropäischen Ländern wurden Ägypten (8) und die Türkei (4) am häufigsten angegeben.

Abb. 6.70.2:

Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2023 (n = 1.941) im Vergleich mit den Vorjahren



Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz zeigte die höchsten Werte bei Kindern mit einem Gipfel bei den Ein- und 2-Jährigen. Die Inzidenz ging mit zunehmendem Alter zurück und verblieb im Erwachsenenalter ab 40 Jahren auf niedrigem Niveau ($\leq 1,1$ Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.70.3). Männliche Personen (56 %) waren häufiger betroffen als weibliche (44 %) und hatten dementsprechend eine höhere Inzidenz (2,6 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,0). In fast allen Altersgruppen mit Ausnahme der 50- bis 69-Jährigen und der ab 80-Jährigen lagen die Inzidenzen bei männlichen Personen zum Teil deutlich höher als bei weiblichen (3-Jährige: 9,6 gegenüber 3,3; 10- bis 14-Jährige: 8,1 gegenüber 4,6).

Klinische Aspekte

Für alle 1.941 übermittelten Yersiniosen wurden Symptome angegeben (4.124 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (82 % der Erkrankungen), Bauchschmerzen (73 %) und Fieber (30 %). Im Jahr 2023 wurde kein Todesfall in Zusammenhang mit einer Yersiniose als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt.

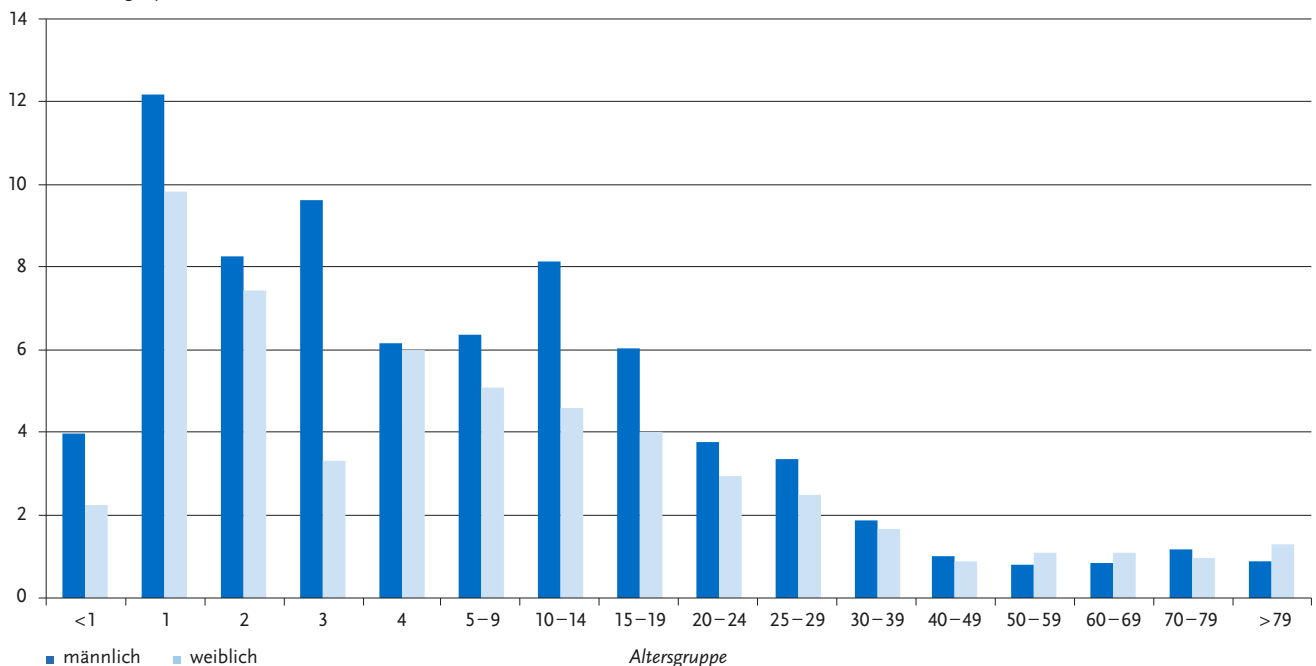
Nachgewiesene Erreger

Für 1.926 der 1.941 übermittelten Yersiniosen (99 %) lagen Angaben zur nachgewiesenen Erregerspezies vor. Davon waren 1.879 (98 %) Erkrankungen durch *Y. enterocolica* und 47 (2 %) Erkrankungen durch *Y. pseudotuberculosis*. Bei 489 (79 %) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* mit Angaben zum Serotyp (n = 620) wurde der Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (10 %, n = 59) oder O:5,27 (3 %, n = 20) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erregertyp, wurde bei 3 % (n = 20) der Erkrankungen mit Angaben zum Serotyp genannt. Bei 5 % (n = 32) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* wurde als Serotyp »anderer« angegeben.

Ausbrüche

Es wurden 8 Ausbrüche mit insgesamt 19 Erkrankungen übermittelt (2022: 4 Ausbrüche mit 10 Erkrankungen). Davon betraf jeweils ein Ausbruch 4 bzw. 3 Personen und 6 Ausbrüche betrafen jeweils 2 Personen. Einer der 8 Ausbrüche wurde als lebensmittelbedingt übermittelt. Von den 8 Ausbrüchen ereigneten sich 7 in Privathaushalten, bei einem Ausbruch wurde als Infektionsumfeld »Freizeit« angegeben.

Abb. 6.70.3:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2023 (n = 1.936)
 Erkrankungen / 100.000 Einwohner



Datenqualität

Im Jahr 2023 wurde die RKI-Falldefinition für Yersiniosen und andere gastrointestinale Infektionen erweitert, so dass auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. PCR, als ein direkter labordiagnostischer Erregernachweis gilt. Als Nukleinsäurenachweis gilt der Nachweis eines Virulenzgens, z. B. *virF*-Gen oder *ail*-Gen, oder der Nachweis des Erregers mittels spezifischer PCR. Die Zunahme der Anwendung von sogenannten Multiplex-PCR-Panels für gastrointestinale Infektionen in Primärlaboren könnte die Datenqualität beeinflussen.

Fazit

Nach wie vor sind Kinder am häufigsten von einer Yersiniose betroffen. Vor allem in der Altersgruppe unter 5 Jahren gibt es große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern. Die Fallzahlen des Jahres 2023 lagen in etwa im Bereich der Pandemiejahre 2020 bis 2022.

Literaturhinweise

- Rosner BM, Stark K, Höhle M, Werber D: *Risk factors for sporadic Yersinia enterocolitica infections, Germany 2009 – 2010*. Epidemiol Infect 2012;140(10). <https://doi.org/10.1017/S0950268811002664>
- Rosner BM, Stark K, Werber D: *Epidemiology of reported Yersinia enterocolitica infections in Germany, 2001 – 2008*. BMC Public Health 2010;10. <https://doi.org/10.1186/1471-2458-10-337>
- 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;13. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-13-236>
- RKI: *Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland*. Epid Bull 2012;6.
- RKI: *RKI-Ratgeber*. 2019. www.rki.de/ratgeber

6.71 Zikavirus-Erkrankung



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 16
- Zunahme der übermittelten Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr

Kurzbeschreibung

Das Zikavirus wird vorwiegend von *Aedes-aegypti*-Mücken in vielen Ländern der Tropen und der tropennahen Subtropen übertragen. Auch die sexuelle Übertragung ist möglich. Seit 2015 kam es zu großen Ausbrüchen in vielen Ländern

Süd- und Mittelamerikas bis in die südlichen USA. Zikavirus kann eine akute Erkrankung verursachen, die meist nur mit mildem Fieber, Hautausschlag und Kopf- und Gliederschmerzen einhergeht. Viele Infektionen bleiben völlig asymptomatisch. Schwere Verläufe oder Todesfälle sind extrem selten. Durch Übertritt des Virus auf den Fötus, vor allem in der frühen Schwangerschaft, kann es zu schweren Fehlbildungen beim Kind kommen (z. B. Mikrozephalie). Die Prävention konzentriert sich deshalb darauf, die Infektion von Schwangeren zu verhindern. Ein Impfstoff ist nicht verfügbar.

Falldefinition

Seit dem 01.05.2016 besteht eine Meldepflicht für labordiagnostizierte akute Infektionen 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 oder klinisch-epidemiologisch bestätigt sind (s. Tab. 6.71.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2023 wurden 16 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2022: 10, 2021: 2). Die Inzidenz ist somit im Vergleich zum Vorjahr gestiegen und liegt bei unter 0,02 Erkrankungen/100.000 Einwohner.

Geografische Verteilung

Die meisten Zikavirus-Erkrankungen wurden aus Nordrhein-Westfalen (4 Fälle), Baden-Württemberg (3 Fälle) und Bayern (3 Fälle) übermittelt. Aus Berlin, Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Rheinland-Pfalz, Saarland und Schleswig-Holstein wurde jeweils ein Fall übermittelt. Die wahrscheinlichen Infektionsländer lagen 10-mal in Thailand und je einmal in Bolivien, Brasilien, Indonesien, Malediven, Tansania und Vietnam,

Demografische Verteilung

Von den Erkrankten waren 6 (38 %) Frauen und 10 (62 %) Männer. In der Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen traten

9 (56 %) Erkrankungen auf, davon waren 3 Frauen. In der Altersgruppe der 40- bis 69-Jährigen wurden 7 (44 %) Fälle diagnostiziert, davon waren 3 Frauen.

Klinische Aspekte

Von 14 Erkrankungen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus wurde bei 4 Erkrankungen (29 %) eine Hospitalisierung vermerkt.

Ausbrüche

Es wurden im Jahr 2023 keine Ausbrüche berichtet.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass neben asymptomatischen Infektionen auch Erkrankungen mit wenigen oder leichteren Symptomen ohne Labordiagnose und damit ohne Meldung blieben.

Fazit

Im Jahr 2023 wurden mehr Fälle von Zikavirus-Erkrankungen übermittelt als in den Vorjahren. Die Anzahl der Zikavirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark abhängig von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie Veränderungen der Reiseaktivität und schwankt daher von Jahr zu Jahr.

Literaturhinweise

- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. Epid Bull 2024;45. <https://doi.org/10.25646/12884>
- 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;8(4). <https://doi.org/10.15252/emmm.201506058>
- Gossner CM, Hallmaier-Wacker L, Briet O, et al.: *Arthropod-borne diseases among travellers arriving in Europe from Africa, 2015 to 2019*. Euro Surveill 2023;28(7). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.7.2200270>
- Wilking H, Faber M, Stark K, et al.: *Zikavirus-Infektionen: Tropische Krankheit mit Relevanz für Deutschland*. Dtsch Arztebl 2016;113(12).

Tab. 6.71.1:
Übermittelte Fälle von Zikavirus-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2022 und 2023

Kategorie	2022		2023	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	10	59 %	16	67 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3	18 %	7	29 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4	24 %	1	4 %
alle	17	100 %	24	100 %
Referenzdefinition (B+C)	10	59 %	16	67 %

6.72 Spezielle Krankheiten

6.72.1 Candida auris, invasive Infektion



- Fälle nach Referenzdefinition 2023: 7
- Einführung der Meldepflicht am 23.07.2023
- Überwiegend Männer betroffen
- Hohes Potenzial der Entwicklung von Ausbrüchen

Kurzbeschreibung

Candida auris (*C. auris*) ist ein Hefepilz der Gattung *Candida*. Sein Erstnachweis erfolgte 2009 in Japan, 2015 wurde er erstmalig in Deutschland nachgewiesen. Er hat sich in sehr kurzer Zeit mittlerweile fast weltweit verbreitet und ist in einigen Regionen (Indien, Südafrika, regional in Spanien und Italien) endemisch.

Sowohl eine Kolonisation als auch eine -zumeist nosokomiale- Infektion mit *C. auris* sind möglich. Im Gegensatz zu den in Deutschland am häufigsten vorkommenden *Candida*-Arten *C. albicans* und *C. glabrata* kann *C. auris* leicht durch Kontakt von Mensch zu Mensch oder über unbelebte Flächen übertragen werden. Es bestehen häufig multiple Resistenzen gegenüber Antimykotika. In der Regel betrifft dies Fluconazol, es können jedoch auch Resistenzen gegenüber weiteren Antimykotika (insbesondere Echinocandine) bestehen. Daher sind die möglichen Therapieoptionen oft eingeschränkt. Auch erhöhte Resistenzen gegenüber Desinfektionsmitteln werden beschrieben. Wegen dieser Eigenschaften besteht ein hohes Potenzial der Entwicklung von Ausbrüchen.

C. auris kann auf der Haut, Schleimhäuten, im Darm sowie im Harn- und Respirationstrakt vorkommen. Zumeist handelt es sich um eine Kolonisation insbesondere von Nase, Rachen, Achseln, Leiste oder rektal. Eine Infektion tritt primär bei Personen mit Vorerkrankungen oder Immunsuppression auf und führt zumeist zu einer invasiven Candidiasis, welche trotz Therapie eine hohe Mortalität aufweist. Das Spektrum der klinischen Manifestation ist breit und reicht von Wund- und Ohr-Infektionen bis zu Blutstrominfektionen.

Aufgrund seines hohen Potenzials zu invasiven Infektionen, Resistenzentwicklung und schwierigem klinischen Management wird *C. auris* von der WHO als Erreger höchster Priorität bewertet. Meldepflichtig gemäß § 7 IfSG ist der Nachweis von *C. auris* aus Blut und primär sterilen Materialien. Die Meldepflicht wurde zum 21.07.2023 eingeführt. Weiterhin sind die Nachweise von *C. auris* im Rahmen von Ausbrüchen nach § 6 IfSG meldepflichtig.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.72.1.1).

Tab. 6.72.1.1:
Übermittelte Fälle von invasiven *C. auris*-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 (Beginn der Meldepflicht: 21.07.2023)

2023		
Kategorie	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	2	29 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5	71 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %
alle	7	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	7	100 %

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden seit Beginn der Meldepflicht am 21.07.2023 insgesamt 7 Fälle mit invasiver *C. auris*-Infektion übermittelt. In 5 Fällen (71 %) handelte es sich um männliche und in 2 Fällen um weibliche Personen. Die betroffenen Personen lagen im Altersbereich von 30 bis 69 Jahren. Die Fälle wurden aus Berlin mit einer Inzidenz von 0,1 Fällen/100.000 Einwohner sowie Bayern, Niedersachsen, Baden-Württemberg und Nordrhein-Westfalen mit einer Inzidenz von unter 0,1 Fällen/100.000 Einwohner übermittelt. Eine Untererfassung der Fallzahlen ist möglich, da die Identifizierung von *C. auris* außerhalb von Speziallaboren durch MALDI-TOF erfolgen muss.

Es wurde kein Todesfall unter den 5 Fällen mit entsprechenden Angaben berichtet, welcher als direkte Folge der invasiven *C. auris*-Infektion eingeordnet wurde. Da die Personen häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist für den behandelnden Arzt nicht immer eindeutig abzugrenzen, ob die Person an oder mit der *C. auris*-Infektion verstorben ist.

Im Rahmen der Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 1 IfSG werden nur invasive *C. auris*-Infektionen übermittelt. Kolonisationen werden nicht erfasst, obwohl diese mit mindestens 75 % den weitaus größten Teil an *C. auris*-Nachweisen ausmachen. Aktuell werden diese nur bei nosokomialen Ausbrüchen gemäß § 6 Abs. 3 IfSG bzw. § 10 Abs. 1 IfSG (Hinweis auf im Rahmen des Ausbruches zu meldende Kolonisationen) gemeldet. Gemäß § 6 IfSG wurden innerhalb von Ausbrüchen insgesamt 48 Nachweise von *C. auris* gemeldet, welche mindestens vier unabhängigen Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden konnten. Drei Ausbrüche umfassten jeweils 2 oder 3 Fälle (in Niedersachsen, Bayern und Berlin). Der größte Ausbruch fand im Stadtkreis München statt. Erste Fälle wurden im August 2023 gemeldet. Bis Ende des Jahres lagen dort 40 gemeldete Fälle vor. Zumeist handelte es sich um Kolonisationen, in 6 Fällen lag eine Infektion vor.

Fazit

Bei *C. auris* handelt es sich um einen Erreger mit national und weltweit steigenden Fallzahlen und hohem Potenzial zur Entwicklung von Ausbrüchen, welche oft schwer zu handhaben sind. Er führt insbesondere bei Immunsupprimierten oder Personen mit schweren Vorerkrankungen häufig zu invasiven Infektionen. Da häufig multiple Resistenzen gegen alle relevanten Antimykotikaklassen bestehen, ist eine Infektion schwer zu behandeln und geht mit einer hohen Letalität einher. Aufgrund seiner leichten direkten Übertragbarkeit von Mensch zu Mensch, der Persistenz in der Krankenhausumgebung sowie einer darüber hinaus beschriebenen erhöhten Resistenz gegenüber Desinfektionsmitteln stellt er eine besondere Herausforderung im klinischen Setting dar. Daher ist eine frühzeitige und konsequente Implementation von Screenings und entsprechenden Hygienemaßnahmen bei Nachweis von *C. auris* eine wichtige Maßnahme gegen eine mögliche weitere Ausbreitung.

Literaturhinweise

- Aldejohann AM, Hecht J, Martin R, Walther G, Kurzai O: *Zunahme von Candida auris in Deutschland im Jahr 2023*. *Epid Bull* 2024;18. <https://doi.org/10.25646/12004>
- ECDC: *Candida auris in healthcare settings – Europe – first update, 23 April 2018*. Stockholm: ECDC; 2018. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RRA-Candida-auris-European-Union-countries.pdf>
- Plachouras D, Lötsch F, Kohlenberg A, Monnet DL: *Candida auris survey collaborative group. Candida auris: epidemiological situation, laboratory capacity and preparedness in the European Union and European Economic Area, January 2018 to May 2019*. *Euro Surveill*. 2020;25(12). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.12.2000240>
- Wagener J, Kurzai O: *Candida auris: Steckbrief eines neuen Pilzes*. *Dtsch Arztebl* 2019;116(29–30). <https://doi.org/10.3238/PersInfek.2019.07.22.01>
- WHO: *WHO fungal priority pathogens list to guide research, development and public health action*. Geneva: World Health Organization; 2022. <https://www.who.int/publications/i/item/9789240060241>

6.72.2 RSV-Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2023: 15.257
- ▶ Einführung der Meldepflicht gemäß IfSG § 7 Abs.1 am 21.07.2023
- ▶ Höchste wöchentliche Inzidenz in der 51. Meldewoche
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenz bei Säuglingen unter 1 Jahr

Kurzbeschreibung

Das Respiratorische Synzytial-Virus (RSV) ist ein weltweit verbreiteter Erreger akuter respiratorischer Erkrankungen in jedem Lebensalter und einer der bedeutendsten Erreger akuter Infektionen der unteren Atemwege, insbesondere bei Säuglingen und Kleinkindern. RSV wird hauptsächlich durch Tröpfcheninfektion von einer infizierten Person auf eine Kontaktperson übertragen. Eine RSV-Infektion kann das Symptomspektrum von einer einfachen Atemwegsinfektion bis zu einer schweren beatmungspflichtigen Erkrankung der unteren Atemwege zeigen oder auch asymptomatisch verlaufen. Die RSV-Inzidenz ist von November/Dezember bis März/April am höchsten (RSV-Erkrankungswelle bzw. RSV-Saison), in den übrigen Monaten kommen sporadische Infektionen vor. RSV-Infektionen werden seit vielen Jahren in der syndromischen und virologischen Sentinelsurveillance des RKI berücksichtigt.

Seit dem 21.7.2023 wird dem Gesundheitsamt gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 38a IfSG der direkte oder indirekte Nachweis von RSV, soweit er auf eine akute Infektion hinweist, namentlich gemeldet. Das Gesundheitsamt übermittelt gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde Erkrankungs- oder Todesfälle und Erregernachweise, die der Falldefinition gemäß § 11 Abs. 2 IfSG entsprechen.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2023 wurden seit Beginn der Meldepflicht am 21. Juli insgesamt 15.257 RSV-Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt (Tab. 6.71.2.1), was einer kumulativen Inzidenz von 18,1 RSV-Fällen pro 100.000 Einwohner entspricht.

Die Anzahl der übermittelten RSV-Fälle stieg ab der 41. Meldewoche (MW) mit 37 Fällen an und erreichte in der 51. MW mit 4.160 Fällen ihren Höhepunkt.

Von den übermittelten RSV-Fällen waren 8.007 (52 %) männlich, 7.169 (47 %) weiblich, bei 81 Fällen war das Geschlecht unbekannt. Die altersspezifische Inzidenz war bei Säuglingen unter 1 Jahr mit 698,6 pro 100.000 Einwohner am höchsten. Mit zunehmendem Alter nahm die Inzidenz bis zur Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen (1,7 pro 100.000 Einwohner) deutlich ab. Bei den älteren Erwachsenen ab 60 Jahren stieg die Inzidenz leicht an. In der Altersgruppe der über 79-Jährigen lag die Inzidenz bei 8,6 pro 100.000 Einwohner.

Die kumulativen Inzidenzen variierten je nach Bundesland zwischen 6,1 RSV-Fällen pro 100.000 Einwohner in Baden-Württemberg und 50,9 RSV-Fällen pro 100.000 Einwohner in Hamburg.

Im Jahr 2023 wurden 8 RSV-Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen pro Ausbruch übermittelt. Das am häufigsten betroffene Ausbruchsetting war Kita/Hort.

Insgesamt wurden 19 (0,1 %) Todesfälle mit RSV-Infektion übermittelt.

Tab. 6.71.2.1:
Übermittelte RSV-Fälle nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2023 (Beginn der Meldepflicht: 21.07.2023)

Kategorie	2023	
	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	196	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	8.645	57 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.058	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	5.358	35 %
alle	15.257	100 %
Referenzdefinition (B+C+D+E)	15.257	100 %

Fazit

Die Einführung der bundesweiten RSV-Meldepflicht ergänzt die Erfassung von RSV-Infektionen in Deutschland im Rahmen der Sentinelsurveillance und wird damit zukünftig auch regionale und lokale Auswertungen mit Berücksichtigung von RSV-Ausbrüchen ermöglichen. Seit Beginn der Meldepflicht am 21.07.2023 wurden im Jahr 2023 15.257 RSV-Fälle übermittelt. Die RSV-Inzidenz stieg im Herbst an und erreichte ihren Höhepunkt in der 51. MW 2023. Die altersspezifische Inzidenz der RSV-Fälle war bei Säuglingen unter 1 Jahr am höchsten. Mit zunehmendem Alter nahm die RSV-Inzidenz deutlich ab und stieg bei älteren Erwachsenen wieder leicht an. Die RSV-Meldedaten unterstützen damit Analysen zur Veränderung der Epidemiologie von RSV-Infektionen nach Einführung der neuen Empfehlungen zur aktiven bzw. passiven Impfung in Deutschland in den kommenden Jahren.

Literaturhinweise

AG Influenza: *ARE Wochenberichte der AG Influenza*. <https://influenza.rki.de/Wochenberichte.aspx>

Cai W, Dürrwald R, Biere B, et al.: *Determination of respiratory syncytial virus epidemic seasons by using 95% confidence interval of positivity rates, 2011–2021, Germany*. Influenza Other Respir Viruses. 2022;16(5). <https://doi.org/10.1111/irv.12996>

Cai W, Köndgen S, Tolksdorf K, et al.: *Atypical age distribution and high disease severity in children with RSV infections during two irregular epidemic seasons throughout the COVID-19 pandemic, Germany, 2021 to 2023*. Euro Surveill. 2024;29(13). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.13.2300465>

Cai W, Tolksdorf K, Reiche J, et al.: *Epidemiologische Situation der RSV-Infektionen auf Basis der Meldedaten für die erste Saison 2023/24 nach Einführung der RSV-Meldepflicht in Deutschland*. Epid Bull 2024;37. <https://doi.org/10.25646/12728>

ECDC: *The European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVISS)*. 2024. <https://erviss.org/>

Erdwiens A, Hackmann C, Tolksdorf K, et al.: *Virologische SARI-Surveillance – epidemiologische Auswertungen der Saison 2023/24*. Epid Bull 2024;38. <https://doi.org/10.25646/12766>

Falman A, Schönfeld V, Flasche S, et al.: *Beschluss und wissenschaftliche Begründung zur Empfehlung der STIKO für eine Standardimpfung gegen Erkrankungen durch Respiratorische Synzytial-Viren (RSV) für Personen ≥ 75 Jahre sowie zur Indikationsimpfung von Personen im Alter von 60 bis 74 Jahren mit Risikofaktoren*. Epid Bull 2024;32. <https://doi.org/10.25646/12470>

Koch J, Berner R, Flasche S, et al.: *Beschluss und wissenschaftliche Begründung zur Empfehlung der STIKO zur spezifischen Prophylaxe von RSV- Erkrankungen mit Nirsevimab bei Neugeborenen und Säuglingen in ihrer 1. RSV-Saison*. Epid Bull 2024;26. <https://doi.org/10.25646/12198>

RKI: *RKI-Ratgeber*. 2024. www.rki.de/ratgeber

Schilling J, Lehfeld AS, Cai W, Diercke M, Buda S: *Ausbrüche und Ausbruchsfälle mit COVID-19, Influenza und RSV-Infektionen – ein Rückblick auf die Saison 2023/24*. Epid Bull 2024;39. <https://doi.org/10.25646/12855>

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2023

Robert Koch-Institut, Berlin, 2025

Herausgeber

Robert Koch-Institut, Nordufer 20, 13353 Berlin

Internet: www.rki.de, E-Mail: zentrale@rki.de

Redaktion

Doris Altmann

Hermann Claus

Michaela Diercke

Timo Greiner

Maria Helmrich

Adine Marquis

Mirjam Rupprecht

Heike Schulze

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 2023, Berlin 2025

DOI 10.25646/13043

ISBN/DOI

ISBN 978-3-89606-333-5

DOI 10.25646/13043

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.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.