

Ermittlungsarbeit im Gesundheitsamt bei Fällen von Legionärskrankheit

Wenn die Infektionsquelle nicht gefunden werden kann – warum sich Ermittlungen trotzdem lohnen

Bei Fällen von Legionärskrankheit ermitteln Gesundheitsämter mögliche Infektionsquellen, zu denen der Patient/die Patientin im Zeitraum der wahrscheinlichen Ansteckung (2–10 Tage vor Erkrankungsbeginn) exponiert war. Ein detaillierter Ablaufplan zur Bearbeitung solcher Fälle ist im [Leitfaden für Gesundheitsämter](#) auf den Seiten des Robert Koch-Instituts festgehalten.

Viele Gesundheitsämter engagieren sich, damit sowohl bei der erkrankten Person als auch bei den möglichen Infektionsquellen weiterführende Laboruntersuchungen durchgeführt werden, die zu einem Nachweis der Infektionsquelle führen sollen. Diese ist u. a. dann mit hoher Wahrscheinlichkeit die verursachende Infektionsquelle, wenn sowohl aus Proben von der Wasserquelle als auch von der erkrankten Person auf molekularer Ebene (z. B. Sequenztyp [[s. Infobox](#)]) identische Stämme nachgewiesen werden können. Ein solcher Nachweis gelingt jedoch nur selten. Dennoch sind Ermittlungen keineswegs „umsonst“. Es ist für Gesundheitsämter wichtig zu wissen, dass die durchgeführten Ermittlungen von großem praktischem Nutzen sein können, insbesondere wenn die vorrangigen Ziele bei der Ermittlung von Fällen von Legionärskrankheit bedacht werden:

Das prioritäre Ziel ist die Erkennung von Infektionsquellen mit einem erhöhten Risiko für das Auftreten von Legionärskrankheit. Hierdurch können – im Sinne einer effektiven Sekundärprävention – zukünftige Fälle vermieden werden. Von einem erhöhten Erkrankungsrisiko für zukünftige Fälle durch eine Wasserquelle ist auszugehen, wenn:

- ▶ die mögliche Infektionsquelle bereits mit Fällen von Legionärskrankheit assoziiert war (je mehr vorherige Fälle, desto höher ist das Risiko) und/oder

- ▶ bei ihr virulenzassoziierte – d. h. monoklonale Antikörper-(MAB-)3/1-positive – Legionellen in mindestens einer Wasserprobe nachgewiesen wurden ([s. Tab. 1](#) und [Infobox](#)).

Die Bedeutung eines erhöhten Risikos nach Auftreten eines früheren, mit derselben Infektionsquelle assoziierten Falles gilt generell, wurde aber besonders gut bei reiseassoziierten Fällen dokumentiert. So war das Risiko des Auftretens eines erneuten Falles in Reiseunterkünften, die zuvor schon einmal mit einem oder mehreren Fällen assoziiert waren, mehr als fünfmal so hoch wie bei Unterkünften, die noch nie im Zusammenhang mit Erkrankungsfällen aufgefallen waren.¹ Darüber hinaus wurde aus den Ergebnissen der von 2016–2020 in Berlin durchgeführten LeTriWa-Studie ([LeTriWa, Legionellen in der Trinkwasser-Installation](#)) deutlich, dass bei Trinkwasserinstallationen (TWI), in denen sich MAB 3/1-positive Stämme befinden, von einem signifikant erhöhten Risiko für das Auftreten von Erkrankungsfällen auszugehen ist.^{2–4} Außerdem wurden in etwa 75 % der TWI an mehreren Stellen MAB 3/1-positive Stämme gefunden, d. h. es sollte deshalb beim Nachweis eines MAB 3/1-positiven Stammes an beliebiger Stelle in der TWI die gesamte TWI als kontaminiert gelten und begutachtet werden.⁵

Weiter führt der Leitfaden aus, dass „bei solchen Infektionsquellen, ... – unabhängig von der gefundenen Legionellenkonzentration, die auch unterhalb des technischen Maßnahmenwertes von 100 KBE*/100 ml liegen kann – mindestens eine weitergehende Untersuchung veranlasst werden [sollte]. Es sollte das Ziel sein, die TWI so sicher zu machen, dass von ihr kein weiteres Risiko ausgeht. Vor diesem

* koloniebildende Einheiten

INFOBOX

Atemwegsproben

Bei Atemwegsproben unterscheidet man Proben vom oberen und unteren Atemwegstrakt. Proben aus dem oberen Atemwegstrakt sind z. B. Abstriche aus der Nase oder vom Rachen. Proben unterhalb des Kehlkopfes stammen aus dem unteren Atemwegstrakt. Dazu gehören ausgehustetes Sputum, Trachealsekret, Bronchialsekret und eine bronchoalveoläre Lavage (BAL). Bei letzterer wird bei einem/einer beatmeten Patienten oder Patientin etwas sterile Flüssigkeit in die Bronchien verabreicht und sofort wieder abgesaugt. Die BAL ist vom Material her die beste verfügbare Atemwegsprobe mit der höchsten Chance zur Identifizierung eines evtl. vorhandenen Erregers. In der weiteren Reihenfolge stehen Bronchialsekret, Trachealsekret, Sputum. Wichtig zu wissen ist, dass aus Atemwegsproben auch dann manchmal noch der Sequenztyp bestimmt werden kann, wenn die Probe einige Tage nach Beginn der Antibiotikatherapie entnommen wird.

MAB 3/1-positive Stämme

Monoklonale Antikörper (MAB) erkennen gezielt spezifische Antigene auf der Oberfläche von *Legionella pneumophila*. Sie werden gemäß dem sogenannten Dresdner Panel eingeteilt.⁶ MAB-(Sub-)Typen können sowohl aus Urin als auch aus einer Kultur bestimmt werden. Bei Diagnose einer Legionärskrankheit kann die Abnahme einer Patientenprobe (am besten Urin und Atemwegsprobe) zur Identifikation des MAB-Subtyps und ggf. des Sequenztyps (am Konsiliarlabor für Legionellen) auch dann noch zielführend sein, wenn eine Antibiotika-

therapie bereits begonnen wurde. Eine Übereinstimmung zweier Stämme bzgl. des MAB-Subtyps des Patienten bzw. der Patientin und aus einer potenziellen Infektionsquelle beweist jedoch nicht, dass es sich dabei auch tatsächlich um die ursächliche Infektionsquelle handelt, unterstützt aber eine solche Annahme. MAB 3/1-positive Stämme gelten als virulenzassoziiert und dafür gibt es eine epidemiologisch starke Evidenz: So gut wie alle Ausbrüche von Legionärskrankheit wurden von MAB 3/1-positiven Stämmen verursacht⁷ und es wurde auch für sporadische Fälle ambulant erworbener Legionärskrankheit gezeigt, dass sie signifikant mit der Anwesenheit MAB 3/1-positiver Stämme assoziiert sind.⁴ Daher gelten Gebäude, bei denen im Trinkwasser MAB 3/1-positive Stämme gefunden werden, als „Risikogebäude“. Zu den MAB 3/1-positiven Subtypen zählen Knoxville, Philadelphia, Allentown/France und Benidorm.

Sequenztyp

Bei Legionellen wurden sieben Allele definiert, deren An- bzw. Abwesenheit bei Legionellenstämmen dazu genutzt werden, bestimmte Sequenztypen (ST) zu differenzieren.⁸ Sie werden mittels einer Nummer benannt, z. B. ST₁₃₅₃. Sequenztypen sind hauptsächlich aus einer Legionellenkultur bestimmbar, selten auch mittels Polymerase-Kettenreaktion (PCR). Für beides muss eine gute Atemwegsprobe vorliegen. Sollte der gleiche Sequenztyp bei Patientin/Patient und möglicher Infektionsquelle gefunden werden, so ist die Wahrscheinlichkeit sehr hoch, dass ein Zusammenhang vorliegt.

Hintergrund ist die umfassende Untersuchung möglicher Infektionsquellen auf Legionellen und – sofern *Legionella pneumophila* Serogruppe 1 identifiziert werden konnte – die weiterführende MAB-Typisierung von zentraler Bedeutung, auch wenn beim Patienten bzw. bei der Patientin nur ein Urin-Antigentest durchgeführt wurde und somit kein Stammabgleich auf genomischer Ebene möglich ist.“

Die zweite Priorität hat die Identifizierung des MAB-Subtyps und – falls möglich – des Sequenztyps beim Patienten bzw. bei der Patientin (s. Tab. 1). Es

ist wichtig zu wissen, welche MAB-Subtypen bzw. welche Sequenztypen übergreifend in Deutschland eine Rolle spielen und welche MAB-Subtypen lokal/regional von besonderer Bedeutung sind. Darüber hinaus ist auch die Kenntnis des MAB-Typs oder des Sequenztyps beim einzelnen Patienten bzw. bei der einzelnen Patientin von Bedeutung, falls es in Zukunft weitere Fälle gibt, die mit derselben Infektionsquelle im Zusammenhang stehen. Dann würde der gleiche MAB- oder Sequenztyp die Annahme unterstützen, dass die Fälle demselben Geschehen zuzuordnen sind. Daher ist es wichtig, sofort nach Meldung eines Falles das Labor bzw. das Kranken-

Ziele	Probe von Patient/Patientin	Wasserprobe(n) von potenzieller Infektionsquelle	Handlungskonsequenz
Erste Priorität: Erkennung von potenziellen Infektionsquellen mit einem erhöhten Risiko für das Auftreten von Legionärskrankheit	► Nicht notwendig zur Zielerreichung	► Kein Cluster* liegt vor: Wasserprobe notwendig ► Bei Cluster:* Wasserprobe unterstützend	► Weitergehende Untersuchung, Risikoabschätzung (Gefährdungsanalyse), ggf. Sanierung
Zweite Priorität: Identifizierung des MAb-Subtyps und – falls möglich – des Sequenztyps beim Patienten bzw. bei der Patientin	► Urin: MAb-Subtyp ► Atemwegsprobe: MAb-Subtyp, Sequenztyp	► Nicht notwendig zur Zielerreichung	► Ggf. Stammvergleich mit anderen Fallpatienten/-patientinnen
Dritte Priorität: Identifikation der Infektionsquelle	► Notwendig	► Notwendig	► Weitergehende Untersuchung, Risikoabschätzung (Gefährdungsanalyse), ggf. Sanierung

Tab. 1 | Ziele und Prioritäten bei der Ermittlung von Fällen mit Legionärskrankheit und für die Zielerreichung notwendiges Probenmaterial.

* Ein Cluster liegt vor, wenn mindestens zwei Fälle innerhalb von zwei Jahren mit derselben potenziellen Infektionsquelle assoziiert waren.
MAb = monoklonale Antikörper

haus zu kontaktieren, damit die Urinprobe der Fallperson zurückbehalten werden kann. Die noch vorhandene positive Urinprobe sollte vom Primärlabor zur Bestätigung an das Konsiliarlabor für Legionellen (KL) in Dresden gesendet werden. Aus dem Urin lässt sich zwar kein Sequenztyp bestimmen, jedoch ist – sofern genügend Antigen im Urin vorhanden ist – die Bestimmung des MAb-Subtyps möglich. Dafür ist die ursprüngliche, zur Diagnose führende Urinprobe am besten geeignet und sollte nach Möglichkeit immer an das KL geschickt werden. Ferner sollte so rasch wie möglich auch eine tiefe Atemwegsprobe genommen und an das KL geschickt werden (vorzugsweise eine bronchoalveoläre Lavage, die besser geeignet ist als Tracheal- oder Bronchialsekret, welches wiederum besser ist als Sputum; siehe Infobox). Im KL kann die Diagnose gesichert sowie der MAb-Typ und bestenfalls der Sequenztyp bestimmt werden. Sollte bereits eine Antibiose begonnen worden sein, sollte dennoch eine tiefe Atemwegsprobe abgenommen werden, da zusätzliche oder nochmalige Urin- bzw. Atemwegsproben bis zu mehrere Tage nach Beginn einer Antibiotikabehandlung aussagekräftig sein können (LeTriWa-Studie und Daten aus dem KL für Legionellen, nicht veröffentlicht).

Die dritte Priorität ist die Identifikation der Infektionsquelle. Diese erfolgt – wie oben bereits erwähnt – durch Stammabgleich aus einer klinischen Probe der Patientin/des Patienten mit einer vermuteten Wasserquelle. Aus verschiedenen Gründen gelingt

dies nur in einem Teil der Fälle, u. a. weil die Patientenprobe fehlt oder weil es nicht möglich ist, Wasserproben zu gewinnen. Manchmal kommen auch so viele Infektionsquellen in Frage, dass nicht alle beprobt werden können. Letztlich leitet sich jedoch dieselbe Konsequenz ab, die schon im ersten Ziel genannt wurde und alleine aus der Kenntnis des im Wasser vorliegenden Stammes resultiert: die technische Begutachtung und fachliche Einschätzung der potenziellen Infektionsquelle mit dem Ziel, evtl. bestehende Schwachstellen erkennen und beseitigen zu können, um so das Risiko für das Auftreten zukünftiger Fälle von Legionärskrankheit zu senken.

Literatur

- 1 Buchholz U, Brodhun B, Lehfeld AS (2024) Incidence of Legionnaires' Disease among Travelers Visiting Hotels in Germany, 2015–2019. *Emerging infectious diseases* 30(1):13–19
- 2 Buchholz U, Jahn HJ, Brodhun B et al. (2020) Source attribution of community-acquired cases of Legionnaires' disease-results from the German LeTriWa study; Berlin, 2016-2019. *PLoS One* 15:e0241724
- 3 Buchholz U, Lehfeld A-S, Jahn HJ et al. (2022) Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016–2020 – Teil 1 (Studienmethodik)
- 4 Lehfeld A-S, Buchholz U, Jahn H et al. (2022) Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016 – 2020 – Teil 2 (Ergebnisse und Diskussion). *Epid Bull* 2022;28:3-16
- 5 Reber F, Jahn HJ, Lewandowsky MM et al. (2023) Häusliche Trinkwasser-Installation von Fällen mit Legionärskrankheit: Effizient ermitteln – systemisch sanieren. *Epid Bull* 2023;40:3-14
- 6 Helbig JH, Jacobs E, Luck C (2012) Legionella pneumophila urinary antigen subtyping using monoclonal antibodies as a tool for epidemiological investigations. *European journal of clinical microbiology & infectious diseases: official publication of the European Society of Clinical Microbiology* 31(7):1673–1677
- 7 Lück C (2019) Legionellose Diagnostik – Update 2019. *Der Mikrobiologie* 29 (4):109–114
- 8 Gaia V, Fry NK, Afshar B et al. (2005) Consensus sequence-based scheme for epidemiological typing of clinical and environmental isolates of Legionella pneumophila. *J Clin Microbiol* 43(5):2047–2052

Autorinnen und Autoren

Dr. Udo Buchholz | Ann-Sophie Lehfeld |
Dr. Bonita Brodhun

Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie,
FG 36 Respiratorisch übertragbare Erkrankungen

Korrespondenz: BuchholzU@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autorinnen und Autoren geben an, dass keine Interessenskonflikte bestehen.

Vorgeschlagene Zitierweise

Buchholz U, Lehfeld AS, Brodhun B: Ermittlungsarbeit im Gesundheitsamt bei Fällen von Legionärskrankheit: Wenn die Infektionsquelle nicht gefunden werden kann – warum sich Ermittlungen trotzdem lohnen

Epid Bull 2025;49:4-7 | DOI 10.25646/13548

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)