

**Infektionsepidemiologisches  
Jahrbuch meldepflichtiger  
Krankheiten für 2024**



**Infektionsepidemiologisches  
Jahrbuch meldepflichtiger  
Krankheiten für 2024**

Datenstand: 1. März 2025

## Vorwort

Ein moderner Infektionsschutz beruht mehr denn je auf der Kombination verschiedener Ansätze: klassische Meldedaten auf digitaler Grundlage, innovative Surveillance-Instrumente wie die genomische Surveillance, internationale Kooperation und die kontinuierliche Einbindung neuer wissenschaftlicher Erkenntnisse.

Das Infektionsepidemiologische Jahrbuch 2024 gibt unter Berücksichtigung der oben genannten Komponenten einen umfassenden Überblick über die meldepflichtigen Infektionskrankheiten in Deutschland. Es schafft eine strukturierte Gesamtschau über die epidemiologische Situation wichtiger Infektionskrankheiten, die sowohl für den Öffentlichen Gesundheitsdienst als auch für wissenschaftliche Analysen eine wertvolle Ergänzung darstellt.

Das Jahr 2024 war in vielerlei Hinsicht von einer zunehmenden Normalisierung nach der COVID-19-Pandemie geprägt. Gleichwohl zeigte sich deutlich, dass die Herausforderungen im Infektionsschutz vielfältig bleiben. Atemwegsinfektionen wie Influenza und RSV-Infektionen verursachten erhebliche saisonale Krankheitslasten. Zudem verzeichnete Deutschland einen deutlichen Anstieg der Fallzahlen von z. B. Keuchhusten und Masern – Entwicklungen, die den hohen Stellenwert von Impfprogrammen verdeutlichen.

Besondere Aufmerksamkeit erforderten Infektionserreger mit Resistenzen. Neben der nach wie vor bestehenden Bedrohung durch multiresistente Tuberkulose (RR-/MDR-TB) stand die seit 2023 erstmalig meldepflichtige Hefe *Candidozyma auris* im Fokus. Diese Erreger machen deut-

lich, wie dringend die Entwicklung neuer antimikrobieller Substanzen ist – ein Feld, das international jedoch weiterhin von großen wissenschaftlichen und ökonomischen Hürden geprägt ist.

Durch Weiterentwicklungen in der Diagnostik werden zunehmend Multiplex-Verfahren eingesetzt und dadurch teilweise mehr Erreger nachgewiesen, was wiederum zu einem Anstieg der Fallzahlen führt. Die andere Seite der Medaille ist, dass dadurch andere Labormethoden seltener durchgeführt werden und weniger Isolate für eine weiterführende Diagnostik zur Verfügung stehen. Aber gerade die integrierte genomische Surveillance (IGS), in deren Rahmen molekulare Daten und epidemiologische Analysen enger verknüpft werden sollen und die immer mehr an Bedeutung für die Erkennung von Ausbruchsgeschehen gewinnt, benötigt ausreichend Erregerisolate – eine Herausforderung, die es durch enge Zusammenarbeit aller Akteure im Meldewesen zu bewältigen gilt.

Mein Dank gilt allen Ärztinnen und Ärzten, Laboren, Gesundheitsämtern, Landesbehörden und den Mitarbeitenden des Robert Koch-Instituts, die durch ihre Arbeit die Grundlage für die Surveillance von Infektionskrankheiten in Deutschland schaffen. Dieses Jahrbuch ist Ausdruck ihres Engagements für die öffentliche Gesundheit und ein wichtiger Baustein, um auch zukünftigen Herausforderungen im Infektionsschutz begegnen zu können.

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

## Inhalt

<b>Vorwort</b> .....	<b>3</b>
<b>Autorinnen und Autoren</b> .....	<b>6</b>
<b>Weitere beteiligte Personen</b> .....	<b>6</b>
<b>Abkürzungen</b> .....	<b>7</b>
<b>1 Zusammenfassung</b> .....	<b>8</b>
<b>Executive Summary</b> .....	<b>9</b>
<b>2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten</b> .....	<b>10</b>
2.1 Gesetzliche Grundlagen .....	10
2.2 Datengrundlage .....	16
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten .....	21
<b>3 Datenqualität</b> .....	<b>22</b>
3.1 EDV-technische Unterstützung .....	22
3.2 Sicherung der Datenqualität .....	22
3.3 Vollzähligkeit der Erfassung .....	23
3.4 Vollständigkeit der Datensätze .....	25
3.5 Zeitnähe .....	26
<b>4 Krankheitsübergreifende Auswertung</b> .....	<b>28</b>
4.1 Inzidenzen .....	28
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten .....	28
4.3 Klinische Aspekte .....	31
<b>5 Ausbrüche</b> .....	<b>34</b>
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche .....	34
5.2 Gruppen von Ausbrüchen .....	36
<b>6 Spezielle Krankheiten</b> .....	<b>41</b>
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 .....	47
6.4 Bornavirus-Erkrankung .....	49
6.5 Botulismus .....	50
6.6 Brucellose .....	51
6.7 <i>Campylobacter</i> -Enteritis .....	52
6.8 <i>Candidozyma auris</i> , invasive Infektion .....	56
6.9 Chikungunyavirus-Erkrankung .....	58
6.10 Cholera .....	59
6.11 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit) .....	60
6.12 <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform .....	63
6.13 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) .....	67
6.14 Denguefieber .....	71
6.15 Diphtherie .....	73
6.16 Echinokokkose .....	76
6.17 EHEC-Erkrankung .....	79
6.18 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) .....	82
6.19 Fleckfieber .....	86
6.20 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) und verwandte Virusenzephalitiden (TBE, tick-borne encephalitis) ....	86

6.21	Giardiasis	90
6.22	Gonorrhö – <i>Neisseria gonorrhoeae</i> mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon	93
6.23	<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	96
6.24	Hantavirus-Erkrankung	100
6.25	Hepatitis A	103
6.26	Hepatitis B	107
6.27	Hepatitis C	113
6.28	Hepatitis D	118
6.29	Hepatitis E	119
6.30	HIV-Infektion	122
6.31	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	127
6.32	Influenza	130
6.33	Keuchhusten	139
6.34	Kryptosporidiose	144
6.35	Läuserückfallfieber	147
6.36	Legionellose	147
6.37	Lepra	153
6.38	Leptospirose	153
6.39	Listeriose	156
6.40	Malaria	159
6.41	Masern	162
6.42	Meningokokken, invasive Infektion	168
6.43	Middle East Respiratory Syndrome (MERS)	173
6.44	Milzbrand	174
6.45	Mpox	175
6.46	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	176
6.47	Mumps	179
6.48	Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektion	183
6.49	Norovirus-Gastroenteritis	185
6.50	Ornithose	188
6.51	Orthopocken	189
6.52	Paratyphus	190
6.53	Pest	191
6.54	Pneumokokken, invasive Infektion	192
6.55	Poliomyelitis	196
6.56	Q-Fieber	197
6.57	Rotavirus-Gastroenteritis	200
6.58	Röteln	204
6.59	RSV-Infektion	207
6.60	Salmonellose	211
6.61	Shigellose	215
6.62	Syphilis	218
6.63	Tollwut	222
6.64	Toxoplasmose, konnatale Infektion	223
6.65	Trichinellose	224
6.66	Tuberkulose	225
6.67	Tularämie	229
6.68	Typhus abdominalis	232
6.69	Virale Hämorrhagische Fieber	233
6.70	West-Nil-Fieber	236
6.71	Windpocken	237
6.72	Yersiniose	242
6.73	Zikavirus-Erkrankung	245
	<b>Impressum</b>	<b>247</b>

## 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  
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  
Katrin Rothe  
Dunja Said  
Navina Sarma  
Julia Schilling  
Johanna Schlaberg  
Nicole Schmidt  
Lena Schneider  
Viktoria Schönfeld  
Regina Selb  
Claudia Siffczyk  
Regina Singer  
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 Spiolek  
Ita Stroetmann  
Paulina vom Felde genannt Imbusch  
Christian Wittke

## Abkürzungen

Abs.	Absatz
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.	Einwohnerinnen und 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 Corona Virus 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 Jahr 2024 standen erneut respiratorisch übertragbare Infektionen im Vordergrund. Die Zahl der übermittelten **COVID-19-Fälle** ging mit über 250.000 Fällen zurück und lag damit deutlich unter den Vorjahreswerten. Dies lag unter anderem am Rückgang der Testungen auf SARS-CoV-2. Dabei ist zu berücksichtigen, dass die Meldedaten den zeitlichen Verlauf der Erkrankungswellen gut abbilden, jedoch nicht das gesamte Infektionsgeschehen erfassen. Für die Gesamtbewertung werden daher zusätzlich etablierte Surveillancesysteme wie die syndromische und virologische Sentinelsurveillance akuter Atemwegserkrankungen herangezogen.

Im Jahr 2024 zeigte sich wieder eine erhöhte Zirkulation von **Influenzaviren** – ähnlich wie im Jahr 2022 und in vorpandemischen Jahren, wobei über 218.000 Fälle übermittelt wurden und damit mehr als doppelt so viele wie im Jahr 2023. Nach Einführung der Meldepflicht im Juli 2023 lagen im Jahr 2024 erstmals Meldedaten zu Infektionen mit **Respiratorischen Synzytial-Viren (RSV)** für ein vollständiges Kalenderjahr vor; insgesamt wurden rund 46.500 Fälle übermittelt.

Weitere impfpräventable Krankheiten sind ebenfalls weiter von Bedeutung, wobei die meisten Fälle bei nicht geimpften Personen auftreten. Die Fallzahl von **Invasiven Pneumokokken-Infektionen** stieg 2024 mit fast 8.600 Fällen im Vergleich zum Vorjahr deutlich an. Bei den **Masern** kam es mit 645 Fällen zu einem deutlichen Anstieg im Vergleich zu 2023 (0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Damit wurde u. a. die von der WHO empfohlene Indikatorinzidenz von  $< 0,1$  pro 100.000 Einwohner, die als Nachweis erfolgreicher Schritte hin zur Elimination gilt, verfehlt. Im Jahr 2024 gab es einen Ausbruch mit respiratorischer **Diphtherie** in einer Familie (2 Fälle), bei der ein Kind verstarb. Dies war das erste Mal seit vier Jahrzehnten, dass innerhalb Deutschlands die autochthone Übertragung von respiratorischer Diphtherie nachgewiesen wurde. Bemerkenswert war zudem der starke Anstieg an **Keuchhusten-Fällen**. Mit über 25.000 Fällen war dies die höchste Fallzahl seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013.

Unter den sexuell und durch Blut übertragbaren Infektionen zeigten sich weiterhin steigende Tendenzen. Für **Neisseria gonorrhoeae** mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon wurden erstmals über 1.100 Fälle übermittelt. Auch **Syphilis** blieb auf einem hohen Niveau. Für **Hepatitis B und C** wurden ähnlich wie im Vorjahr vergleichbare Fallzahlen übermittelt, wobei ein erheblicher Teil der Fälle chronische Verläufe betraf. **HIV-Neudiagnosen** bewegten sich ebenfalls auf einem gleichbleibend hohen Niveau, was die Bedeutung frühzeitiger Testangebote und einer konsequenten Therapie verdeutlicht. Auch **Mpox** trat mit 275 Fällen häufiger als im Vorjahr auf.

Im Bereich der gastrointestinalen Infektionen kam es bei mehreren Erregern zu deutlichen Zunahmen. Für **enterohämorrhagische Escherichia coli (EHEC)** wurden über 4.500 Fälle übermittelt, die bislang höchste Zahl seit Einführung der Meldepflicht. Auch die Zahl der Shigellosen nahm weiter zu und überschritt mit mehr als 2.200 Fällen den Vorjahreswert deutlich. Bei den bakteriellen Gastroenteritiden kann das u. a. auf die Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 und den vermehrten Einsatz von Multiplex-PCR-Verfahren zurückgeführt werden. **Kryptosporidien-Infektionen** erreichten mit rund 3.300 Fällen die bislang höchste Fallzahl. **Campylobacter-Enteritiden** wurden mit knapp 46.000 Fällen erneut am häufigsten unter den bakteriellen Durchfallkrankheiten registriert. Der seit 2016 beobachtete Rückgang der Fallzahlen setzte sich damit nicht fort; die Zahlen lagen jedoch weiterhin unter dem Niveau der Jahre vor der COVID-19-Pandemie.

Reiseassoziierte Infektionen nahmen 2024 wieder deutlich zu. Für **Denguefieber** wurden über 1.700 Erkrankungen übermittelt, mehr als je zuvor seit Beginn der Meldepflicht. Die Fallzahlen spiegeln weltweite Ausbruchsgeschehen und eine Zunahme der Reisetätigkeit wider; da geeignete Vektoren auch in Deutschland vorkommen, bleibt die weitere Entwicklung aufmerksam zu beobachten. Auch **Malaria** mit mehr als 900 Fällen nahm zu.

In Deutschland durch Vektoren übertragene Krankheiten nahmen ebenfalls zu, u. a. die **FSME-Fallzahlen** mit fast 700 Fällen und die höchste bisher registrierte Anzahl von autochthonen **West-Nil-Fieber-Fällen** ( $n = 35$ ).

Unter den weiteren bakteriellen und invasiven Infektionen ist insbesondere die Zunahme der **Legionellose** hervorzuheben, für die mit über 2.200 Fällen der höchste bisher erfasste Wert erreicht wurde. Sich verändernde Umwelt- und Klimabedingungen sowie veränderte diagnostische Verfahren, insbesondere Multiplex-Testungen, könnten auch hier zu höheren Fallzahlen beigetragen haben.

Antimikrobielle Resistenzen (AMR) spielen weiterhin eine wichtige Rolle. Nach Jahren rückgängiger Fallzahlen zeigte sich bei invasiven **MRSA-Infektionen** im Jahr 2024 ebenso wie im Jahr 2023 ein leichter Anstieg der Fallzahlen. Für Infektionen und Kolonisationen durch **Enterobacterales** mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante wurden 2024 ebenfalls mehr Fälle als im Vorjahr übermittelt, das bisher höchste Niveau seit Einführung der Meldepflicht. Hierbei könnte bei einem Teil des Anstiegs die medizinische Versorgung von Kriegsverletzten und Geflüchteten aus der Ukraine eine Rolle gespielt haben.

Nach Einführung der Meldepflicht Mitte 2023 stehen für invasive **Candidozyma-auris-Infektionen** erstmals Daten für ein ganzes Jahr zur Verfügung. Im Jahr 2024 wurden 20 Fälle übermittelt.

## 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).

In 2024, respiratory infectious diseases were once again at the forefront. The number of reported **COVID-19** cases declined to around 250,000, which was significantly lower than in the previous year. This was due, in part, to the decline in SARS-CoV-2 testing. In this respect, it should be noted that the reported data accurately reflect the temporal progression of disease waves, but do not capture the entire infection event. To estimate all COVID-19 infections (beyond those reported) additional established surveillance systems, such as syndromic and virologic sentinel surveillance systems, were employed.

In 2024, there was again an increase in the circulation of influenza viruses – similar to 2022 and the pre-pandemic years, with over 218,000 cases reported, more than twice as many as in 2023. In July 2023 mandatory reporting for **respiratory syncytial virus (RSV) infections** was introduced and 2024 represented the first full-calendar year of reported data on these infections, in which a total of around 46,500 cases were reported.

Vaccine-preventable infectious diseases continue to be of importance, with the majority of cases occurring in unvaccinated individuals. The number of **invasive pneumococcal infections** rose significantly to almost 8,600 cases in 2024. **Measles** cases saw a significant increase in 2024 as compared to 2023, with a total of 645 reported cases (0.8 cases per 100,000 inhabitants). Thus, the WHO-recommended indicator incidence of < 0.1 per 100,000 inhabitants, which is considered evidence of successful action towards elimination, was not achieved. In 2024, there was an outbreak of respiratory **diphtheria** in one family (2 cases), in which one child died. This was the first time in four decades that autochthonous transmission of respiratory diphtheria has been detected in Germany. The sharp increase in reported cases of **pertussis** (whooping cough) was also noteworthy, with over 25,000 cases - the highest number since reporting became mandatory in 2013.

Sexually transmitted and blood-borne infections continued to demonstrate an upward trend. In 2024, more than 1,100 cases of *Neisseria gonorrhoeae* with reduced sensitivity to azithromycin, cefixime, or ceftriaxone were reported for the first time. **Syphilis** also remained at a high level and similar to 2023, comparable numbers of cases were reported for **hepatitis B and C**, with a significant proportion involving chronic progression. New **HIV** diagnoses also remained at consistently high levels, highlighting the importance of early testing and ongoing treatment. **Mpox** was also frequently reported, with 275 cases.

Among gastrointestinal infections, there were significant increases in several pathogens. More than 4,500 cases of **enterohaemorrhagic Escherichia coli (EHEC)** were reported, marking the highest number since mandatory reporting was introduced. The number of **shigellosis** cases also continued to rise, exceeding the previous year's total by more than 2,200 cases. In the case of bacterial gastroenteritis, an observed rise in reported cases can be attributed, in part, to a change in the case definition in 2023 and the increased use of multiplex PCR methods. **Cryptosporidium infections** reached the highest number of cases to date, at around 3,300. **Campylobacter enteritis** remained the most frequently reported bacterial diarrheal disease, with just under 46,000 cases. The decline in case numbers observed since 2016 did not continue, although the figures remained lower than those seen in the years prior to the COVID-19 pandemic.

In 2024, travel-associated infections again increased significantly. More than 1,700 cases of **dengue fever** were reported, the highest number since reporting became mandatory. These case numbers reflect global outbreaks and increased travel, with suitable vectors also present in Germany. Further developments must be closely monitored. **Malaria** also increased, with more than 900 cases reported.

Vector-borne diseases also increased in Germany, including cases of **tick-borne encephalitis (TBE)**, with almost 700 reported, and the highest number of autochthonous **West Nile fever** cases ever recorded (n = 35).

Among other bacterial and invasive infections, the increase in **Legionnaires' disease** is particularly noteworthy, with over 2,200 cases, the highest number recorded to date. Changing environmental and climatic conditions, along with shifts in diagnostic procedures, particularly multiplex testing, may also have contributed to higher case numbers in this area.

Antimicrobial resistance (AMR) continues to play an important role. After years of declining case numbers, 2024 saw a slight increase in the number of **invasive MRSA infections**, similar to 2023. In 2024, more cases of infections and colonizations by **Enterobacterales** with reduced sensitivity to carbapenems or with evidence of a carbapenemase determinant were reported than in the previous year, marking the highest level since the introduction of mandatory reporting. Medical care for war-wounded individuals and refugees from Ukraine may have contributed to part of this increase.

Following the introduction of mandatory reporting in mid-2023, data on invasive **Candidozyma auris infections** is now available for a full year for the first time.

## 2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten

### 2.1 Gesetzliche Grundlagen

#### Infektionsschutzgesetz

Das Infektionsschutzgesetz (IfSG) ist am 01.01.2001 in Kraft getreten und 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 ein elektronisches Melde- und Informationssystem und ist damit u. a. gesetzliche Grundlage 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-Choleravibrionen. Ebenso muss dem Gesundheitsamt gemeldet werden, wenn Personen an einer subakuten sklerosierenden Panenzephalitis infolge einer Maserninfektion erkranken oder versterben. Nichtnamentlich an das RKI muss seitdem 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 weiterer Anpassungen des IfSG im Rahmen der COVID-19-Pandemie wurde durch das Gesetz zur Stärkung des Schutzes der Bevölkerung und insbesondere vulnerabler Personengruppen vor COVID-19 (CovidIfSGAnpG 2022) vor dem Hintergrund eines großen Mpox-Ausbruchs am 17.09.2022 die Meldepflicht gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG um durch Orthopockenviren verursachte Krankheiten und die Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 1 IfSG um den Nachweis von Orthopockenviren erweitert. Die Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG wurde um den Nachweis aller, nicht mehr 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 Medizinaluntersuchungssämtern
- ▶ Leiterinnen/Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Krankenhauslaboratorien
- ▶ Arztpraxen mit Infektionserregerdiagnostik
- ▶ Tierärztinnen/Tierärzte (§ 7 Abs. 1 Nr. 38 IfSG; Rabiesvirus bzw. auf Grundlage einer entsprechenden Rechtsverordnung)
- ▶ Zahnärzte (auf Grundlage einer entsprechenden Rechtsverordnung)

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.

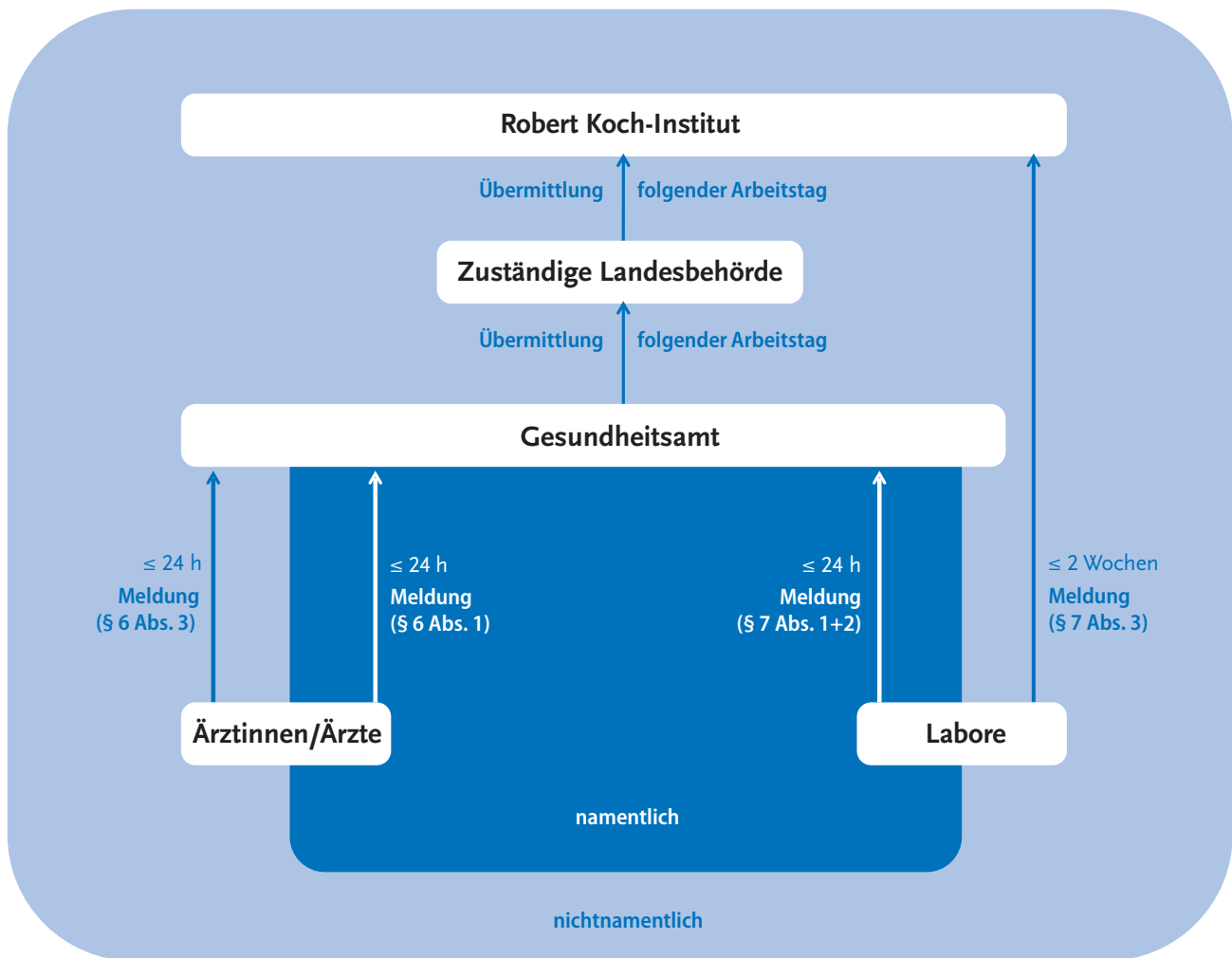
### Übersicht Meldepflichten und Einzelfallkontrolle

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 Gesundheitsamt nicht-

Abb. 2.1.1:  
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



namentlich 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

### 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 IfSC

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfallkontrolle am RKI <sup>1</sup>
	Arztmeldung <sup>2</sup>	Labormeldung <sup>3</sup>	Labormeldung <sup>3</sup>	
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation ( <i>Acinetobacter</i> spp. mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) <sup>4</sup>			■	
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis			■	■
6.3 Arbovirus-Erkrankung <sup>4</sup>			■	■
6.4 Bornavirus-Erkrankung <sup>5</sup>			■	■
6.5 Botulismus	■		■	■
6.6 Brucellose			■	■
6.7 <i>Campylobacter</i> -Enteritis			■	
6.8 <i>Candida auris</i> , invasive Infektion <sup>17</sup>			■	■
6.9 Chikungunyavirus-Erkrankung <sup>4</sup>			■	■
6.10 Cholera	■		■	■
6.11 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)/vCJK (variante CJK)	■			■
6.12 <i>Clostridioides difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf	■ <sup>6</sup>			
6.13 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) <sup>7</sup>	■		■	
6.14 Denguefieber	■ <sup>8</sup>		■	■
6.15 Diphtherie	■		■	■
6.16 Echinokokkose				■
6.17 EHEC-Erkrankung (außer HUS)			■	
6.18 Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) <sup>4</sup>			■	
6.19 Fleckfieber			■	■
6.20 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)			■	■
6.21 Giardiasis			■	
6.22 Gonorrhö <sup>5</sup>				■
6.23 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion			■	■
6.24 Hantavirus-Erkrankung	■ <sup>8</sup>		■	
6.25 Hepatitis A	■		■	
6.26 Hepatitis B	■		■	
6.27 Hepatitis C	■		■	
6.28 Hepatitis D	■		■	■
6.29 Hepatitis E	■		■	
6.30 HIV-Infektion				■
6.31 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■		■ <sup>9</sup>	■
6.32 Influenza	■ <sup>10</sup>		■	■ <sup>10</sup>
6.33 Keuchhusten <sup>11</sup>	■		■	■ <sup>12</sup>
6.34 Kryptosporidiose			■	
6.35 Läuserückfallfieber			■	■
6.36 Legionellose			■	
6.37 Lepra			■	■
6.38 Leptospirose			■	■
6.39 Listeriose			■	
6.40 Malaria <sup>18</sup>			■	
6.41 Masern	■		■	

6.42 Meningokokken, invasive Infektion	■	■	■
6.43 Middle East Respiratory Syndrome (MERS) <sup>5</sup>		■	■
6.44 Milzbrand	■	■	■
6.45 Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus (MRSA), invasive Infektion <sup>13</sup>		■	
6.46 Mpox <sup>16</sup>	■	■	
6.47 Mumps <sup>11</sup>	■	■	
6.48 Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektion <sup>5</sup>		■	■
6.49 Norovirus-Gastroenteritis		■	
6.50 Ornithose		■	■
6.51 Orthopocken (andere Orthopockenviren) <sup>16</sup>	■	■	■
6.52 Paratyphus	■	■	■
6.53 Pest	■	■	■
6.54 Pneumokokken, invasive Infektion <sup>5</sup>		■	
6.55 Poliomyelitis	■	■	■
6.56 Q-Fieber		■	■
6.57 Rotavirus-Gastroenteritis		■	
6.58 Röteln, konnatale Infektion <sup>14</sup> Röteln, postnatale Infektion <sup>11</sup>	■ ■	■ ■	■
6.59 RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus) <sup>19</sup>		■	
6.60 Salmonellose		■	
6.61 Shigellose		■	
6.62 Syphilis			■
6.63 Tollwut	■	■	■
6.64 Toxoplasmose, konnatale Infektion			■
6.65 Trichinellose		■	■
6.66 Tuberkulose	■ <sup>6</sup>	■	
6.67 Tularämie		■	■
6.68 Typhus abdominalis	■	■	■
6.69 Virale hämorrhagische Fieber, sonstige <sup>15</sup>	■	■	■
6.70 West-Nil-Virus-Erkrankung <sup>4</sup>		■	■
6.71 Windpocken <sup>11</sup>	■	■	
6.72 Yersiniose		■	
6.73 Zikavirus-Erkrankung <sup>4</sup>		■	■

<sup>1</sup> Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2)

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

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

<sup>4</sup> Meldepflicht seit 01.05.2016

<sup>5</sup> Meldepflicht seit 01.03.2020

<sup>6</sup> Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.

<sup>7</sup> Meldepflicht seit 01.02.2020

<sup>8</sup> nur bei hämorrhagischem Verlauf

<sup>9</sup> Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

<sup>10</sup> Nur bei zoonotischer Influenza

<sup>11</sup> Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

<sup>12</sup> Bei unter 1-Jährigen

<sup>13</sup> Meldepflicht seit 01.07.2009

<sup>14</sup> Seit 29.03.2013 namentliche Meldung an das Gesundheitsamt, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI

<sup>15</sup> Gilt auch für Ebolafeber, Gelbfieber, Lassafeber und Marburgfeber

<sup>16</sup> Meldepflicht seit 17.09.2022

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

<sup>18</sup> Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt seit 21.07.2023, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI

<sup>19</sup> 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 erfülltem klinischen Bild entweder

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

#### Falldefinitions-kategorien

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

##### A: Klinisch diagnostizierte Erkrankung

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

##### B: Klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung

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

**C: Klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung**

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

**D: Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild**

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

**E: Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild**

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

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

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

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

Durch dieses Vorgehen soll die Aufmerksamkeit in der vereinfachten Darstellung epidemiologischer Daten auf die klinisch manifesten Erkrankungen gelenkt werden. Entsprechend wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für Auswertungen nach Referenzdefinition, 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.

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

Die übermittelten Fälle, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, stehen – unabhängig davon, dass sie nicht im

**Tab. 2.2.1:**  
**Zuordnung der Übermittlungskategorien zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitionskategorien**

Falldefinitionskategorie	Falldefinitionskategorie				
	A	B	C	D	E
Adenovirus-Konjunktivitis, Botulismus, Brucellose, <i>Campylobacter</i> -Enteritis, Cholera, Diphtherie, EHEC-Erkrankung, Fleckfieber, Giardiasis, Hantavirus-Erkrankung, Hepatitis A, Hepatitis E, Keuchhusten, Kryptosporidiose, Läuserückfallfieber, Legionellose, Leptospirose, Milzbrand, Ornithose, Paratyphus, Q-Fieber, Rotavirus-Gastroenteritis, Röteln (postnatale Infektion), Salmonellose, Shigellose, Tollwut, Trichinellose, Tularämie, Typhus, Yersiniose, Zikavirus-Erkrankung		■	■		
Arbovirus-Erkrankung, Bornavirus-Erkrankung, Chikungunyavirus-Erkrankung, <i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung (schwere Verlaufsform), Denguefieber, FSME, Lepra, Nicht-Cholera-Vibrien-Erkrankungen, Norovirus-Gastroenteritis, Subakute Sklerosierende Panenzephaliti (SSPE), virale hämorrhagische Fieber (einschl. Ebola-Fieber, Gelbfieber, Lassafieber, Marburgfieber)			■		
HUS, Masern, Mumps, Röteln (konnatale Infektion), Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation, <i>Candida auris</i> (invasive Infektion), COVID-19, Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation, Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D, Malaria, MERS, Mpox, MRSA (invasive Infektion), Orthopocken, Pneumokokken (invasive Infektion), Poliomyelitis, West-Nil-Fieber, zoonotische Influenza			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Infektion), Influenza, Listeriose, Pest, RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden – für detailliertere epidemiologische Auswertungen zur Verfügung. Z. B. erlaubt SurvStat@RKI auf der Webseite des RKI die Abfrage nach jeder gewünschten Kombination der Falldefinitionskategorien.

### Nichtnamentliche Meldung von Erregernachweisen an das RKI

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

### Literaturhinweise

- Bales S, Baumann HG, Schnitzler N: *Infektionsschutzgesetz, Kommentar und Vorschriftenammlung*. 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 (38).
- 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-MeldAnpV)*. 2016. [https://dejure.org/BGBl/2016/BGBl\\_I\\_S\\_515](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 2024 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 01.01.2024 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 29.12.2024 (einem Sonntag) endet. Die letzten beiden Tage des Jahres 2024 (30. und 31.12.2024) werden demnach dem Meldejahr 2025 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 unabhängig von der Vollständigkeit eines Falls 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 meldende Erregernachweise werden Diagnose-monat 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 Syphilis bei 92 % 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 2024 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.

### 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.

**Tab. 2.2.2:** Anteil der für die örtliche Zuordnung genutzten Postleitzahlen (PLZ) der nichtnamentlich an das RKI gemeldeten Erregernachweise, Deutschland, 2024

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Wohnorts der betroffenen Person	Nach PLZ des einsendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	9.456	92 %	8 %	1 %
HIV-Infektion	3.259	76 %	23 %	2 %
Echinokokkose	184	89 %	10 %	1 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	10	70 %	20 %	10 %

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 aufgedgliedert 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 Meldjahr 2024 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2023 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 01.03.2025 genutzt (für Malaria, HIV-Infektion und Syphilis 01.04.2025). 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 2024 Fallzahlen für das Jahr 2023 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2025 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 2023 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2023 – mit Datenstand 01.03.2024 – 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

Meldungen an das Gesundheitsamt müssen elektronisch erfolgen. Dafür stellt das RKI seit 2020 das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS; [www.rki.de/demis](http://www.rki.de/demis)) zur Verfügung, das kontinuierlich weiterentwickelt wird. Alle Gesundheitsämter in Deutschland können die Meldungen elektronisch empfangen. Aber obwohl alle Meldungen gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 und 1a IfSG sowie gemäß § 7 Abs. 1 IfSG bereits elektronisch abgesetzt werden können, haben sich noch nicht alle Meldepflichtigen an DEMIS angebunden, weshalb ein geringer Teil der Meldungen noch papierbasiert erfolgt. Die Meldung gemäß § 7 Abs. 3 IfSG wird voraussichtlich ab dem ersten Halbjahr 2026 elektronisch ermöglicht.

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. Etwa zwei Drittel der Gesundheitsämter in Deutschland nutzen *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.

Um die Datenqualität zu verbessern und die Zusammenarbeit zwischen Gesundheitsämtern besser digital zu unterstützen, wird derzeit das Elektronische Melde- und Informationssystem für Gesundheitsämter (EMIGA) als Nachfolgesoftware für *SurvNet@RKI* entwickelt.

### 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>

### 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 bzw. versehentliche Fehleingaben 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 Vollzähligkeit der Erfassung

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

### Erfassung durch das medizinische und diagnostische Versorgungssystem

Das Meldewesen gemäß IfSG (s. Kap. 2) erfasst hauptsächlich diejenigen Erkrankungen oder Infektionen, die im medizinischen Versorgungssystem, also in der Regel von Ärztinnen und Ärzten oder Laboren, erkannt werden. Asymptomatische Infektionen werden in der Regel nur im Rahmen von Routineuntersuchungen (z. B. bei betriebsärztlichen Untersuchungen) oder Umgebungsuntersuchungen bei Ausbrüchen durch zusätzliche labordiagnostische Untersuchungen identifiziert. Zusätzlich werden Fälle gefunden, wenn das Gesundheitsamt im Umfeld eines gemeldeten Falles weitere Fälle ermittelt.

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 bzw. stärkere Krankheitssymptome führen eher zum Arztbesuch als leichte Erkrankungen. Ähnlich verhält es sich bei Krankheiten, die z. B. in den Medien besonders oft erwähnt werden.
- ▶ Erkrankungen, bei denen Erkrankte annehmen, dass ein verschreibungspflichtiges Arzneimittel Linderung bringt (Antibiotikum bei bakteriell bedingten Infektionen), führen häufiger zu einer Praxiskonsultation als Erkrankungen, die eher symptomatisch z. B. mit rezeptfrei zu besorgenden Mitteln behandelt werden können.
- ▶ Berufstätigkeit (Notwendigkeit einer Arbeitsunfähigkeitsbescheinigung), 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.
- ▶ Während und nach der COVID-19 Pandemie wurden Antigen-Schnelltests als Selbsttests eingeführt, auch als Kombinationstest gegen Influenza (A/B), RSV-Infektionen und COVID-19. Ob ein positives Testergebnis zu Hause eher zu einem Besuch in der Arztpraxis und einer nachfolgenden Bestätigungsdiagnose führt oder eher nicht, hängt von weiteren individuellen Faktoren ab.

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.
- ▶ Seit September 2022 sind für zwei große Krankheitsgruppen (gastrointestinale Erkrankungen, akute Atemwegserkrankungen) Multiplex-Erregernachweise für Ärztinnen und Ärzte abrechenbar. Dadurch kann es für meldepflichtige Erreger aus diesen Gruppen zu einer Zunahme von Nachweisen kommen.
- ▶ Auch können neu eingeführte Routine-/Screeninguntersuchungen zu einer erhöhten Detektion von Infektionen führen.

Besondere Ereignisse können 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. Testkapazitäten, Teststrategie und -häufigkeit hatten einen starken Einfluss auf die Anzahl der diagnostizierten SARS-CoV-2-Infektionen während der COVID-19-Pandemie und danach. Ebenso können 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. Die RKI-Falldefinitionen werden jährlich für die einzelnen Krankheiten auf Aktualisierungsbedarf überprüft. Durch eine Aktualisierung kann sich der Anteil zu übermittelnder Fälle im Vergleich zu den Vorjahren verändern. 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 den 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

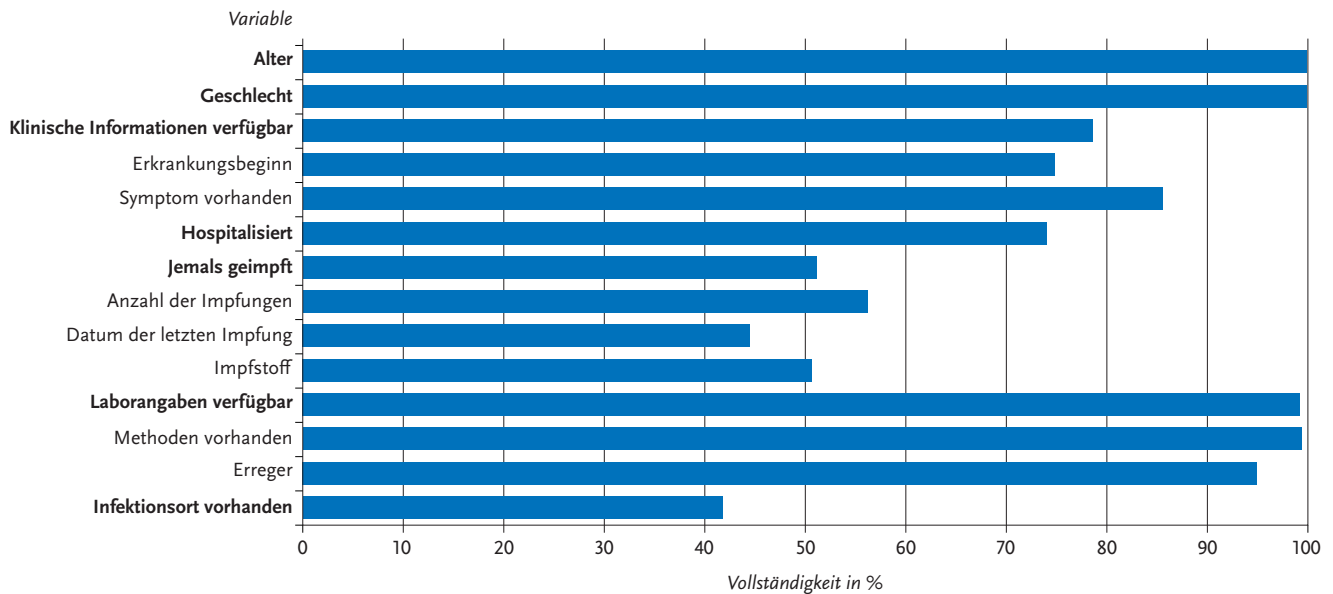
- Biallas R, Zimmermann R, Dudareva S: *Comment on "Population-based screening works: Effect of integrating screening for hepatitis B and C into the general health check-up in Germany"*. J Hepatol. 2024; 81(1). <https://doi.org/10.1016/j.jhep.2024.02.013>
- Blümel B, Diercke M, Sagebiel D, Gilsdorf A: *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>
- Wilkling 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 Labormaterial und -methode werden in Abhängigkeit von der jeweiligen Infektionskrankheit und der Falldefinitions-kategorie 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 von den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern individuell und in den meisten Fällen von der betroffenen /erkrankten Person ermittelt werden, z. B. Angaben, ob die betroffene Person geimpft ist oder Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsort, lagen in 51 % bzw. 42 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1).

Abb. 3.4.1:  
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2024



### 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 2024 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.

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

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

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

#### Verzug auf dem Melde- und Übermittlungsweg

Die erste Verzögerung betrifft die Zeitspanne vom Erkrankungsdatum bis zum Diagnosedatum. Sie hängt von Art, Schwere und Verlauf der Erkrankung, vom Verhalten des Erkrankten und von der Art der Diagnosestellung ab und lässt sich demgemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall (Erkrankungsbeginn – Diagnosedatum) konnte bei

341.096 Fällen von 815.318 Fällen (42 %) berechnet werden. Im Jahr 2024 dauerte es im Median 3 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 6 Tage.

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 89 % der im Jahr 2024 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag bei einem Tag.

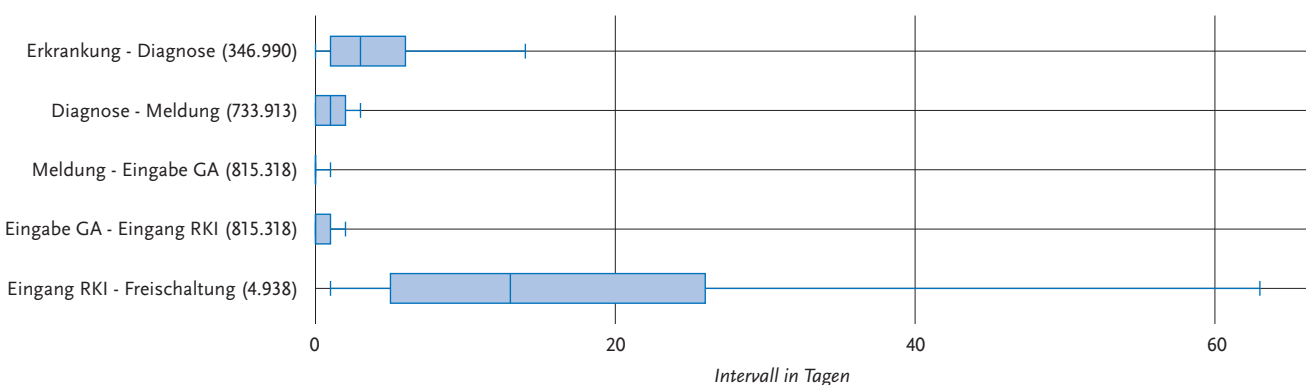
Der Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt lag im Median bei 0 Tagen und verursachte somit kaum Verzögerungen. Die Übermittlung vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI muss gemäß IfSG jeweils innerhalb eines Arbeitstages erfolgen. Der Verzug 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 4.938 der Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 13 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).

Literaturhinweise

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>

Abb. 3.5.1: Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise, Deutschland, 2024 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



## 4 Krankheitsübergreifende Auswertung

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

### 4.1 Inzidenzen

In Abb. 4.1.1 sind die Inzidenzen und Fallzahlen aller meldepflichtigen Krankheiten dargestellt, bei denen im Jahr 2024 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die höchste Inzidenz wies im Jahr 2024 die Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19) mit bundesweit 306 Fällen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner (Einw.) auf. Die zweithöchste Inzidenz entfiel auf die saisonale Influenza (261). Zu den häufigsten Krankheiten gehörten des Weiteren Norovirus-Gastroenteritis (92 Erkr./100.000 Einw.), RSV-Infektion (56), *Campylobacter*-Enteritis (55), Keuchhusten (30), Hepatitis B (26), Rotavirus-Gastroenteritis (26), Windpocken (24) und Salmonellose (15).

### 4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten

Im Folgenden werden krankheitsübergreifende epidemiologische Aspekte meldepflichtiger Krankheiten beschrieben. 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 2024 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 (3 Jahre), die Windpocken (8 Jahre) und Keuchhusten (15 Jahre), was sie als typische Krankheiten im Kindesalter

auszeichnet. Der Median von gastrointestinalen Krankheiten wie der EHEC-Erkrankung, der Norovirus-Gastroenteritis, der Salmonellose und der Kryptosporidiose lag zwischen 30 und 56 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie Gonorrhö, HIV-Infektion, Hepatitis B und C sowie Syphilis betrafen v. a. Personen mit einem Altersmedian zwischen 39 und 48 Jahren. Krankheiten, die vor allem bei älteren Personen diagnostiziert wurden, waren invasive MRSA-Infektion, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektion, Listeriose und die schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung. Hier lag der Altersmedian jeweils bei 71, 73, 76 und 77 Jahren.

#### Fälle nach Geschlecht

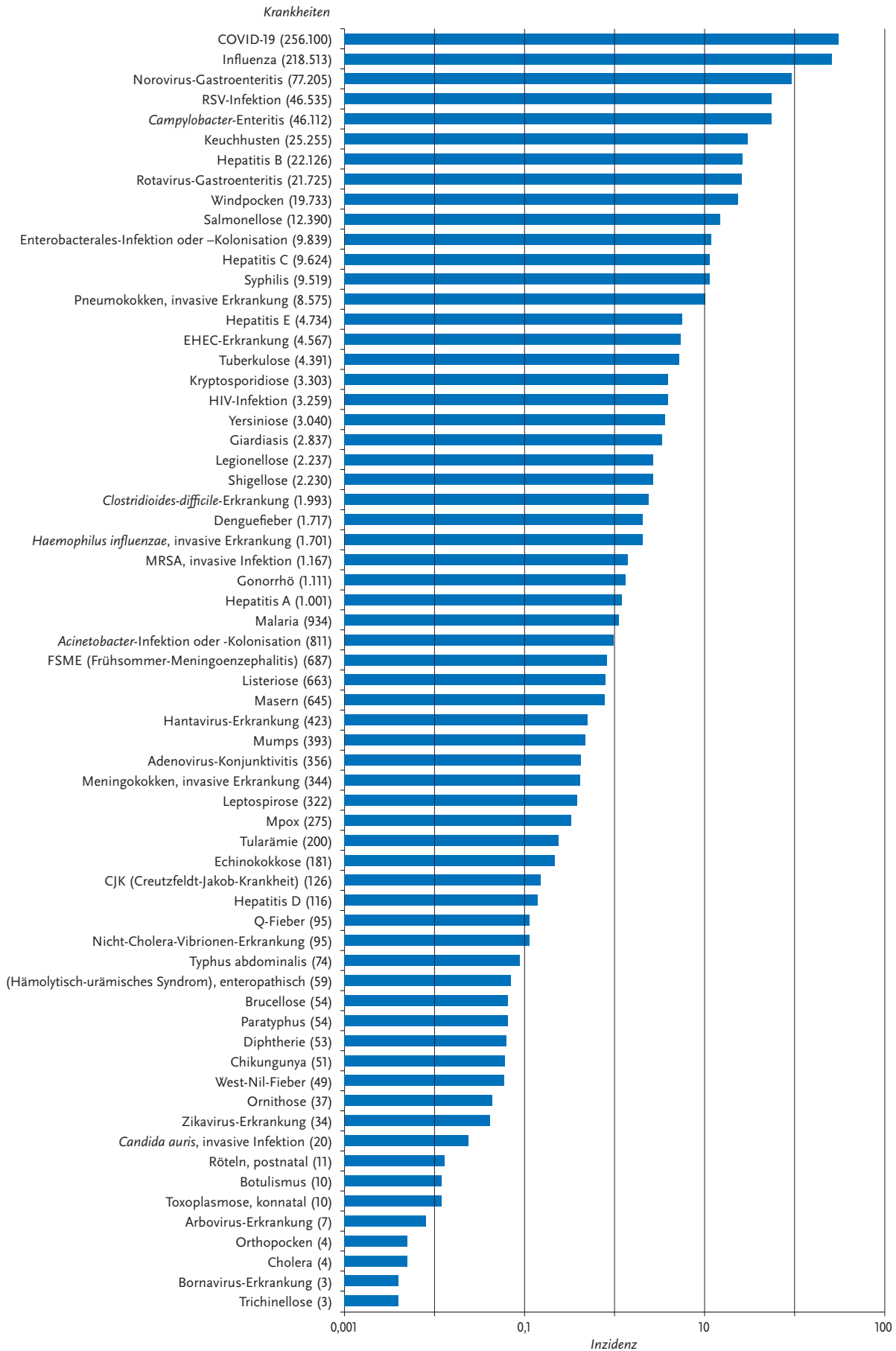
In Abb. 4.2.2 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten ( $p < 0,05$ ) Unterschieden in der Inzidenz bei Männern und Frauen sowie einer Mindestanzahl von 100 dargestellt. Bei der Mehrzahl der meldepflichtigen Krankheiten war die Inzidenz bei Männern höher als bei Frauen. Das gilt v. a. für sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie Mpxv, Syphilis, HIV-Infektion und Hepatitis C, aber auch für Hantavirus-Erkrankung, Legionellose, Malaria, *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation und invasive MRSA-Infektion. Dagegen waren die Inzidenzen von u. a. 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

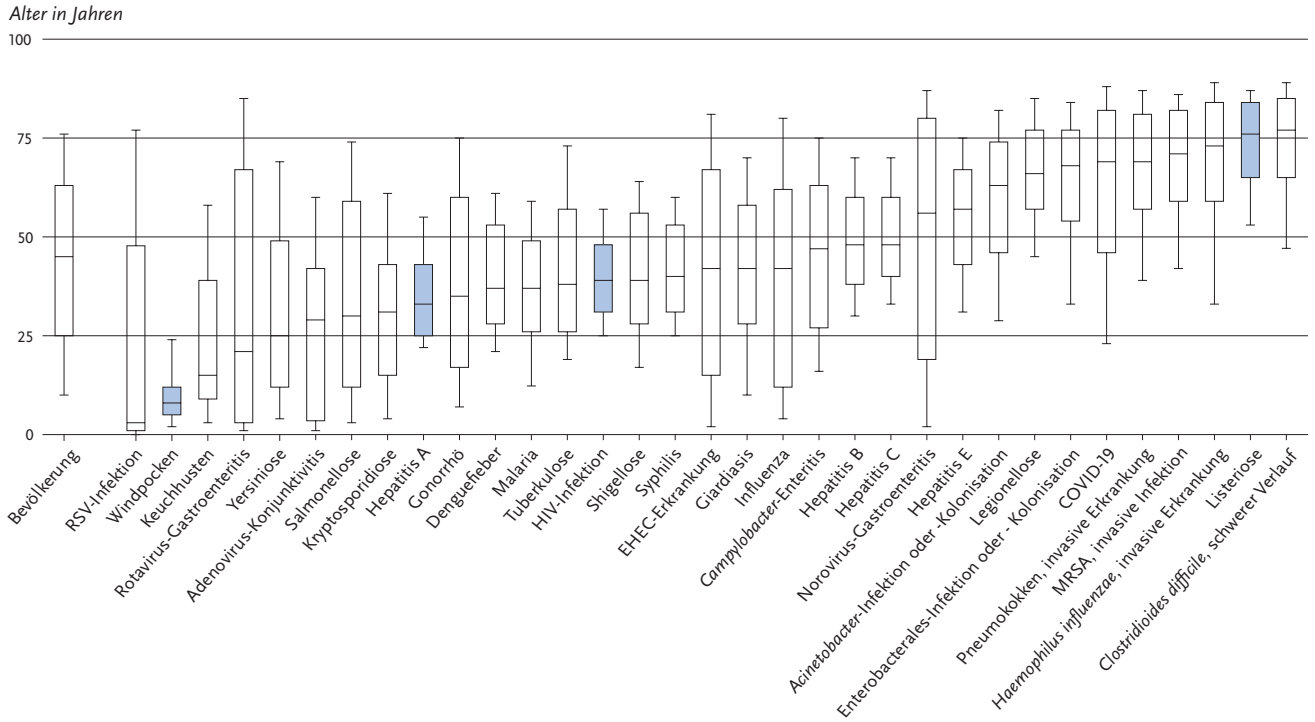
In Abb. 4.2.3 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten Inzidenzunterschieden zwischen Stadt- und Landkreisen (einschließlich Region Hannover und Städteregion Aachen) dargestellt. Erregernachweise, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen keine exakte Zuordnung zu Kreisen möglich ist (s. Kap. 2.2). In Stadtkreisen wurden höhere Inzidenzen für Mpxv 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.

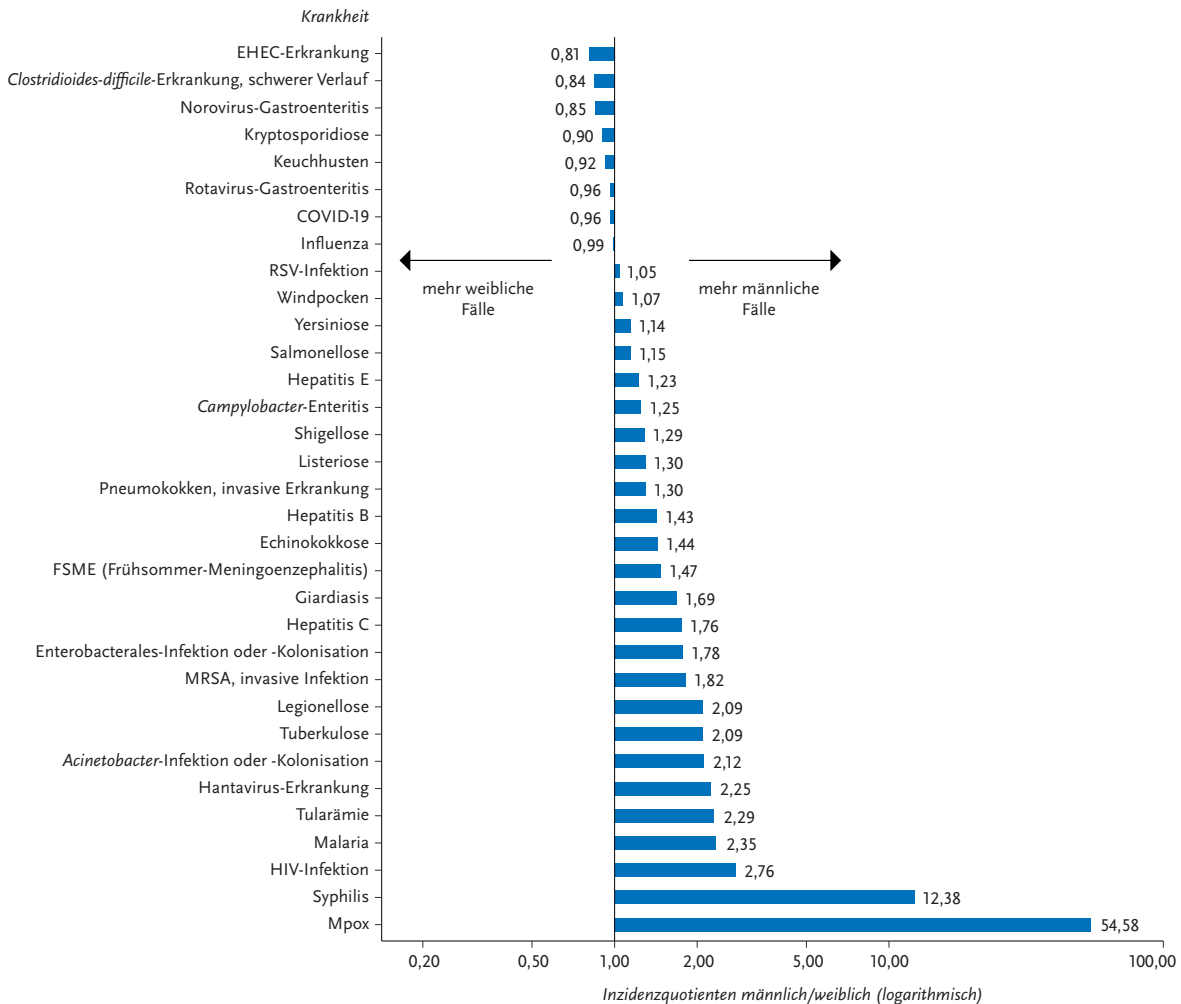
**Abb. 4.1.1:** Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2024  
 Anmerkung: Es wurde zudem ein Fall von Lepra übermittelt.



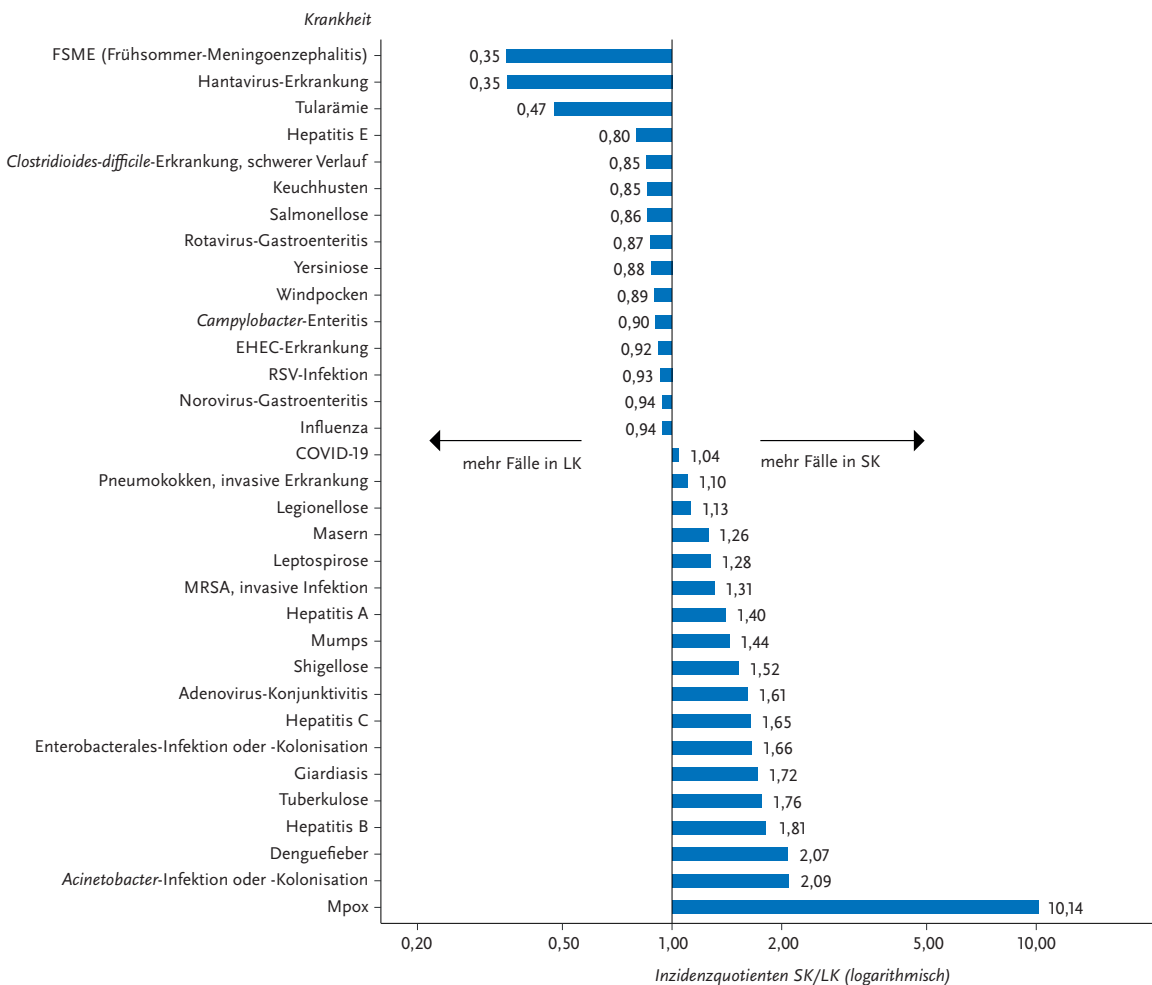
**Abb. 4.2.1:**  
Verteilung des Alters der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) in der Bevölkerung und nach meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2024



**Abb. 4.2.2:**  
Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2024



**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, 2024



### 4.3 Klinische Aspekte

#### Hospitalisierungen

Angaben zur Hospitalisierung lagen für 67 % der übermittelten Fälle 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 2024 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 98 % wurde für die Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJK) ermittelt. Weiter hohe Anteile mit mehr als 90 % wurden für die schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, die invasive Meningokokken-Erkrankung, die invasive MRSA-Infektion, die Listeriose, die Legionellose, die invasive Pneumokokken-Infektion und *Haemophilus influenzae*, invasive 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 (90.175), gefolgt von Influenza (44.260), Norovirus-Gastroenteritis (34.684), RSV-Infektion (13.423), Rotavirus-Gastroenteritis (9.394) und *Campylobacter*-Enteritis (9.206) 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

**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, 2024**

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	256.100	148.745	90.175	61	252.628	2.339	1
Influenza	218.513	126.349	44.260	35	217.605	685	0
Norovirus-Gastroenteritis	77.205	63.750	34.684	54	77.102	39	0
RSV-Infektion	46.535	28.141	13.423	48	46.360	84	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	46.112	39.337	9.206	23	46.070	4	0
Keuchhusten	25.255	21.158	1.254	6	25.250	6	0
Hepatitis B	22.126	15.382	1.327	9	22.103	8	0
Rotavirus-Gastroenteritis	21.725	18.013	9.394	52	21.705	12	0
Windpocken	19.733	14.927	558	4	19.710	1	0
Salmonellose	12.390	10.974	4.174	38	12.371	29	0
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	9.839	8.780	7.760	88	9.750	55	1
Hepatitis C	9.624	6.425	1.093	17	9.600	6	0
Pneumokokken, invasive Erkrankung	8.575	7.519	6.938	92	8.522	385	5
Hepatitis E	4.734	4.279	2111	49	4.729	13	0
EHEC-Erkrankung	4.567	4.070	972	24	4.560	1	0
Tuberkulose	4.391	3.893	3.406	87	4.363	100	2
Kryptosporidiose	3.303	2.687	270	10	3.297	0	0
Yersiniose	3.040	2.525	636	25	3.035	2	0
Giardiasis	2.837	2.414	342	14	2.836	0	0
Legionellose	2.237	2.184	2.054	94	2.229	104	5
Shigellose	2.230	1.996	255	13	2.227	0	0
<i>Clostridioides difficile</i> , schwerer Verlauf	1.993	1.890	1.817	96	1.941	315	16
Denguefieber	1.717	1.521	359	24	1.717	1	0
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung	1.701	1.586	1.447	91	1.671	84	5
MRSA, invasive Infektion	1.167	1.081	1.027	95	1.146	47	4
Hepatitis A	1.001	958	613	64	1.000	2	0
Malaria	934	861	694	81	934	4	0
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation	811	731	639	87	807	10	1
FSME (Frühsommermeningoenzephalitis)	687	682	573	84	687	3	0
Listeriose	663	616	583	95	639	38	6
Masern	645	631	194	31	645	0	0
Hantavirus-Erkrankung	423	391	299	76	423	0	0
Mumps	393	334	75	22	392	0	0
Adenovirus-Konjunktivitis	356	181	25	14	355	0	0
Meningokokken, invasive Erkrankung	344	340	325	96	342	29	8
Leptospirose	322	305	217	71	320	2	1
Mpox	275	263	22	8	274	0	0
Tularämie	200	186	133	72	200	2	1
CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	126	120	117	98	126	77	61
Hepatitis D	116	85	15	18	116	0	0

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 dann naturgemäß auch ein höheres Risiko eines tödlichen Verlaufs haben, häufiger nachermittelt werden als Krankheiten, die mit moderater Symptomatik begannen. In der Folge kommt es einerseits zu einer Unterschätzung der Anzahl der Todesfälle, andererseits zu einer Überschätzung des Anteils der Verstorbenen bei den übermittelten Infektionskrankheiten. Daher können die folgenden Angaben nur grobe Hinweise zur Einschätzung der Letalität der jeweiligen Krankheiten geben.

In Tab. 4.3.1 sind Anzahl und Anteil der Todesfälle der namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2024 dargestellt. Krankheiten, die nichtnamentlich an das RKI gemeldet werden, wie HIV-Infektion und Syphilis, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen im Rahmen der Meldung nicht erhoben werden kann, ob die Person verstorben ist. Der höchste Anteil Verstorbenen wurde für CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit) (61 %), schwer verlaufende *Clostridioides-difficile*-Erkrankung (16 %), invasive Meningokokken-Erkrankung (8 %) und Listeriose (6 %) übermittelt. Bei diesen Krankheiten werden, wie bereits beschrieben, gemäß Meldepflicht bzw. Falldefinition nur die schweren Verläufe im Meldesystem erfasst. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei COVID-19 (2.339) beobachtet gefolgt von Influenza (685), invasiver Pneumokokken-Infektion (385) und schwer verlaufender *Clostridioides-difficile*-Erkrankung (315).

## 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. 6.49) 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 genauer nur am Ende des Kapitels 5.2 sowie im Kapitel 6.49 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 2024 die meisten Ausbrüche. Nach Norovirus-Gastroenteritis mit 3.393 Ausbrüchen, waren COVID-19-Ausbrüche wie im Vorjahr die am häufigsten übermittelten Ausbrüche.

Im Vergleich zum Vorjahr reduzierte sich die Anzahl der übermittelten COVID-19-Ausbruchsgeschehen auf knapp ein Drittel mit einer Gesamtfallzahl von einem Viertel der Fälle des Vorjahres (2024: 2.404 Ausbrüche mit 10.935 darin enthaltenen Fällen; 2023: 7.537 Ausbrüche mit 41.018 darin enthaltenen Fällen), während sie bei Influenza auf rund das Dreifache (2024: 2.112 mit 10.589; 2023: 780 mit 2.410 Fällen) und bei Keuchhusten auf rund das Achtfache erhöht war (2023: 126 mit 416; 2024: 1.048 Ausbrüche mit 3.151 Fällen) und damit auch das Vorpandemieniveau über-

stieg. Auch die Anzahl der Masernausbrüche (61) und der darin enthaltenen Fälle (472) erhöhte sich im Vergleich zum Vorjahr deutlich. Im Vergleich zum Vorjahr verringerte sich die Anzahl übermittelter Krankheitsausbrüche bei Rotavirus-Gastroenteritiden (527 Ausbrüche mit 3.841 Fällen) und blieb damit auch 2024 weiter unter dem Vorpandemieniveau. Einige Krankheiten zeigten mehr übermittelte Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr. Dazu gehörte z. B. *Campylobacter-Enteritis* (158 Ausbrüche mit 359 Fällen).

Die 2024 übermittelten COVID-19-Ausbrüche enthielten im Mittel 5 Fälle und waren damit bzgl. der Ausbruchgröße vergleichbar mit Ausbrüchen z. B. durch Influenzaviren oder RSV (s. Tab. 5.1.1).

Durch die molekulare Surveillance können vermehrt auch Fälle, die über einen längeren Zeitraum auftreten, leich-

ter einem protrahierten Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden, was sich sowohl auf die Größe als auch die Dauer von Ausbruchsgeschehen auswirkt.

Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer 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. Die Ausbruchsdauer wurde im Median, 25. und 75. Perzentil erfasst für Infektionskrankheiten mit den meisten Ausbrüchen mit mindestens 5 Fällen. Die längste (mediane) Dauer war bei den Tuberkulose Ausbrüchen zu beobachten (Median 166 Tage). Dies kann wie oben beschrieben mit der molekularen Surveillance zusammenhängen.

Detaillierte Informationen zu den jeweiligen Ausbrüchen finden sich in den erregerspezifischen Kapiteln.

**Tab. 5.1.1:**  
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere und maximale Anzahl von Fällen in Ausbrüchen für meldepflichtige Krankheiten, Deutschland, 2024

Erkrankung	Anzahl der Ausbrüche	Gesamtanzahl zugeordneter Fälle	Mittlere Anzahl zugeordneter Fälle	Maximale Anzahl zugeordneter Fälle
Norovirus-Gastroenteritis	3.393	14.243	4	128
COVID-19	2.404	10.935	5	41
Influenza	2.112	10.589	5	140
Windpocken	1.312	5.317	4	71
Keuchhusten	1.048	3.151	3	94
Rotavirus-Gastroenteritis	527	3.841	7	66
RSV-Infektion	342	1.545	5	38
Salmonellose	171	1.232	7	177
<i>Campylobacter-Enteritis</i>	158	359	2	10
Tuberkulose	85	230	3	8
Masern	61	472	8	163
Hepatitis A	50	160	3	14
EHEC-Erkrankung	48	109	2	5
Enterobacterales-Infektion oder –Kolonisation	42	149	4	16
Shigellose	41	91	2	4
Kryptosporidiose	31	81	3	5
Denguefieber	28	62	2	4
Giardiasis	21	49	2	4
Mpox	15	39	3	7
Listeriose	13	31	2	4
Acinetobacter-Infektion oder –Kolonisation	10	46	5	11
Yersiniose	8	17	2	3
Legionellose	8	45	6	19
Malaria	7	23	3	4
Adenovirus-Konjunktivitis	6	23	4	10
Hepatitis E	6	12	2	2
Mumps	4	11	3	5
Pneumokokken, invasive Erkrankung	3	6	2	2
<i>Clostridioides-difficile</i> -Erkrankung	3	7	2	3
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung	2	9	5	7

Erkrankung	Anzahl der Ausbrüche	Gesamtanzahl zugeordneter Fälle	Mittlere Anzahl zugeordneter Fälle	Maximale Anzahl zugeordneter Fälle
Typhus abdominalis	2	4	2	2
<i>Candida auris</i> , invasive Infektion	2	7	4	5
Q-Fieber	2	4	2	2
Leptospirose	2	4	2	2
Hepatitis C	2	4	2	2
Tularämie	2	4	2	2
Ornithose	2	8	4	5
Brucellose	1	2	2	2
Chikungunyavirus-Erkrankung	1	2	2	2
Zikavirus-Erkrankung	1	2	2	2
Orthopocken	1	2	2	2
Hepatitis B	1	3	3	3
Diphtherie	1	2	2	2
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	1	2	2	2
Meningokokken, invasive Erkrankung	1	3	3	3
MRSA, invasive Infektion	1	2	2	2
Botulismus	1	2	2	2
<b>Gesamt</b>	<b>11.983</b>	<b>52.941</b>		

## 5.2 Gruppen von Ausbrüchen

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

### Lebensmittelbedingte Ausbrüche

Seit 2004 werden im Rahmen der integrierten Ausbruchserfassung in SurvNet@RKI auch Daten zur Bedeutung von 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 Ausbruchsdokumentation Lebensmittel explizit genannt. Diese Ausbrüche werden als **explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche** beschrieben. Aufgrund der Besonderheit der Norovirus-Gastroenteritis-Falldefinition (siehe oben) werden lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche separat betrachtet.

### Ausbrüche durch über Lebensmittel übertragbare Erreger

Zu den meldepflichtigen Erregern, die durch Lebensmittel übertragen werden können, gehören *Brucella* spp., *Campylobacter* spp., *Clostridium botulinum*, *Cryptosporidium* spp., enterohämorrhagische *Escherichia coli* (EHEC), *Francisella tularensis*, *Giardia lamblia*, Hepatitis-A-Virus, Hepatitis-E-Virus, *Listeria monocytogenes*, Norovirus, *Salmonella* spp., *Salmonella* Paratyphi, *Salmonella* Typhi, *Shigella* spp., *Trichinella spiralis*, *Vibrio cholerae* und darmpathogene *Yersinia* spp. Im Folgenden werden Ausbrüche durch diese Erreger als **potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche** bezeichnet. Ausbrüche durch darmpathogene Stämme von *E. coli*, die nicht zu EHEC gehören (übermittelt als »sonstige darmpathogene *E. coli*«), werden nicht mehr in die Datenauswertung einbezogen, da Erkrankungen, die durch diese Erreger verursacht werden, seit dem 01.01.2015 nicht mehr übermittlungspflichtig sind.

Im Jahr 2024 wurden 553 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das entsprach einer Zunahme um 19 % im Vergleich zum Vorjahr (n = 466). Insgesamt traten im Jahr 2024 im Rahmen dieser Ausbrüche 2.153 Erkrankungen auf (s. Tab. 5.2.1). Bei 171 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche um 30 % angestiegen (2023: 132). Bei 158 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Damit ist die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 9 % gestiegen (2023: 145).

### Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Von den 553 potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüchen (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) wurden 188 (34 %; 2023: 29 %) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 1.229 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Von den 188 explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen waren 83 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (44 %) mit 990 Fällen und 66 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (35 %) mit 155 Fällen verursacht worden. Wie auch bereits im Vorjahr ist der Anteil der Ausbrüche durch *Salmonella* spp. an den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen höher als der Anteil der Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. Im Zusammenhang mit explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurden 5 Todesfälle übermittelt, die durch Salmonellose verursacht wurden (s. Tab. 5.2.1).

Bei 75 Ausbrüchen (40 %) wurden Angaben zum verdächtigten Lebensmittel übermittelt. Unter den insgesamt 95 Angaben zu einem Infektionsvehikel (Mehrfachnennungen möglich) waren die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (40 Nennungen; 42 %) und Ei oder Eiprodukte (12; 13 %) am häufigsten. Bei 5 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 (43 Nennungen von Lebensmittelkategorien) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleisch-

produkte (37 %) und Ei oder Eiprodukte (28 %) angegeben. Bei *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen (27 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (63 %) 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 2024 wurden 17 der insgesamt 3.393 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 17 explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen wurden insgesamt 74 Fälle zugeordnet. Für 5 Ausbrüche lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 6 Nennungen entfielen 2 auf die Kategorie „Fisch, Meeresfrüchte und entsprechende Produkte“ und jeweils eine auf „Milch, Milchprodukte“ bzw. „Ei, Eiprodukte“. Zweimal wurde eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel eingegrenzt werden konnte.

Tab. 5.2.1:

Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2024

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
<b>Bakterien</b>					
<i>Salmonella</i> spp.	171	1.232	83	990	5
<i>Campylobacter</i> spp.	158	359	66	155	
EHEC*	48	109	7	17	
<i>Shigella</i> spp.	41	91	11	22	
<i>Listeria monocytogenes</i>	13	31	3	6	
darmpathogene <i>Yersinia</i> spp.	8	17	4	9	
<i>Francisella tularensis</i>	2	4	1	2	
<i>Salmonella Typhi</i>	2	4			
<i>Clostridium botulinum</i>	1	2	1	2	
<i>Brucella</i> spp.	1	2			
<b>Viren</b>					
Hepatitis-A-Virus	50	160	6	12	
Hepatitis-E-Virus	6	12	2	4	
<b>Parasiten</b>					
<i>Cryptosporidium</i> spp.	31	81			
<i>Giardia lamblia</i>	21	49	4	10	
<b>Gesamt</b>	<b>553</b>	<b>2.153</b>	<b>188</b>	<b>1.229</b>	<b>5</b>

Tab. 5.2.2:

Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2024

Lebensmittel	Gesamt	SAL	CAM	SHI	EHC	HAV	GIL	YEN	LIS	HEV	CLO	FRT
Fleisch, Fleischprodukte	40	16	17	0	0	0	1	3	1	2	0	0
Milch, Milchprodukte	6	1	4	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Ei, Eiprodukte	12	12	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gemüse, Gemüseprodukte	6	1	2	1	0	0	0	0	1	0	1	0
Fisch, Meeresfrüchte u. entspr. Produkte	7	2	2	0	1	0	0	1	1	0	0	0
Getränke (nicht-Milch)	3	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
Verschiedenes, Suppen, Saucen	9	7	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Obst, Obstprodukte	5	0	0	1	0	3	0	0	1	0	0	0
Getreide, Getreideprodukte, Hülsenfrüchte, Samen, Kerne, Nüsse	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	5	2	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0
<b>Gesamt (Nennungen)</b>	<b>95</b>	<b>43</b>	<b>27</b>	<b>5</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>6</b>	<b>2</b>	<b>2</b>	<b>0</b>
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	75	35	24	3	1	3	2	3	1	2	1	0
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	113	48	42	8	6	3	2	1	2	0	0	1
<b>Gesamt (explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche)</b>	<b>188</b>	<b>83</b>	<b>66</b>	<b>11</b>	<b>7</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>1</b>

\* Mehrfachnennungen möglich

SAL: *Salmonella* spp.EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)YEN: darmpathogene *Yersinia* spp.CLO: *Clostridium botulinum*CAM: *Campylobacter* spp.

HAV: Hepatitis-A-Virus

LIS: *Listeria monocytogenes*FRT: *Francisella tularensis*SHI: *Shigella* spp.GIL: *Giardia lamblia*

HEV: Hepatitis-E-Virus

## Nosokomiale Ausbrüche

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

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

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

Im Jahr 2024 erfüllten insgesamt 4.262 nosokomiale Ausbrüche mit 34.814 Fällen die oben genannte Definition. Bei 134 Ausbrüchen (1.652 Fälle) wurden keine Informationen zum Erreger übermittelt.

Insgesamt kam es im Jahr 2024 zu einem Rückgang an Übermittlungen nosokomialer Ausbrüche (Anzahl 4.763 im Jahr 2023). Dieser Rückgang ist zum größten Teil auf den Rückgang von nosokomialen COVID-19-Ausbrüchen zurückzuführen. Gleichzeitig ist es zu einem deutlichen Anstieg der übermittelten nosokomialen Ausbrüche anderer Erreger gekommen.

## COVID-19-Ausbrüche

Von den 4.128 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe für das Jahr 2024 wurden 2.143 (52 %) durch SARS-CoV-2 verursacht. Diesen Ausbrüchen wurden insgesamt 14.164 Fälle zugeordnet, darunter 233 Todesfälle. Von den 2.143 Ausbrüchen traten 1.804 (84 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf sowie 214 (10 %) in Alters- oder Pflegeheimen und 125 (6 %) in anderen Settings.

## Ausbrüche verursacht durch andere Erreger als SARS-CoV-2

Im Jahr 2024 wurden 1.985 nosokomiale Ausbrüche (48 % der Ausbrüche mit Erregerangabe) durch andere Erreger als SARS-CoV-2 verursacht. Von diesen traten 1.481 (75 %) Ausbrüche in Krankenhäusern oder Rehabilitationskliniken auf, während 291 (15 %) in Alters- oder Pflegeheimen

auftraten. Bei 1.817 (92 %) Ausbrüchen wurden virale Erreger, bei 102 (5 %) Ausbrüchen bakterielle Erreger, bei 60 (3 %) Ausbrüchen Parasiten und bei 3 Ausbrüchen (0,2 %) Pilze nachgewiesen.

Den 1.985 Ausbrüchen wurden 18.998 Fälle zugeordnet, davon 18.019 (95 %) Fälle in Ausbrüchen mit viralen Erregern, 431 (2 %) Fälle in Ausbrüchen mit bakteriellen

Erregern, 457 (2 %) Fälle in Ausbrüchen mit Parasiten und 26 (0,1 %) Fälle in Ausbrüchen mit Pilzen.

Innerhalb der 1.985 Ausbrüche wurden insgesamt 151 Todesfälle übermittelt, davon 112 (74 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger und 34 (23 %) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern (s. Tab. 5.2.3).

Tab. 5.2.3 (Teil 1): Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2024 (n=4.262)

Erregertyp		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
<b>Viren</b>	Influenzavirus	324	288	15	1.855	1.573	149
	Norovirus	1.359	1.053	222	15.189	9.131	5.240
	Respiratorisches Synzytial-Virus	14	8	2	55	27	6
	Rotavirus	61	42	15	615	256	308
	SARS-CoV-2	2.143	1.804	214	14.164	11.243	2.128
	Varicella-Zoster-Virus	26	0	0	79	0	0
	mehrere/ sonstige	33	10	3	226	93	54
	<b>Gesamt</b>	<b>3.960</b>	<b>3.205</b>	<b>471</b>	<b>32.183</b>	<b>22.323</b>	<b>7.885</b>
	<b>Gesamt (ohne SARS-CoV-2)</b>	<b>1.817</b>	<b>1.401</b>	<b>257</b>	<b>18.019</b>	<b>11.080</b>	<b>5.757</b>
<b>Bakterien</b>	<i>Acinetobacter</i> spp.	3	3	0	16	16	0
	<i>Bordetella pertussis</i>	27	1	0	85	2	0
	<i>Clostridioides difficile</i>	17	17	0	55	55	0
	<i>Enterobacter</i> spp.	4	4	0	26	26	0
	<i>Enterococcus</i> spp.	3	3	0	24	24	0
	<i>Escherichia coli</i>	7	6	0	22	19	0
	<i>Klebsiella</i> spp.	9	7	0	50	41	0
	<i>Mycobacterium</i> spp.	3	1	0	10	2	0
	<i>Pseudomonas</i> spp.	5	5	0	15	15	0
	<i>Salmonella</i> spp.	3	1	0	9	4	0
	<i>Serratia</i> spp.	6	6	0	31	31	0
	<i>Staphylococcus</i> spp.	4	4	0	15	15	0
	<i>Streptococcus pyogenes</i>	3	0	0	13	0	0
	mehrere/ sonstige	8	6	0	60	47	0
	<b>Gesamt</b>	<b>102</b>	<b>64</b>	<b>0</b>	<b>431</b>	<b>297</b>	<b>0</b>
<b>Parasiten</b>	<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	14	9	0	61	44	0
	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Scabies)	46	3	32	396	14	317
	<b>Gesamt</b>	<b>60</b>	<b>12</b>	<b>32</b>	<b>457</b>	<b>58</b>	<b>317</b>
<b>Pilze</b>	<i>Aspergillus</i> spp.	1	1	0	3	3	0
	<i>Candidozyma auris</i>	2	2	0	23	23	0
	<b>Gesamt</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>0</b>	<b>26</b>	<b>26</b>	<b>0</b>
<b>Bakterien+ Viren</b>	mehrere/ sonstige	3	1	2	65	10	55
<b>unbekannt</b>	Unklar	134	44	49	1652	273	911
<b>Alle</b>	<b>Gesamt</b>	<b>4.262</b>	<b>3.329</b>	<b>554</b>	<b>34.814</b>	<b>22.987</b>	<b>9.168</b>
	<b>Gesamt (ohne SARS-CoV-2)</b>	<b>2.119</b>	<b>1.525</b>	<b>340</b>	<b>20.650</b>	<b>11.744</b>	<b>7.040</b>

Tab. 5.2.3 (Teil 2):  
Nosokomiale Ausbrüche unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2024 (n=4.262)

Erregertyp		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
<b>Viren</b>	Influenzavirus	324	2	74	24	19	4
	Norovirus	1.359	2	183	81	56	20
	Respiratorisches Synzytial-Virus	14	2	11	0	0	0
	Rotavirus	61	2	73	3	0	3
	SARS-CoV-2	2.143	2	97	233	195	28
	Varicella-Zoster-Virus	26	2	10	0	0	0
	mehrere/ sonstige	33	2	33	4	3	1
	<b>Gesamt</b>	<b>3.960</b>	<b>2</b>	<b>183</b>	<b>345</b>	<b>273</b>	<b>56</b>
	<b>Gesamt (ohne SARS-CoV-2)</b>	<b>1.817</b>	<b>2</b>	<b>183</b>	<b>112</b>	<b>78</b>	<b>28</b>
<b>Bakterien</b>	<i>Acinetobacter</i> spp.	3	2	11	5	5	0
	<i>Bordetella pertussis</i>	27	2	10	0	0	0
	<i>Clostridioides difficile</i>	17	2	6	3	3	0
	<i>Enterobacter</i> spp.	4	2	11	3	3	0
	<i>Enterococcus</i> spp.	3	3	15	3	3	0
	<i>Escherichia coli</i>	7	2	6	1	1	0
	<i>Klebsiella</i> spp.	9	2	16	3	3	0
	<i>Mycobacterium</i> spp.	3	2	5	0	0	0
	<i>Pseudomonas</i> spp.	5	2	5	1	1	0
	<i>Salmonella</i> spp.	3	2	4	0	0	0
	<i>Serratia</i> spp.	6	3	8	2	2	0
	<i>Staphylococcus</i> spp.	4	2	6	0	0	0
	<i>Streptococcus pyogenes</i>	3	4	5	0	0	0
	mehrere/ sonstige	8	3	16	13	11	0
	<b>Gesamt</b>	<b>102</b>	<b>2</b>	<b>16</b>	<b>34</b>	<b>32</b>	<b>0</b>
<b>Parasiten</b>	<i>Pediculus humanus capitis</i> (Kopfläuse)	14	2	10	0	0	0
	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Scabies)	46	2	55	2	0	2
	<b>Gesamt</b>	<b>60</b>	<b>2</b>	<b>55</b>	<b>2</b>	<b>0</b>	<b>2</b>
<b>Pilze</b>	<i>Aspergillus</i> spp.	1	3	3	1	1	0
	<i>Candidozyma auris</i>	2	11	12	2	2	0
	<b>Gesamt</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>12</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>0</b>
<b>Bakterien+ Viren</b>	mehrere/ sonstige	3	10	28	0	0	0
<b>unbekannt</b>	Unklar	134	2	100	1	0	1
<b>Alle</b>	<b>Gesamt</b>	<b>4.262</b>	<b>2</b>	<b>183</b>	<b>385</b>	<b>308</b>	<b>59</b>
	<b>Gesamt (ohne SARS-CoV-2)</b>	<b>2.119</b>	<b>2</b>	<b>183</b>	<b>152</b>	<b>113</b>	<b>31</b>

## 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 2024: **811**
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren
- ▶ Männer sind mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen
- ▶ Meldepflicht besteht sowohl für Infektion als auch für Kolonisation

#### Kurzbeschreibung

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

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

*Acinetobacter* spp. weisen natürlicherweise eine Resistenz gegen eine Vielzahl von Antibiotika auf (intrinsische

Resistenz), z. B. gegen Beta-Laktam-Antibiotika wie Penicilline, Cephalosporine und Ertapenem. *A. baumannii* besitzt zudem die Fähigkeit, Resistenzen gegen weitere Antibiotika auszubilden (erworbene Resistenzen).

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

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

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

#### Falldefinition

Seit 2019 umfasst die Falldefinition nicht mehr nur *Acinetobacter*, die zum *A.-baumannii*-Komplex gehören, sondern alle *Acinetobacter* spp. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (n=811). 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

Tab. 6.1.1: **Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024**

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	180	24 %	179	22 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	334	45 %	392	48 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	227	31 %	240	30 %
alle	741	100 %	811	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	<b>741</b>	<b>100 %</b>	<b>811</b>	<b>100 %</b>

Kategorie »labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild (E)« erfasst (s. Tab. 6.1.1).

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden 811 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 1,0 Fällen pro 100.000 Einw. in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (0,9) leicht gestiegen.

**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 (2,7 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Auch in Hamburg (1,5) und Hessen (1,2) lag die Inzidenz über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde aus Bremen übermittelt (0,1).

Für 374 (46 %) der übermittelten Fälle lag eine Angabe zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Nach Deutschland mit 246 (66 %) Nennungen, wurde die Ukraine bei 37 Fällen (10 %) und die Türkei bei 18 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 (2,3 Fälle/100.000 Einw.) beobachtet. Bei den 60- bis 69-Jährigen liegt sie bei 1,5 Fällen/100.000 Einw. und bei den über 79-Jährigen bei 2,0 Fällen/100.000 Einw. Männer (1,3 Fälle/100.000 Einw.) sind mehr als doppelt so häufig betroffen wie Frauen (0,6 Fälle/100.000 Einw.). Auch in absoluten Zahlen waren Erwachsene ab 60 Jahre die am stärksten betroffene Altersgruppe (57 % aller Fälle).

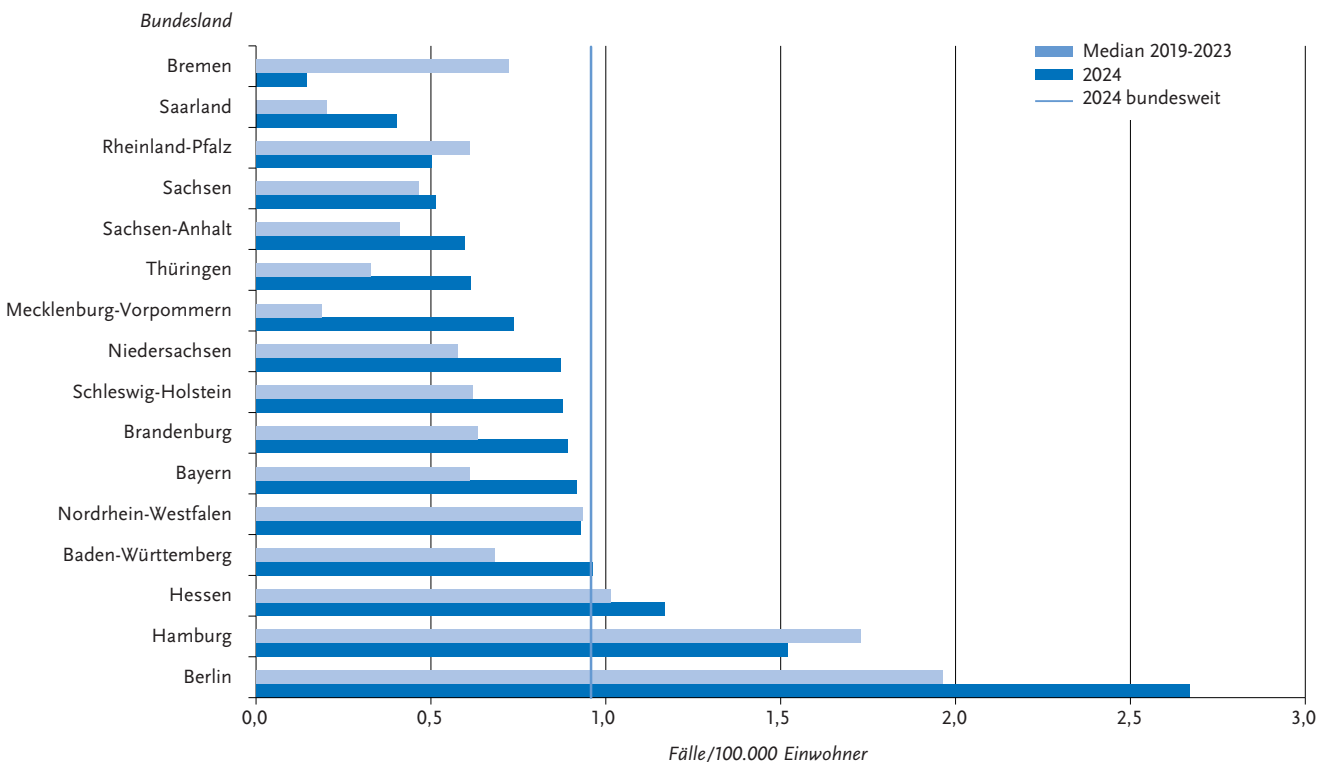
**Klinische Aspekte**

Für 545 der übermittelten Fälle (67 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 200 Fälle (37 %) wurden als Infektion und 345 Fälle (63 %) als Kolonisation übermittelt.

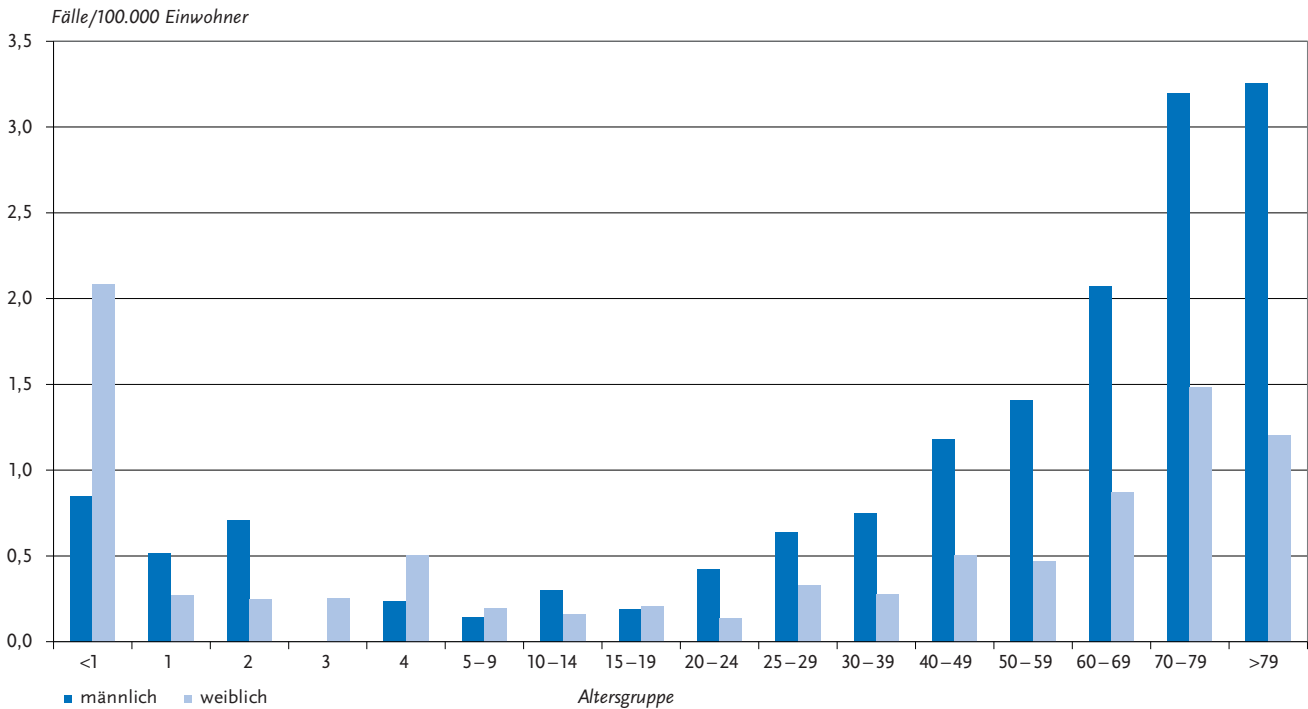
Für alle 811 Fälle lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor, insgesamt gab es 1063 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurden *Acinetobacter* spp. mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen in Urin (334-mal, 31% der Nennungen), Screening-Abstrichen (311-mal, 29 % der Nennungen), in Wundabstrichen (218-mal, 21 %) sowie in Trachealabstrichen/ bronchoalveolärer Lavage (127-mal, 12 %) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 731 Fälle (90 %) vorhanden, davon waren 639 Fälle (87 %) hospitalisiert. Unter 807 Fällen mit entsprechender Angabe wurden 47 Todesfälle registriert (6 %). Von diesen wurden 10 Fälle (21 %) 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, 2024 (n = 811) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2019 bis 2023)



**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, 2024 (n = 807)



**Nachgewiesene Erreger**

Für alle 811 (100 %) übermittelten Fälle lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter baumannii* (n = 428; 53 %) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter-baumannii*-Komplex (n = 199; 25 %).

**Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme**

Für 708 der 811 Fälle (87 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen Ergebnisse der Empfindlichkeitstestung für mindestens ein Carbapenem (Imipenem oder Meropenem) vor. Von 646 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 625 Fälle (97 %) gegen Imipenem und 634 Fälle

**Tab. 6.1.2:** Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Erreger, Deutschland, 2024 (n = 811)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Acinetobacter baumannii</i>	428	52,8 %
<i>Acinetobacter-baumannii</i> -Komplex	199	24,5 %
<i>Acinetobacter</i> spp.	70	8,6 %
<i>Acinetobacter pittii</i>	38	4,7 %
<i>Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus</i> -Komplex	32	3,9 %
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	13	1,6 %
<i>Acinetobacter ursingii</i>	11	1,4 %
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	5	0,6 %
<i>Acinetobacter nosocomialis</i>	4	0,5 %
<i>Acinetobacter junii</i>	3	0,4 %
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	3	0,4 %
<i>Acinetobacter guillouiae</i>	2	0,2 %
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	2	0,2 %
<i>Acinetobacter dijksboorniae</i>	1	0,1 %
<b>Summe</b>	<b>811</b>	<b>100 %</b>

(98 %) gegen Meropenem vermindert empfindlich. 614 Fälle (95 %) waren gegen beide Carbapeneme vermindert empfindlich.

### Nachgewiesene Resistenzgene

Für 465 von 811 Fällen (57 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 429 Fällen (92 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) durchgeführt. Mindestens ein Resistenzgen wurde bei 372 Fällen (87 % der getesteten Fälle) nachgewiesen. Die am häufigsten genannten Resistenzgene waren OXA-23 (bei 212 Fällen, 57 %), NDM bzw. NDM-1 (49 Fälle, 13%), OXA-72 (38 Fälle, 10 %) und OXA-51 (ISAbal upstream OXA-51 like) (30 Fälle, 8 %).

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 14 Ausbrüche mit insgesamt 46 Fällen übermittelt. Dem größten Ausbruch wurden 11 Fälle zugeordnet.

### Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2024 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, war mit 67 % der gleiche wie im Vorjahr. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 57 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie häufig eine übertragbare Resistenz vorliegt.

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

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 seit 2022 – wieder das Niveau der Fallzahlen vor der COVID-19-Pandemie, mit steigender Tendenz 2024.

### Literaturhinweise

- Baum JH, Dörre A, Reichert F, et al. *Changes in incidence and epidemiology of antimicrobial resistant pathogens before and during the COVID-19 pandemic in Germany, 2015–2022*. BMC microbiology. 2025;25(1). <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03723-5>
- ECDC: *Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) - Annual epidemiological report for 2023*. Stockholm, 2024. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-eueea-ears-net-annual-epidemiological-report-2023>
- Lebreton, F., Kondratiuk, V., Kovalchuk, V., et al. *High genetic relatedness between multidrug resistant bacteria before and after the 2022 invasion of Ukraine*. Genome Med. 2025;17(1). <https://doi.org/10.1186/s13073-025-01500-1>
- Pfennigwerth N, Möller S, Eisfeld J, Pankok F, Gaterman SG: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger für das Jahr 2024*. Epid Bull. 2025;20/21. <https://doi.org/10.25646/13143>
- 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>
- 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>
- 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. Abrufbar unter: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702>

## 6.2 Adenovirus-Konjunktivitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 356
- ▶ Wieder niedrigeres Niveau der jährlichen Fallzahlen nach deutlichem Anstieg im Jahr 2023
- ▶ 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 werden Fälle 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-Konjunktivitiden (pharyngokonjunktivales Fieber, folliculäre Konjunktivitis) werden primär von der Meldepflicht miterfasst, sofern eine Labordiagnostik mittels Augenabstrich durchgeführt wurde.

### Falldefinition

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

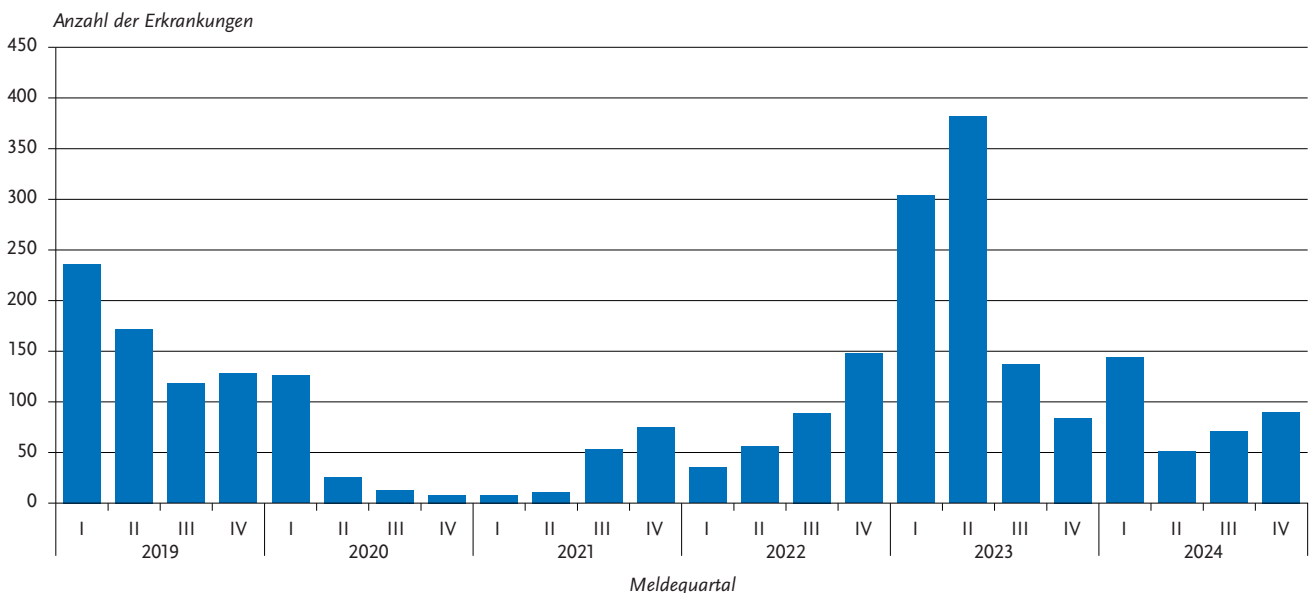
### Zeitlicher Verlauf

Mit 356 Erkrankungen ist die Anzahl der dem Robert Koch-Institut übermittelten Adenovirus-Konjunktivitiden im Jahr 2024 im Vergleich zum Vorjahr wieder auf einem niedrigen Niveau. Im I. Quartal 2024 war die Anzahl der übermittelten Fälle etwas höher als in den anderen Quartalen. (s. Abb. 6.2.1). Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einw.

Tab. 6.2.1: Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	11	1 %	14	3 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	896	79 %	342	75 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	31	3 %	19	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	199	18 %	80	18 %
alle	1.137	100 %	455	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>907</b>	<b>80 %</b>	<b>356</b>	<b>78 %</b>

Abb. 6.2.1: Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



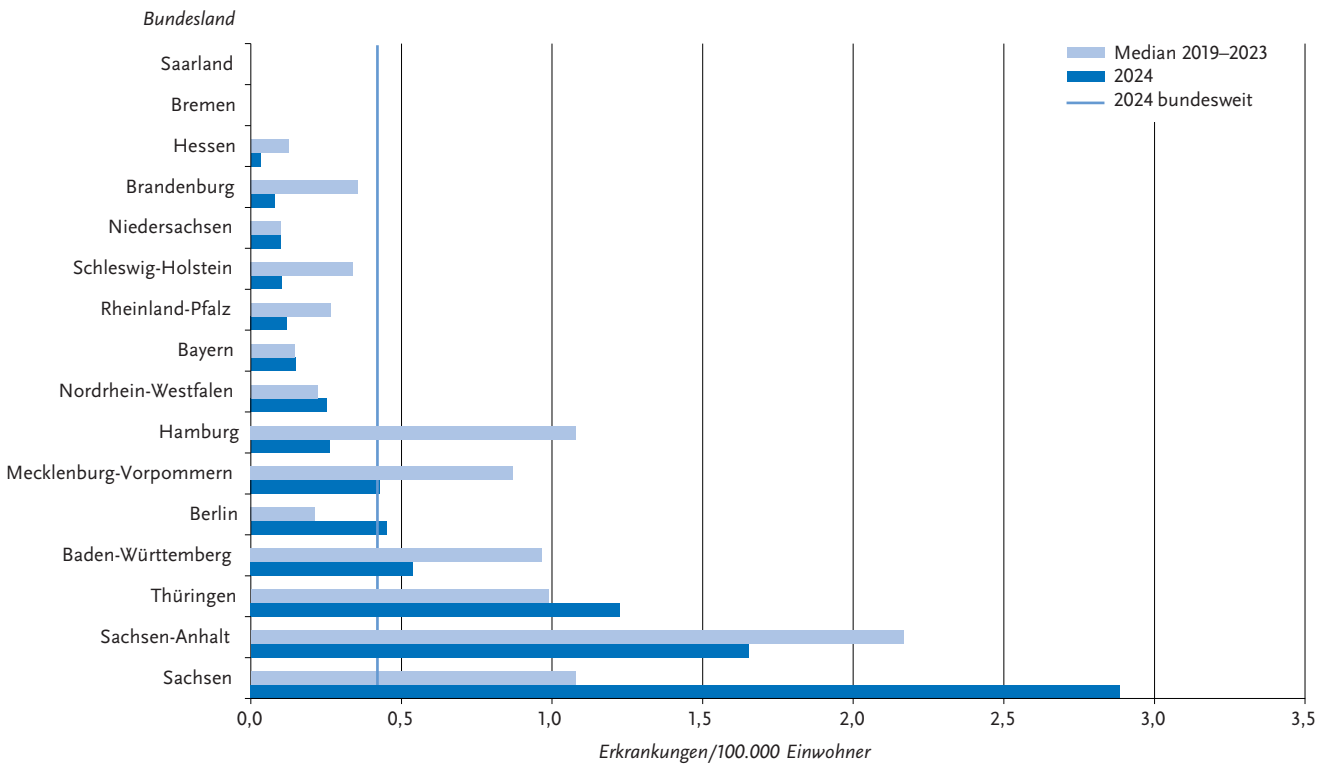
### Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden 2024 aus allen Bundesländern mit Ausnahme von Bremen und dem Saarland übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Sachsen (2,9 Erkr./100.000 Einw.) und Sachsen-Anhalt (1,7 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2).

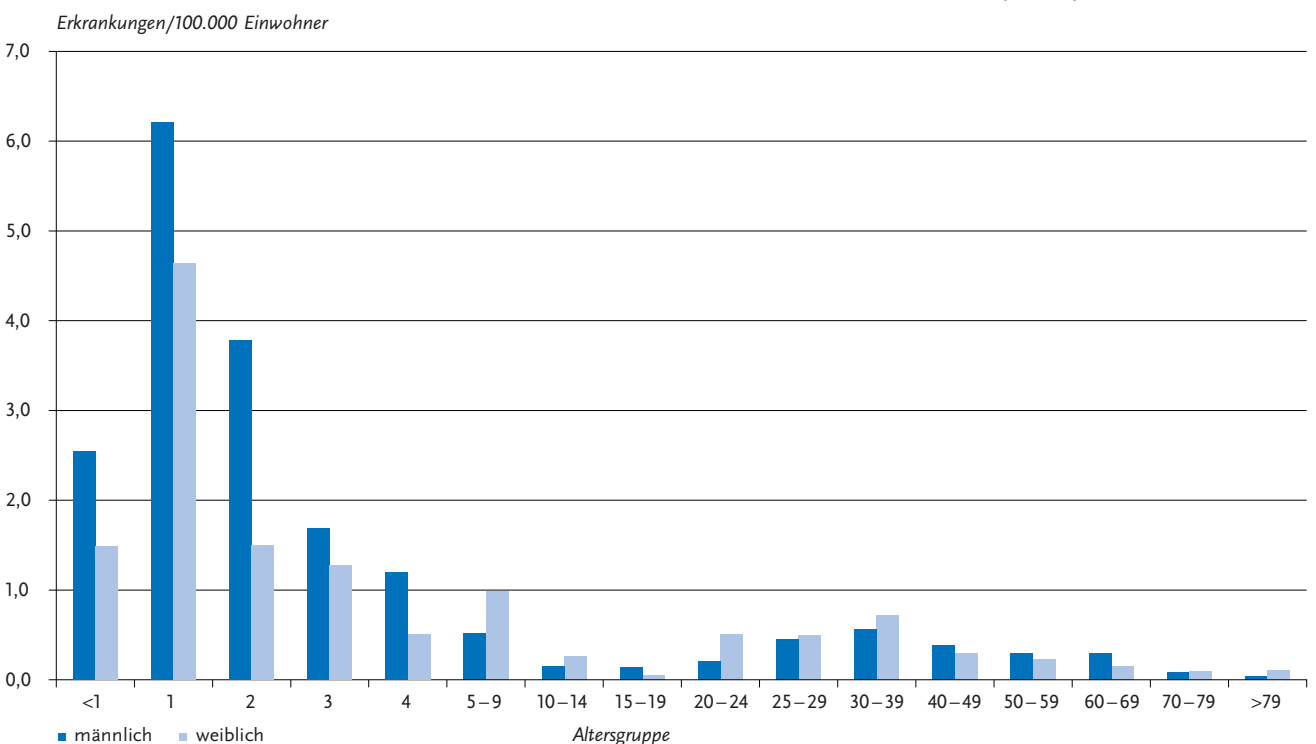
### Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (3,8 Erkr./100.000 Einw.) ermittelt, wobei Jungen bis 4 Jahren häufiger betroffen waren und im höheren Kindesalter eher 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, 2024 (n = 356) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.2.3:** Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 355)



**Tab. 6.2.2:**  
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktivitiden, Deutschland, 2023 und 2024

	2023		2024	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	13	29	5	13
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	2	11	1	10
<b>Alle Ausbrüche</b>	<b>15</b>	<b>40</b>	<b>6</b>	<b>23</b>

### Klinische Aspekte

Adenoviren können verschiedene Krankheitsbilder verursachen. Bei 4 Fällen wurde als Symptom das klinische Bild einer akuten Infektion des Respirationstraktes angegeben. Anders als im Vorjahr wurden Fälle mit Symptomen einer Infektion des Gastrointestinaltraktes nicht übermittelt.

### Nachgewiesene Erreger

Von insgesamt 171 Abstrichen mit Nachweis des Adenovirus wurden 169 nicht weiter typisiert.

### Ausbrüche

Neben den sporadischen Fällen und den Fällen in Ausbrüchen mit weniger als 5 Fällen wurde ein größerer Ausbruch mit insgesamt 10 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 lag im Jahr 2024 wieder auf einem niedrigen Niveau. Entscheidend bleibt weiterhin, Infektionen frühzeitig zu erkennen und durch Hygienemaßnahmen größere Ausbrüche zu verhindern.

### Literaturhinweise

- Gonzalez G, 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>
- 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>
- 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>
- RKI: *RKI-Ratgeber Adenovirus-Konjunktivitis*. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.3 Arbovirus-Erkrankungen, sonstige



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 7
- ▶ Je drei Mayaro- und Oropouchevirus-Infektionen erworben in Süd- bzw. Mittelamerika
- ▶ Eine autochthone symptomatische Usutuivirus-Infektion
- ▶ 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 hinweist. 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, 6.14, 6.20, 6.70, 6.73). Arbovirus-Erkrankungen mit möglichem hämorrhagischem

Verlauf (z. B. Gelbfieber, Krim-Kongo-Fieber, Rift-Valley-Fieber) sind im Kapitel »Virale Hämorrhagische Fieber« (s. Kap 6.69) 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.

**Mayaravirus:** Das Mayaravirus kommt bislang ausschließlich in Teilen von Süd- und Mittelamerika vor. Ähnlich wie bei Gelbfieber gibt es einen silvatischen und einen urbanen Übertragungszyklus. Das Krankheitsbild ähnelt dem von Chikungunyafieber, verläuft jedoch in der Regel mild. In der serologischen Diagnostik können Fehlbestimmungen auftreten, da die Antikörper gegen Mayaro- und Chikungunyavirus kreuzreagieren.

**Oropouchevirus:** Auch das Vorkommen von Oropouchevirus ist bislang auf Teile von Süd- und Mittelamerika beschränkt. 2024 wurden erstmals, ausgehend von Ausbrüchen u. a. auf Kuba, reiseassoziierte Fälle in verschiedenen Ländern in Europa registriert. Keine der bekannten Vektor-Stechmücken kommt in Europa vor, so dass es vermutlich ausgehend von reiseassoziierten Fällen nicht zu einer Weiterübertragung in Europa kommen kann. Die Symptome der Oropouche-Krankheit sind Dengue-ähnlich.

**Usutuvirus:** Das Usutuvirus wird u. a. durch *Culex*-Stechmücken übertragen. Bislang sind nur einzelne menschliche Erkrankungen bekannt, die auf eine Infektion mit dem Usutuvirus zurückzuführen sein könnten, da die meisten Infektionen asymptomatisch verlaufen. Da das Virus sehr eng mit dem West-Nil-Virus verwandt ist, können serologische Kreuzreaktionen auftreten und im Rahmen von Untersuchungen asymptomatischer Blutspender auf West-Nil-Virus beispielsweise auch Usutuvirus-Infektionen entdeckt werden.

## Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden in Deutschland 7 Infektionen mit sonstigen Arboviren übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Es handelte sich um je drei Fälle von Infektion mit Mayaravirus (alle infiziert in Suriname) und Oropouchevirus (alle infiziert auf Kuba). Hinzu kam eine symptomatische Infektion mit Usutuvirus bei einem Mann aus Brandenburg ohne Reiseanamnese.

Die Referenzdefinition wurden nicht erfüllt bei der asymptomatischen Infektion einer jugendlichen Person mit dem Sizilianischem Sandfliegenfiebertivirus (Infektionsort unbekannt) sowie 30 Usutuvirus-Infektionen ohne oder mit unbekanntem Symptomen, die unter Blutspendern diagnostiziert wurden, davon 2 reiseassoziiert, 10 ohne Angabe und 18 autochthon. In den drei Vorjahren wurden in Deutschland insgesamt 9 autochthone, asymptomatische Usutuvirus-Infektionen übermittelt – je ein Fall in den Jahren 2021 und 2022 sowie 7 Fälle im Jahr 2023.

Soweit nicht anders erwähnt, waren alle Betroffenen Erwachsene. Todesfälle wurden auch 2024 nicht registriert.

## Fazit

Im Jahr 2024 wurden erstmals Infektionen mit Mayaro- und Oropouchevirus in Deutschland übermittelt, die mit intensiven Ausbrüchen dieser Erreger vor allem in Süd- und Mittelamerikanischen Reiseländern assoziiert waren, wobei jedoch auch europäische Länder Fälle verzeichneten. Meist asymptomatische Infektionen mit dem Usutuvirus werden jedes Jahr aus verschiedenen Regionen Deutschlands und reiseassoziiert berichtet. Die Anzahl der übermittelten Infektionen mit Usutuvirus hat jedoch 2024 deutlich zugenommen. Auch in den letzten Jahren wurden vereinzelt Infektionen mit Sandfliegenfieber-Viren übermittelt, meist nach Italienaufenthalten.

## Literaturhinweise

- Castillett C MA, Matucci A, Ronzoni N, et al. *Oropouche fever cases diagnosed in Italy in two epidemiologically non-related travellers from Cuba, late May to early June 2024*. Euro Surveill. 2024;29(26). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.26.2400362>
- 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>
- Hommel F, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2024*. Epid Bull 2025; 48. <https://doi.org/10.25646/13568>
- Lachmann R, Meincke M, Grünewald T, et al. *Erste Oropouche-Fieber-Fälle in Deutschland unter Reiserückkehrenden aus Kuba*. Epidemiologisches Bulletin. 2024(31). <https://doi.org/10.25646/12471>
- 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 2024:  
**BoDV-1: 3 Fälle**, zwei davon retrospektiv  
**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, häufig 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. Andere Säugetiere (Pferde, Alpakas, Igel) können als Fehlwirte an einer BoDV-1-Infektion erkranken, sie gelten als nicht infektiös.

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. Dazu kommen 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 waren alle Altersgruppen ab dem 6. Lebensjahr betroffen. Infektionen erscheinen besonders im Kontext von sehr ländlichen Wohngebieten vorzukommen, weitere Risiken (neben ländlichem Wohnsitz), Infektionswege oder Transmissionsevents (wie z. B. Tierbiss) konnten bisher nicht identifiziert werden. Es wird von 5 bis 10 bundesweiten Neuerkrankungen pro Jahr 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 bei anderen exotischen 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 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 Tiere wurden entnommen. Nachweise in Tieren kamen im Jahr 2024 nicht vor, so dass weiterhin 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.

### BoDV-1

Im Jahr 2024 wurden drei molekular-bestätigte Fälle an das RKI übermittelt. Zwei der drei Fälle wurden retrospektiv gemeldet mit den Erkrankungsjahren 2016 bzw. 2023. Nur ein Fall erkrankte im Jahr 2024. Alle drei übermittelten Fälle hatten ihren Wohnsitz in Bayern. Es handelte sich um drei Männer im Alter von 25 bis 62 Jahren. Alle drei waren an einer Enzephalitis erkrankt und verstarben im kurzen Verlauf.

### VSBV-1

Im Jahr 2024 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. VSBV-1 Fälle konnten auch 2024 nicht identifiziert werden.

Bornavirus-Infektionen bleiben sehr selten. Von inapparenten oder milde verlaufenden Infektionen ist nicht auszugehen.

### Literaturhinweise

- Ebinger A, Santos PD, Pfaff F, et al.: *Lethal Borna disease virus 1 infections of humans and animals - in-depth molecular epidemiology and phylogeography*. Nat Commun. 2024;15(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-024-52192-x>
- 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. <https://doi.org/10.25646/6570>

RKI: *Informationen zur Vermeidung von Infektionen mit dem Borna Disease Virus*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/bornavirus](http://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 2024: 10
- ▶ 8 Fälle von Lebensmittelbotulismus, darunter ein Ausbruch mit 2 Fällen durch eine Pilzkonserve aus Russland
- ▶ 2 Fälle von Säuglingsbotulismus

### 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).

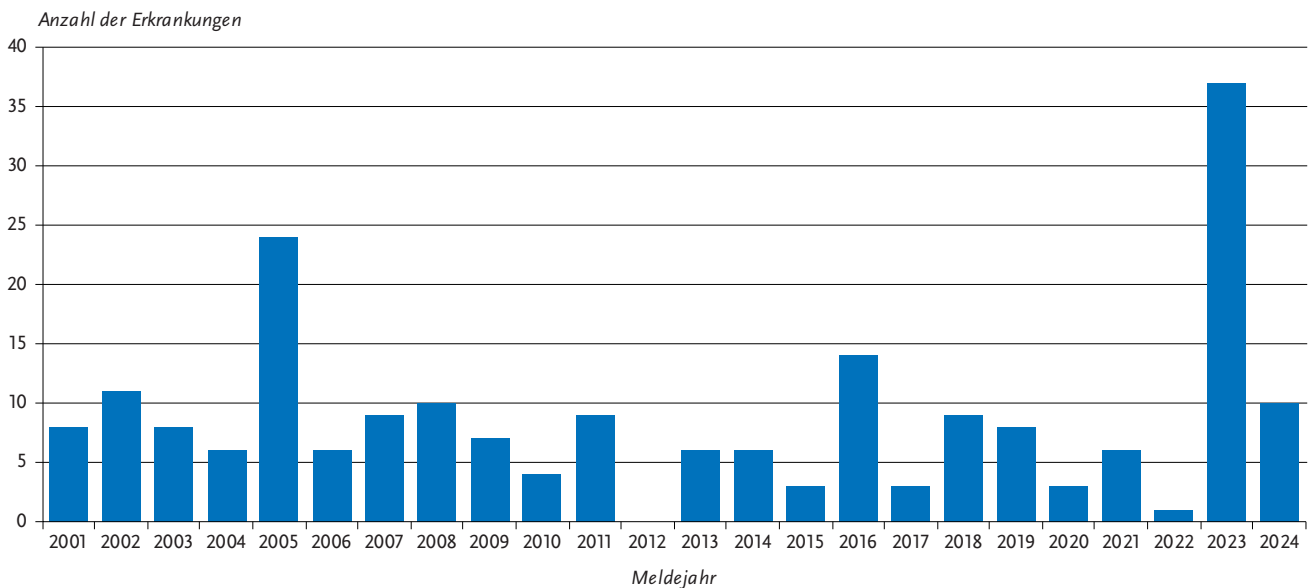
### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden 10 Botulismus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten (2023: 37 Erkrankungen, 2022: eine Erkrankung, 2021: 6 Erkrankungen, 2020: 3 Erkrankungen) (s. Abb. 6.5.1). Betroffen waren 6 weibliche und 4 männliche Personen. Es erkrankten 2 Säuglinge, eine Person im Jugendalter und 7 Erwachsene.

Es gab acht Fälle von Lebensmittelbotulismus: Zwei Fälle mit Toxintyp A hatten aus Russland importierte Pilze im Glas verzehrt; in dem Produkt wurde das passende Botulinumneurotoxin nachgewiesen. Bei vier Fällen mit Toxintyp B blieb die Infektionsquelle unklar, wobei die Intoxikation in einem Fall in Deutschland oder in Polen stattgefunden haben kann. Bei zwei Fällen mit Toxintyp E ist Fisch als Quelle der Intoxikation zu vermuten. Zudem gab es zwei Fälle von Säuglingsbotulismus (beide Toxintyp A, einmal mit bekannter Honig-Exposition).

Nach dem großen Ausbruch von iatrogenem Botulismus 2023, zurückzuführen auf Behandlungen mit Botulinumneurotoxin zum Zweck der Gewichtsreduktion in der Türkei, wurde 2024 nur ein einzelner Fall von scheinbar iatrogenem Botulismus nach einer ähnlichen Behandlung im Iran übermittelt, bei dem jedoch kein Labornachweis

Abb. 6.5.1:  
Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



mehr geführt werden konnte und der daher nicht die Referenzdefinition erfüllte.

Keine der betroffenen Personen ist als verstorben übermittelt.

### Fazit

Botulismus bleibt eine seltene Krankheit in Deutschland. Neben Lebensmittel-, Säuglings- und gelegentlich Wundbotulismus werden seit 2023 auch Fälle von iatrogenem Botulismus übermittelt. Gerade bei Einzelfällen von scheinbar iatrogenem Botulismus bleibt der Labornachweis aufgrund geringer Toxinmengen und häufig später Präsentation aber schwierig.

### 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>

Deutsches Ärzteblatt: *Warnung vor Bakteriengiften in Pilzglas*, 2024. Abrufbar unter: <https://www.aerzteblatt.de/news/warnung-vor-bakteriengiften-in-pilzglas-ce9d1190-9925-46d7-ae73-d23c619ca54f>

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*. Abrufbar unter: [www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/type-e-botulism-associated-fish-product-consumption-germany-and-spain-21-december](http://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/type-e-botulism-associated-fish-product-consumption-germany-and-spain-21-december)

Hendrick 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>

Meurice et al.: *Foodborne botulism outbreak involving different nationalities during the Rugby World Cup: critical role of credit card data and rapid international cooperation, France, September 2023*. Euro Surveill. 2023.  
<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2023.28.47.2300624>

RKI: *RKI-Ratgeber Botulismus*. 2022. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.6 Brucellose

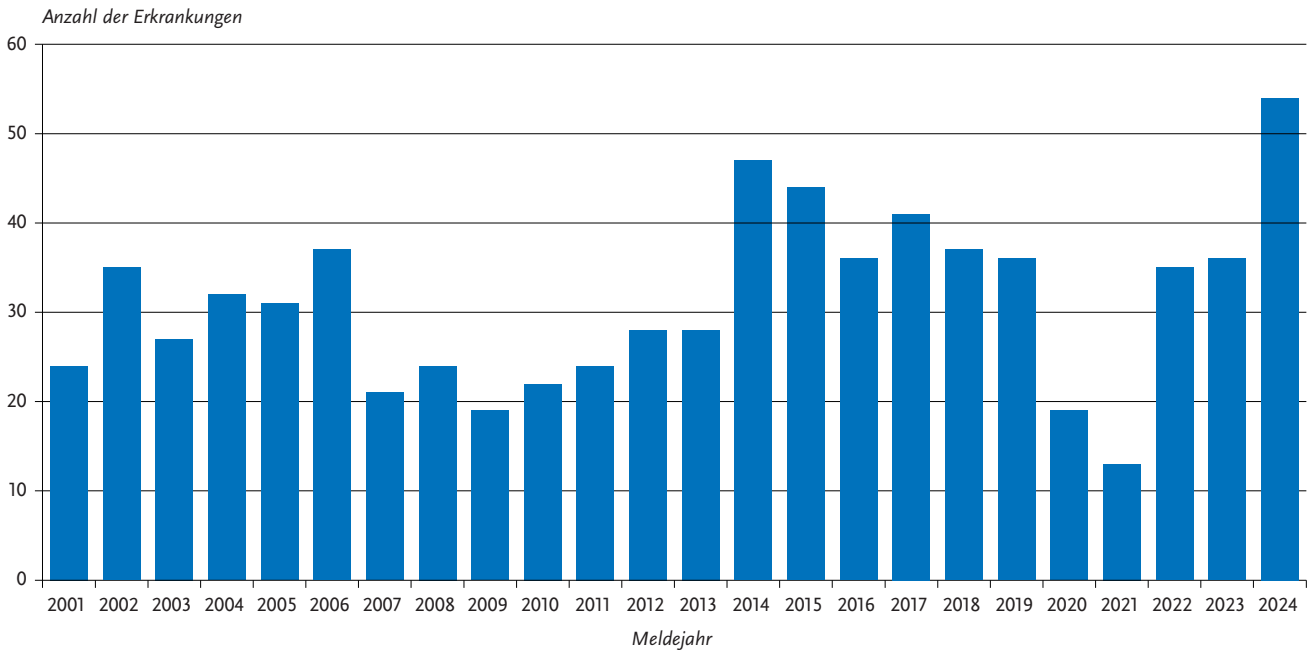


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 54
- ▶ Fallzahl deutlich über Vorjahresniveau
- ▶ Inzidenz unter Männern deutlich höher als unter Frauen
- ▶ Medianes Alter 40,5 Jahre (Spanne: 11–86)

### 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. Nutztier (Rinder, Ziegen und Schafe) stellt das für den Menschen relevante Reservoir dar. Beim Menschen verläuft die Brucellose in der Regel als akute Erkrankung mit Symptomen wie Fieber, Übelkeit, Müdigkeit, Kopfschmerzen oder Nachtschweiß, 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

**Abb. 6.6.1:**  
Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



Falldefinition schließt explizit Fälle aus, bei denen Symptome bereits länger als 12 Monate bestehen.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden 54 Brucellose-Erkrankungen übermittelt, 18 mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.6.1). Es erkrankten 31 Männer und 23 Frauen im Alter von 11 bis 86 Jahren (Median: 40,5 Jahre). Erkrankungen wurden aus 12 Bundesländern übermittelt: Bayern und Nordrhein-Westfalen (jeweils 11), Baden-Württemberg (9), Berlin, Hamburg, Hessen (jeweils 5), Rheinland-Pfalz (3), Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Saarland, Sachsen, Schleswig-Holstein, (je eine).

Für 44 Erkrankungen wurden 52 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Die häufigsten genannten wahrscheinlichen Infektionsländer außerhalb Deutschlands (20) waren die Türkei (10 Nennungen), Bosnien und Herzegowina, der Irak, Kenia, Österreich und Rumänien (je 2). Für 17 Erkrankungen (39 %) mit Angaben wurde Deutschland als einziges Infektionsland genannt.

Bei 19 Erkrankungen mit Angaben zur Erregerdifferenzierung wurde für 17 *B. melitensis* und für zwei *B. abortus* als Erreger angegeben. Im Jahr 2024 wurde ein Ausbruch mit 2 Personen und keine Todesfälle aufgrund von Brucellose übermittelt.

### Fazit

In Deutschland ist Brucellose relativ selten. Im Jahr 2024 ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr deutlich angestiegen.

### 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>
- Falkenhorst G, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2023*. Epid Bull 2024; 45. <https://doi.org/10.25646/12884.2>
- RKI: *RKI-Ratgeber Brucellose*. 2024. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- 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>

## 6.7 Campylobacter-Enteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **46.112**
- ▶ Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Gastroenteritis
- ▶ Inzidenz um 3 % niedriger als der Median der 5 Vorjahre
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- ▶ Meist sporadische Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Bakterien der Gattung *Campylobacter* verursachen eine Darminfektion, die typischerweise mit Bauchschmerzen und wässrigem, gelegentlich blutigem Durchfall einhergeht. Die

wichtigsten humanpathogenen Spezies sind *C. jejuni* und *C. coli*. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt vor allem über Lebensmittel tierischen Ursprungs (Geflügel, Rohmilch). Als seltene Komplikationen können Gelenkentzündungen sowie das Guillain-Barré-Syndrom (eine mit Lähmungserscheinungen einhergehende Nervenerkrankung) auftreten.

**Falldefinition**

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.7.1). Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 erfüllt auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. mittels PCR, die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis einer *Campylobacter*-Enteritis.

**Zeitlicher Verlauf**

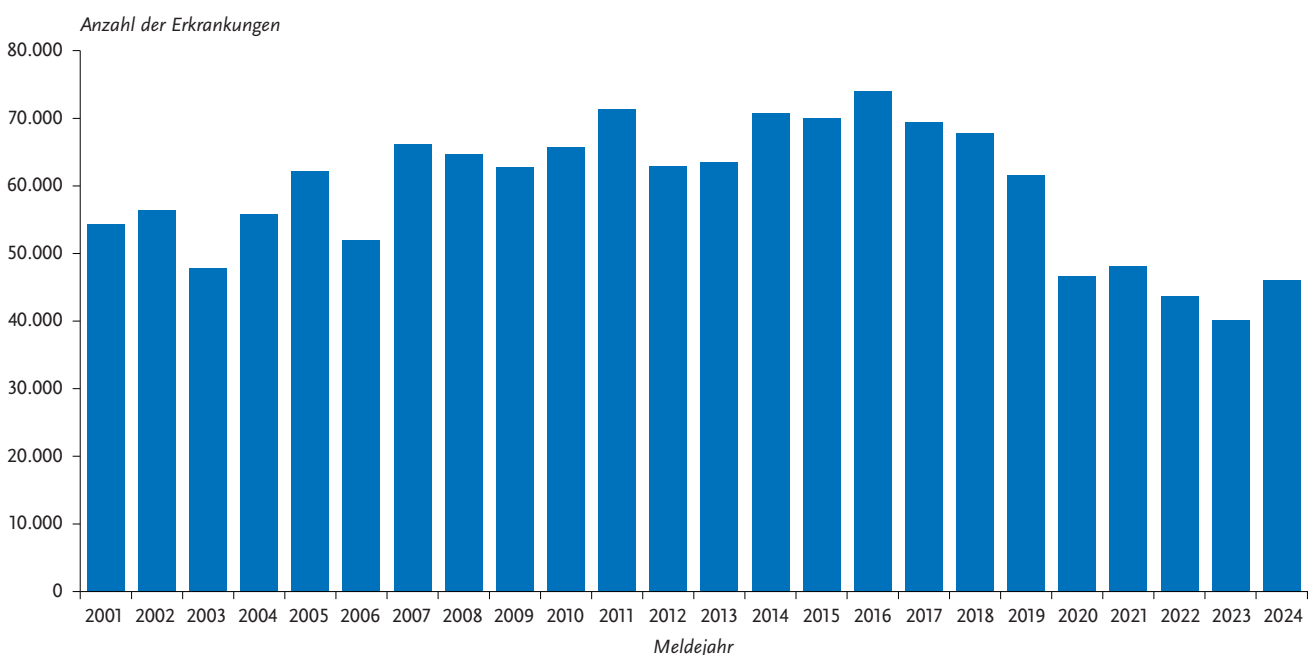
Im Jahr 2024 wurden insgesamt 46.112 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 54,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2024 um 15 % höher als im Vorjahr. Damit setzt sich der von 2016 bis 2023 beobachtete abnehmende Trend bei übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden nicht weiter fort. Die Anzahl der *Campylobacter*-Enteritiden lag jedoch auch 2024 im Vergleich zu den Jahren bis 2019 weiterhin auf einem deutlich niedrigeren Niveau (s. Abb. 6.7.1). Unter den meldepflichtigen Krankheiten, die im Jahr 2024 an das RKI übermittelt wurden, war die *Campylobacter*-Enteritis die häufigste bakterielle Gastroenteritis.

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

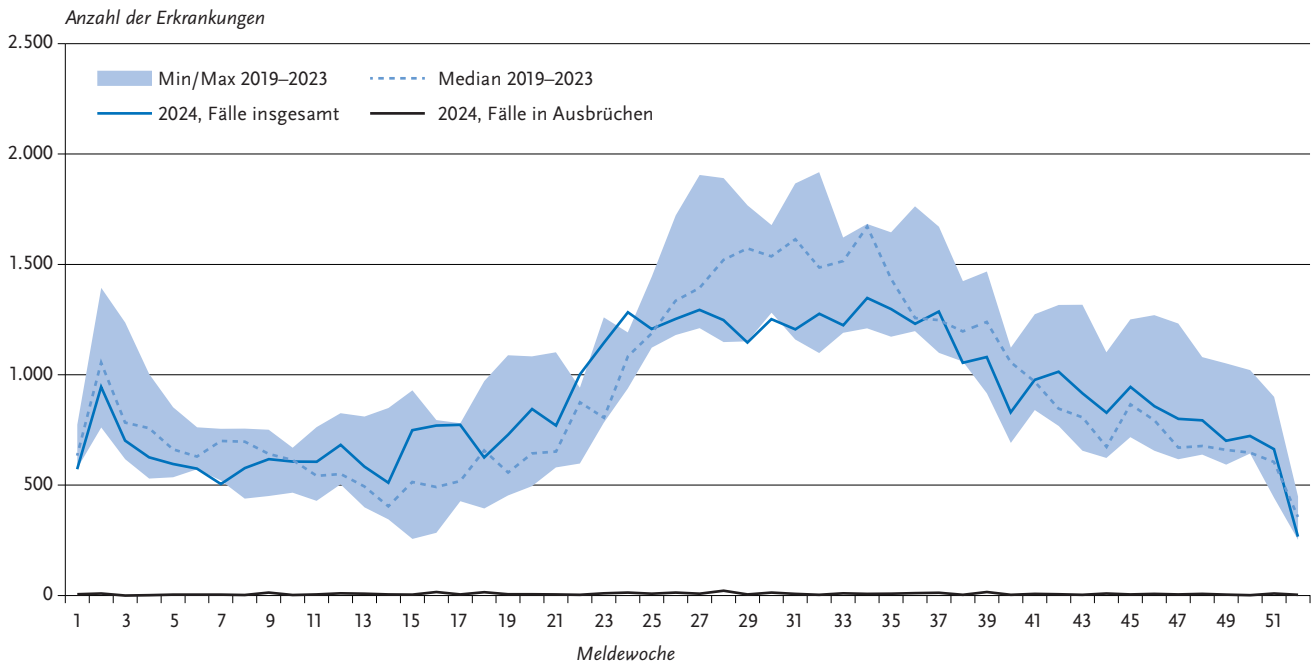
**Tab. 6.7.1:** Übermittelte Fälle von *Campylobacter*-Enteritis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	134	0 %	123	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	40.084	81 %	45.989	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	592	1 %	711	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	8.802	18 %	11.982	20 %
alle	49.612	100%	58.805	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>40.218</b>	<b>81 %</b>	<b>46.112</b>	<b>78 %</b>

**Abb. 6.7.1:** Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.7.2:**  
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 46.112) im Vergleich mit den Vorjahren



Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresanfang, der nicht nur auf Nachmeldungen von den vorausgegangenen Feiertagen, sondern auch auf eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januartagen zurückzuführen ist (s. Abb. 6.7.2).

### Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (86 Erkr./100.000 Einw.), Thüringen (78) und Mecklenburg-Vorpommern (77) registriert. In neun Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der Jahre 2019 bis 2023 (s. Abb. 6.7.3). Der Rückgang der Inzidenz gegenüber dem Median der 5 Vorjahre war in Schleswig-Holstein (–18 %), Mecklenburg-Vorpommern (–17 %), Sachsen (–16 %) und im Saarland (–14 %) am stärksten. In Bremen (+11 %), Rheinland-Pfalz (+5 %), Niedersachsen (+3 %) und Nordrhein-Westfalen (+3 %) wurde im Jahr 2024 eine leichte Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre beobachtet, während die Inzidenz in Baden-Württemberg, Bayern und Hamburg etwa gleich blieb.

Für 28.109 (61 %) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (28.568 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 81 % der Nennungen (23.180) auf Deutschland. Am häufigsten genannte andere Infektionsländer waren Spanien (694 Nennungen), Türkei (429), Indonesien (377) und Thailand (307).

### 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 84 Erkr./ 100.000 Einw. Unter den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (71) und den 25- bis 29-Jährigen (66) am höchsten. Jungen und Männer (61) waren in allen Altersgruppen häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (48), mit Ausnahme der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen. Hier war die Inzidenz bei den Frauen (67) etwas höher als bei den Männern (65) (s. Abb. 6.7.4).

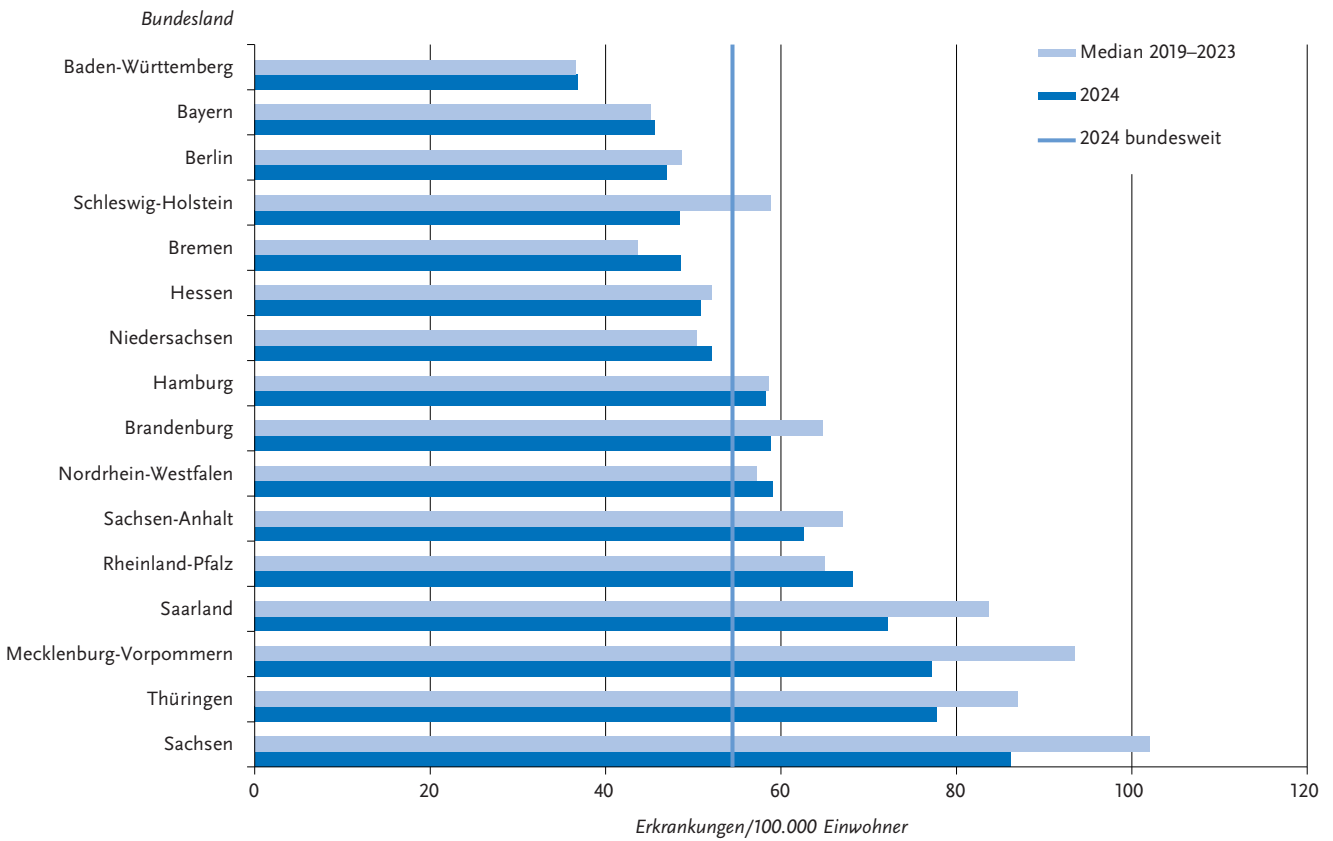
### Klinische Aspekte

Für alle übermittelten Erkrankungen wurden Symptome angegeben (95.442 Nennungen, Mehrfachangaben möglich). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (98 % der Erkrankungen mit Angaben zu Symptomen), gefolgt von Bauchschmerzen (64 %), Fieber (30 %) und Erbrechen (15 %). Im Jahr 2024 wurden 4 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um 2 Frauen und 2 Männer im Alter von 75 bis 90 Jahren.

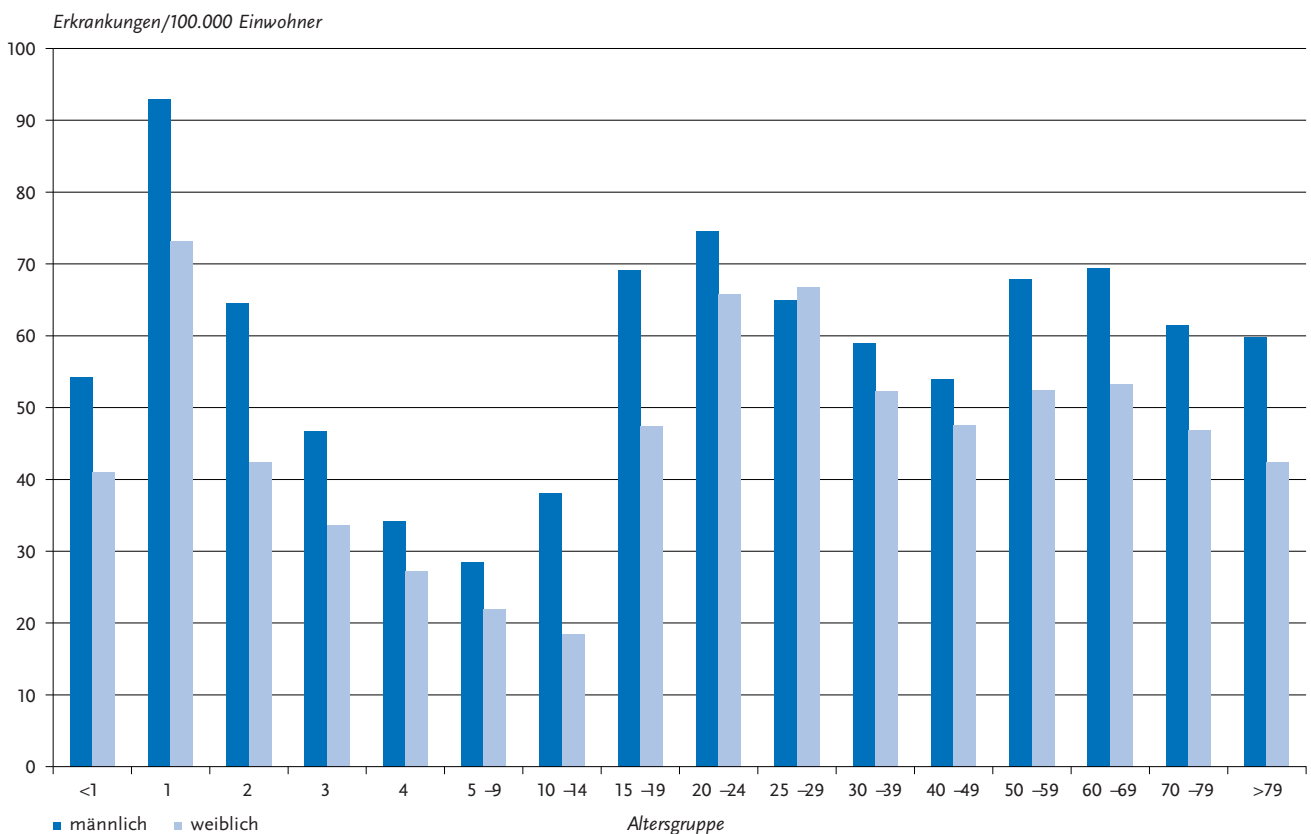
### Nachgewiesene Erreger

Zu 23.801 (52 %) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 52 % auf *C. jejuni*, 7 % auf *C. coli* und 39 % auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Der Anteil der *Campylobacter*-Enteritiden mit Speziesangaben, bei denen nicht zwischen *C. jejuni* und *C. coli* differenziert wurde, hat sich im Vergleich zum Vorjahr etwa verdoppelt (2023: 19 %). Sonstige Spezies, z. B. *C. upsaliensis* (0,6 %), *C. fetus* (0,4 %), *C. lari* (0,1 %) oder andere (<0,1 %) wurden deutlich weniger häufig genannt. Bei 20.271 (44 %) 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, 2024 (n = 46.112) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.7.4:** Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 46.049)



## Ausbrüche

Es wurden 158 Ausbrüche mit insgesamt 359 Erkrankungen übermittelt. Das entspricht einer Zunahme der Ausbrüche im Vergleich zum Vorjahr um 9 %. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug weniger als ein Prozent (0,8 %). Es wurden 154 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 332 Erkrankungen) und 4 Ausbrüche mit insgesamt 27 Erkrankungen übermittelt. Der größte Ausbruch umfasste 10 Erkrankungen, stand im Zusammenhang mit dem Infektionsumfeld „Kindergarten, Hort“ und wurde aus Bayern übermittelt. Der zweitgrößte Ausbruch mit 7 Fällen ereignete sich in Niedersachsen und stand mit dem Infektionsumfeld „Arbeitsplatz“ in Zusammenhang. Dieser Ausbruch wurde als lebensmittelbedingt übermittelt. Als verdächtiges Lebensmittel wurde Schweinemett angegeben.

## Datenqualität

Der Anteil der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden, bei denen keine Erregerspezies, sondern nur die Gattung *Campylobacter* spp. angegeben wurde, betrug 44 % und war damit etwas höher als im Vorjahr (2023: 39 %). Auffällig war auch die starke Zunahme der übermittelten Erkrankungen mit der Speziesangabe „*C. coli/jejuni* (nicht differenziert)“. 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 diagnostischem 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 2024 mit 46.112 um 15 % höher als im Vorjahr 2023 (40.218). Der abnehmende Trend bei den übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden von 2016 bis 2023 hat sich damit nicht weiter fortgesetzt. Die Zahl der übermittelten Erkrankungen liegt aber weiterhin deutlich unter dem Niveau der Vorpandemiejahre.

## Literaturhinweise

- Banerji S, Fruth A, Flieger A: *Intensivierte genom-basierte Surveillance von Campylobacter-Isolaten humaner Erkrankungsfälle in Deutschland*. *Epid Bull* 2021; 33. <https://doi.org/10.25646/8838>
- Gözl G, Rosner B, Hofreuter D, et al.: *Relevance of Campylobacter to public health – the need for a One Health approach*. *Int J Med Microbiol* 2014; 304(7). <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2014.08.015>

RKI: *RKI-Ratgeber Campylobacter-Enteritis*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

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>

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 *Candidozyma auris*, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 20
- ▶ Überwiegend Männer betroffen
- ▶ Häufig multiple Resistenzen gegenüber Antimykotika
- ▶ Hohes Potenzial der Entwicklung von Ausbrüchen

### Kurzbeschreibung

*Candidozyma auris* (*C. auris*; früher *Candida auris*) ist ein Hefepilz der Gattung *Candidozyma*. 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 Infektion mit *C. auris* sind möglich. Im Unterschied 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

**Tab. 6.8.1:**  
Übermittelte Fälle von invasiven *C.-auris*-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024  
(Beginn der Meldepflicht: 21.07.2023)

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	2	29 %	7	35 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5	71 %	6	30 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	7	35 %
alle	7	100 %	20	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>7</b>	<b>100 %</b>	<b>20</b>	<b>100 %</b>

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 Abs.1 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 Abs. 3 IfSG meldepflichtig.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden 20 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. In 14 Fällen (70 %) handelte es sich um männliche und in 6 Fällen (30 %) um weibliche Personen. Das Alter der betroffenen Personen lag zwischen 25 und 82 Jahren. Die meisten Fälle (8) wurden aus Nordrhein-Westfalen übermittelt, was einer Inzidenz von unter 0,1 Fällen/100.000 Einw. entspricht. Weitere Fälle wurden aus Bayern (5), Baden-Württemberg (3), Niedersachsen (2), Hamburg (1) und Hessen (1) übermittelt.

Eine Untererfassung der Fallzahlen ist möglich, da die Identifizierung von *C. auris* außerhalb von Speziallaboren, die spezifische Diagnosemethoden anwenden, durch MALDI-TOF erfolgen muss.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 12 (60 %) der 20 Fälle vor. Die überwiegende Mehrheit dieser Fälle (83 %) wurde in Deutschland erworben.

Es wurde kein Todesfall als direkte Folge der invasiven *C.-auris*-Infektion unter den 2 Fällen mit entsprechenden Angaben berichtet. 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.

Gemäß § 6 IfSG wurden innerhalb von Ausbrüchen insgesamt 23 Nachweise von *C. auris* gemeldet, welche zwei unabhängigen Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden konnten. Zumeist handelte es sich um Kolonisationen, in 9 Fällen lag eine Infektion vor. Nicht alle im Rahmen dieser

Ausbrüche übermittelten Nachweise erfüllten die Referenzdefinition einer invasiven *C.-auris*-Infektion.

Ein Ausbruch im SK München aus dem Jahr 2023 setzte sich mit weiteren 12 Fällen im Jahr 2024 fort. Hierbei lagen zwischen den Anfang 2024 gemeldeten und den nachfolgend gemeldeten Fällen 5 Monate. Dies zeigt die Notwendigkeit eines langen Screenings. Ein weiterer Ausbruch wurde aus Nordrhein-Westfalen (11 Nachweise) übermittelt.

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 Absatz 3 IfSG bzw. § 10 Absatz 1 (Hinweis auf im Rahmen des Ausbruches zu meldende Kolonisationen) gemeldet.

Eine Unterscheidung zwischen Kolonisation und Infektion ist anhand der übermittelten Informationen nicht immer sicher möglich.

### 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 oft 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 entsprechenden Hygienemaßnahmen und Screenings bei Nachweis von *C. auris* - unabhängig vom Infektionsstatus und insbesondere auch bei Ausbrüchen mit einem anzunehmenden Übertragungsereignis – notwendig, um weitere Übertragungsergebnisse rechtzeitig zu unterbinden.

## 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. Abrufbar unter: <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. Abrufbar unter: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240060241>

## 6.9 Chikungunyavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 51
- ▶ Wiederanstieg der Fallzahlen nach den durch die Reiseeinschränkungen der COVID-19-Pandemie geprägten Jahren 2020-2022
- ▶ Weiterhin keine autochthonen Übertragungen
- ▶ Infektionsländer in Asien, Süd/Mittelamerika 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. Die Erkrankung verläuft in der Regel selbstlimitierend und nur sehr selten tödlich. Seit 2024 ist ein Impfstoff in der EU zugelassen.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden in Deutschland 51 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (2023: 44 Fälle) (s. Abb. 6.9.1).

Außer drei Kindern im Alter unter 5 Jahren waren alle Fälle Erwachsene zwischen 20 und 69 Jahre alt. Es erkrankten 27 weibliche Personen und 24 männliche Personen – in den meisten Jahren werden etwas mehr Fälle bei Frauen als bei Männern diagnostiziert, vor allem unter jungen Erwachsenen. Todesfälle wurden nicht übermittelt. Zu den insgesamt 51 Fällen lagen 54 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor: Indien (20), die Malediven (5), Mexiko (4), Brasilien, Pakistan und die Philippinen (je 3) und Sri Lanka (2) wurden mehrfach genannt. Die meisten Betroffenen infizierten sich in Asien (71 %), gefolgt von den Amerikas (18 %) und Afrika (12 %).

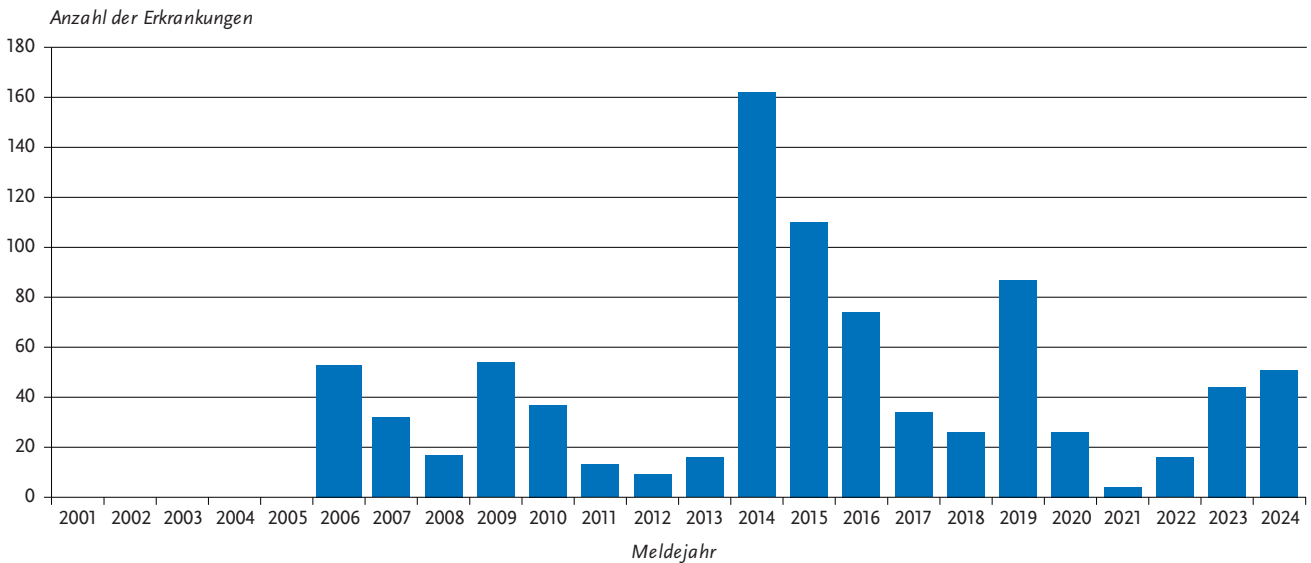
### Fazit

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. Die hohen Fallzahlen 2014 bis 2016 spiegeln große Ausbrüche in Süd- und Mittelamerika wider. 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. Die Meldung von Chikungunyahäufigkeitsfällen geschieht, relativ zum Erkrankungsbeginn, deutlich später als z. B. bei Denguefieberfällen (30 Tage vs. 10 Tage); wenn vor allem die nach Chikungunyavirusinfektionen oft langanhaltenden Gelenkschmerzen Anlass zur Diagnose sind, deutet dies eine substantielle Untererfassung auch symptomatischer Chikungunyahäufigkeitsinfektionen an. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren (*Aedes albopictus*) vor, die das Virus von infizierten Reiserückkehrenden aufnehmen können. 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>

**Abb. 6.9.1:**  
Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



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>

Lühken R, Rauhöft L, Pluskota B, et al. *High vector competence for chikungunya virus but heavily reduced locomotor activity of Aedes albopictus from Germany at low temperatures*. Parasites & Vectors. 2024;17(1). <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06594-x>

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. <https://doi.org/10.25646/6480>

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>

## 6.10 Cholera



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 4
- ▶ Reiseassoziierte Erkrankung, keine autochthonen Übertragungen seit mindestens 2001
- ▶ Weltweite Cholera-Situation beeinflusst Inzidenz in Deutschland

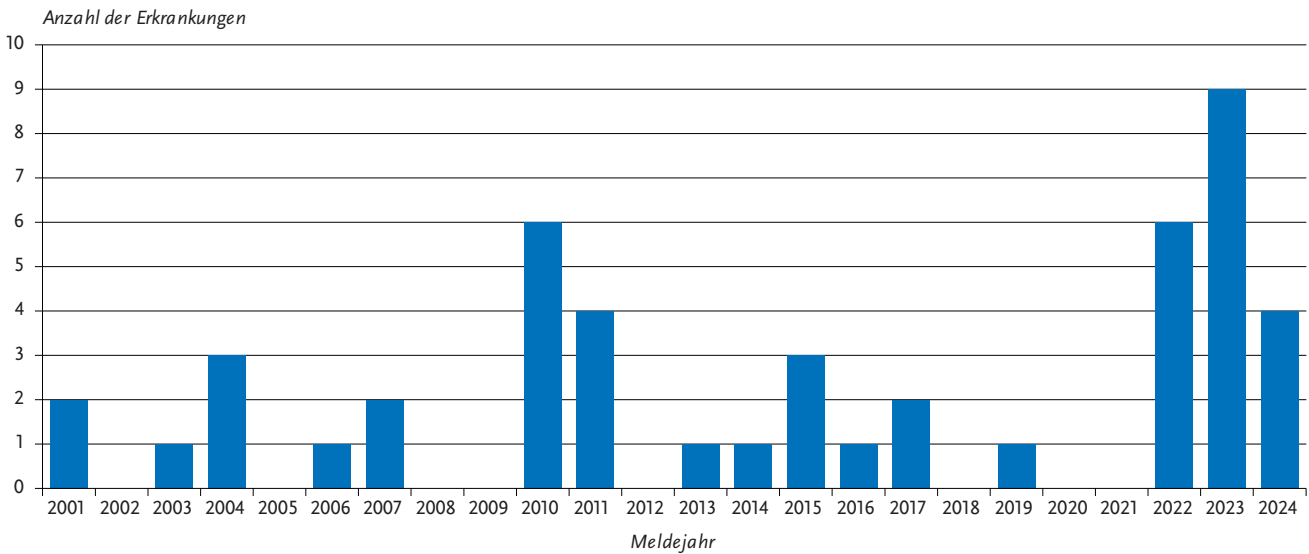
### Kurzbeschreibung

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

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden 4 Cholera-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.10.1). Je 2 Erkrankte waren weiblich bzw. männlich; neben einem Kleinkind waren nur Erwachsene betroffen. Die Erkrankungen betrafen Bremen, Hessen, Bayern und Nordrhein-Westfalen. Die Infektion wurde bei 2 Erkrankten durch *Vibrio cholerae* Serogruppe O1 verursacht; bei den anderen Erkrankungen wurde keine Serogruppe übermittelt. Als Infektionsländer wurden Eritrea, Tansania, Indien und der Irak genannt. Alle Betroffenen, für die ein Impfstatus übermittelt wurde (3 von 4), waren ungeimpft. Keiner der Erkrankten ist verstorben.

**Abb. 6.10.1:**  
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



Die seit 2001 übermittelten Cholera-Erkrankungen sind in Abb. 6.10.1 dargestellt. Ausgehend von reiseassoziierten Erkrankungen sind dem RKI seit 2001 keine Übertragungen innerhalb Deutschlands bekannt.

#### Fazit

Die Häufigkeit reiseassoziiertes Cholera-Fälle in Deutschland ist abhängig von der Cholera-Situation in der Welt. Laut WHO gab es nach den Jahren der COVID-19-Pandemie in vielen Ländern eine Rückkehr großer Cholera-Ausbrüche, in deren Kontext sich vereinzelt auch Reisende aus Deutschland infizierten.

#### Literaturhinweise

- Hommes F, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2024*. *Epid Bull* 2025; 48. <https://doi.org/10.25646/13568>
- 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/10.25646/12006.5>

## 6.11 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 126
- ▶ Fallzahl im Jahr 2024 ist deutlich unter Vorjahresniveau
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen
- ▶ Ausschließlich sporadische CJK-Fälle übermittelt

#### Kurzbeschreibung

Die Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJK) gehört zur Gruppe der spongiformen Enzephalopathien, bei denen es zu neurodegenerativen schwammartigen Gehirnveränderungen mit rapid progredienter Beeinträchtigung kognitiver und motoneurologischer Funktionen kommt. Als Ursache werden falsch gefaltete Proteine, sogenannte Prionen, angesehen (auch PrPsc oder Scrapie Prion Protein genannt).

Humane spongiforme Enzephalopathien können sporadisch auftreten (sporadische CJK). Auslösende Faktoren der Erkrankung sind unbekannt. Es gibt jedoch auch Formen der CJK, die übertragen (z. B. iatrogene CJK, variante CJK, Kuru) oder vererbt (genetische Prionerkrankungen) werden können. Die familiär-hereditären Formen der humanen spongiformen Enzephalopathien können mittels Sequenzierung des Prionprotein-Gens PRNP identifiziert werden und 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).

Tab. 6.11.1:  
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	131	83 %	119	94 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	25	16 %	7	6 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2	1 %	0	0 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	0	0 %
alle	158	100 %	126	100 %
<b>Referenzdefinition (A+B+C+D+E)</b>	<b>158</b>	<b>100 %</b>	<b>126</b>	<b>100 %</b>

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. In Deutschland ist bisher kein Fall der vCJK aufgetreten. Alle spongiformen Enzephalopathien verlaufen tödlich. Es stehen derzeit weder eine kausale 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 für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien (s. Tab. 6.11.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden dem RKI 126 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.11.1). Im Vergleich zum Vorjahr hat sich die Anzahl der übermittelten Fälle deutlich verringert und befindet sich etwa auf dem Niveau von 2021 (s. Abb. 6.11.1).

### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz entsprach mit etwa 0,1 Fällen pro 100.000 Einw. der weltweit beobachteten Inzidenz. Aus allen Bundesländern mit Ausnahme von Bremen wurden im Jahr 2024 Fälle übermittelt. Die meisten Fälle wurden aus Bayern (30), Baden-Württemberg (19) und Nordrhein-Westfalen (16) übermittelt. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor (s. Abb. 6.11.2).

### Demografische Verteilung

Der überwiegende Teil der übermittelten Fälle betraf Personen im Alter über 50 Jahre, 3 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 etwa 0,7 Fällen/100.000 Einw. in der Altersgruppe der 70- bis 79-jährigen Frauen am höchsten. Bei Männern dieser Altersgruppe betrug die Inzidenz etwa 0,6. Insgesamt waren Frauen im Jahr 2024 mit 67 Fällen häufiger betroffen als Männer mit 59 Fällen (s. Abb. 6.11.3).

### Klinische Aspekte

Bei 80 der 126 Fälle wurde übermittelt, dass sie verstorben sind, wobei 77 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind. Bei 3 Fällen wurde eine andere Todesursache übermittelt. Es gab keinen Fall mit unbekannter Todesursache. Alle Fälle wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet.

### Ausbrüche

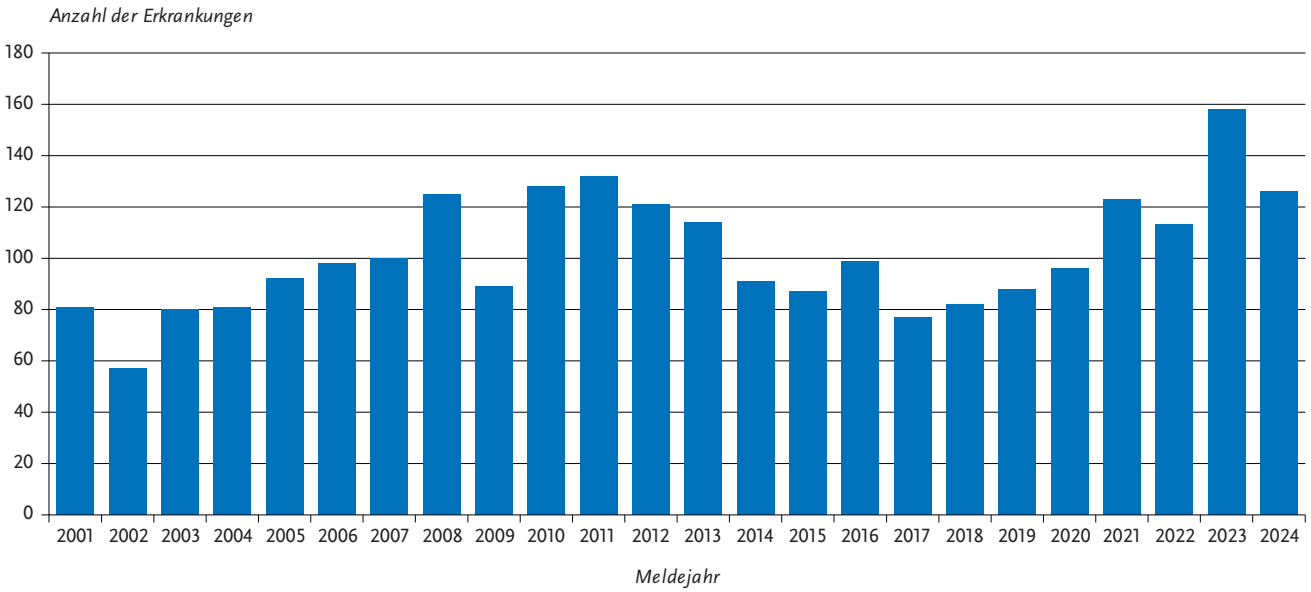
Im berichteten Zeitraum sind Ausbrüche nicht vorgekommen. Bei allen übermittelten Fällen handelt es sich um sporadische CJK-Erkrankungen.

### Datenqualität

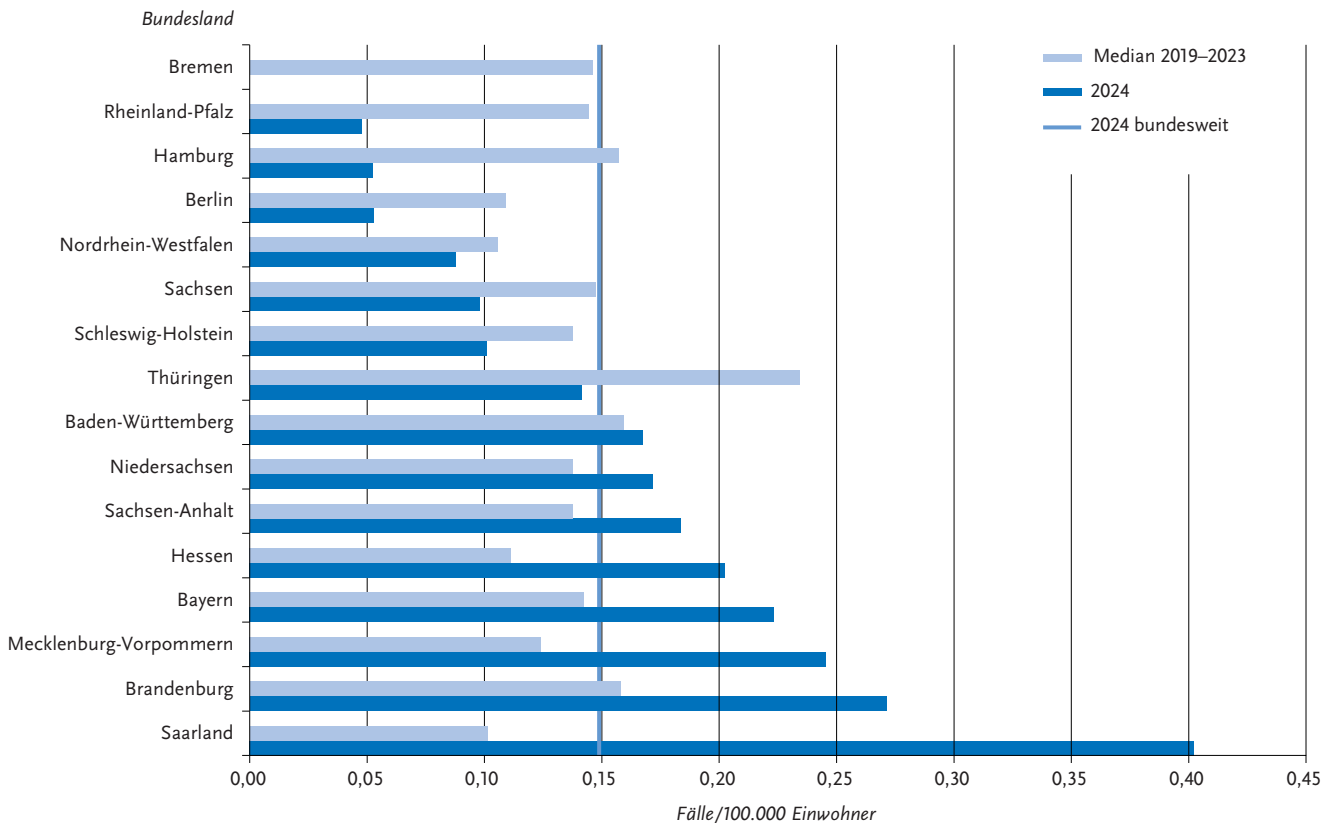
Im Jahr 2024 wurde der weitaus größte Anteil der Fälle als klinisch bestätigt übermittelt (119; 94 %). Dies erfolgte entsprechend der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien in Göttingen. Der Anteil der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fälle lag im Jahr 2024 bei 6 % (7 Fälle). Zusätzlich gab es noch 6 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 Liquordiagnostik unterstützt die klinische Verdachtsdiagnose einer CJK mit dem Nachweis der 14-3-3 Proteine und RT-QuIC (Real time quaking-induced

**Abb. 6.11.1:**  
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.11.2:**  
Übermittelte CJK- pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 126) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2019 bis 2023)



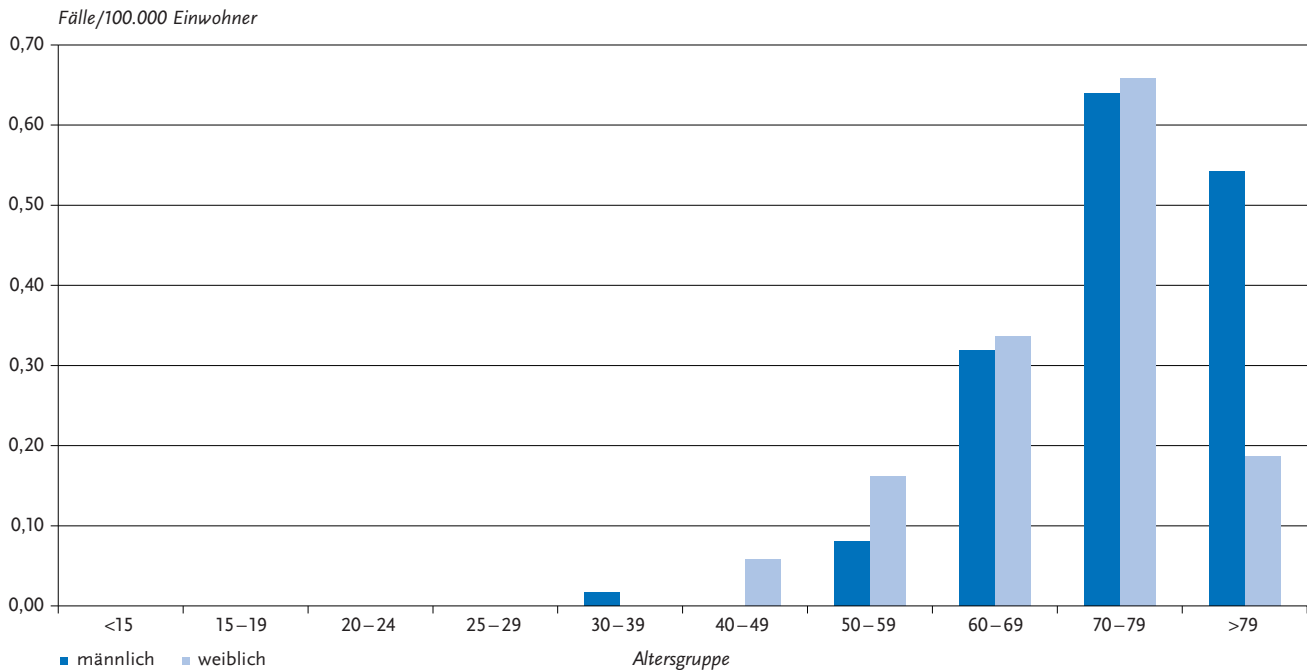
conversion; PrP<sup>sc</sup>-Aggregationsassay) zum Nachweis erhöhter Aggregationsneigung des Prionoproteins.

**Fazit**

Die CJK-Fallzahlen erreichten im Jahr 2011 ein erstes Maximum mit 132 übermittelten Fällen; in den folgenden Jahren sank die Anzahl der übermittelten CJK-Fälle. Im Jahr

2023 wurden die bislang höchsten Fallzahlen verzeichnet (158), die wie oben beschrieben, durch die verbesserten diagnostischen Möglichkeiten mittels hochspezifischer RT-QuIC-Methode zu erklären sein könnten. Im Jahr 2024 bewegten sich die übermittelten CJK-Fälle mit 126 Fällen wieder auf dem Niveau von 2021. Die Inzidenz in Deutschland blieb im Jahr 2024 mit etwa 0,1 Fällen/100.000 Einw.

Abb. 6.11.3:  
Übermittelte CJK-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 126)



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, 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>

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>

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>

Zerr I, Ladogana A, Mead S, et. al.: *Creutzfeldt-Jakob disease and other prion diseases*. Nat Rev Dis Primers. 2024 Feb 29;10(1). <https://doi.org/10.1038/s41572-024-00497-y>

Zerr I, et al.: *Creutzfeldt-Jakob-Krankheit, S1-Leitlinie, 2024*. Leitlinien für Diagnostik und Therapie in der Neurologie: Deutsche Gesellschaft für Neurologie (DGN); 2024. Abrufbar unter: <https://www.dgn.org/leitlinie/creutzfeldt-jakob-krankheit>

## 6.12 Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform

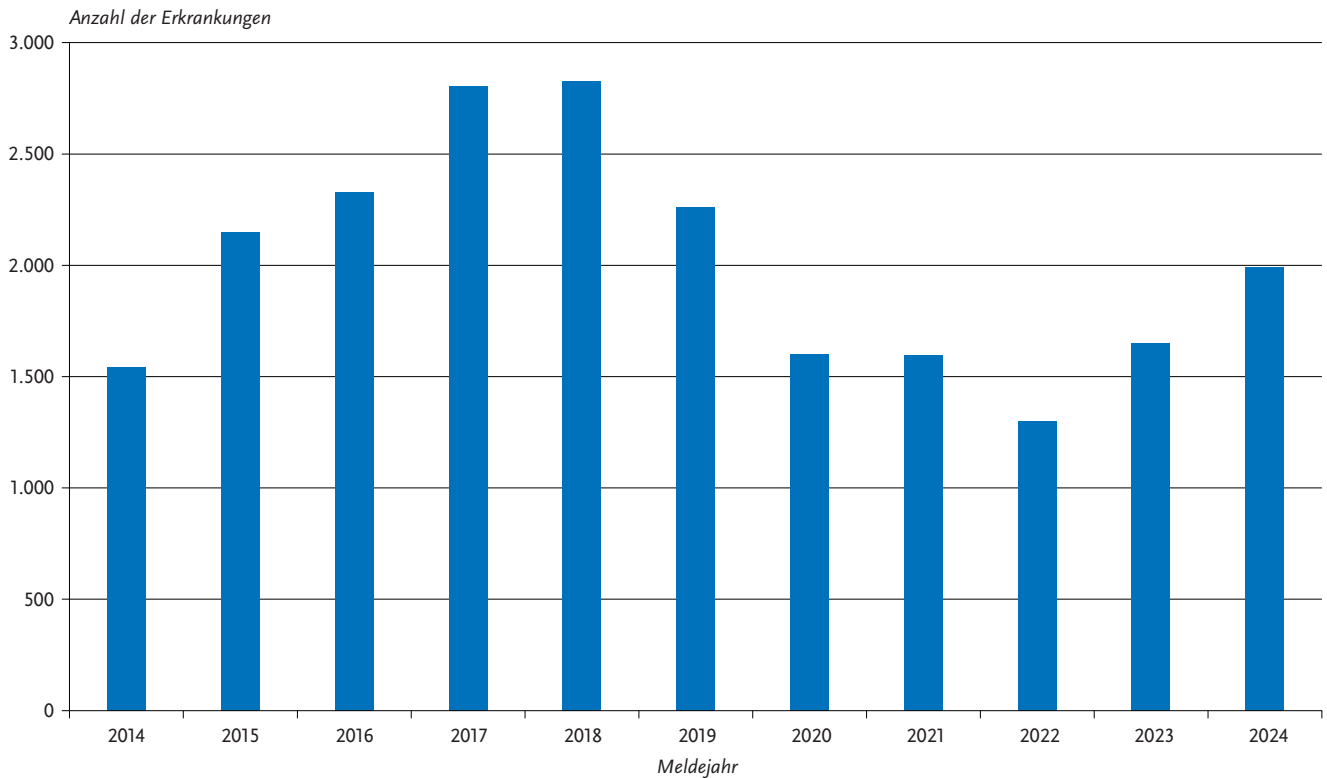


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 1.993
- ▶ Inzidenz von 2,4 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (Anstieg im Vergleich zu den Vorjahren)
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-jährigen

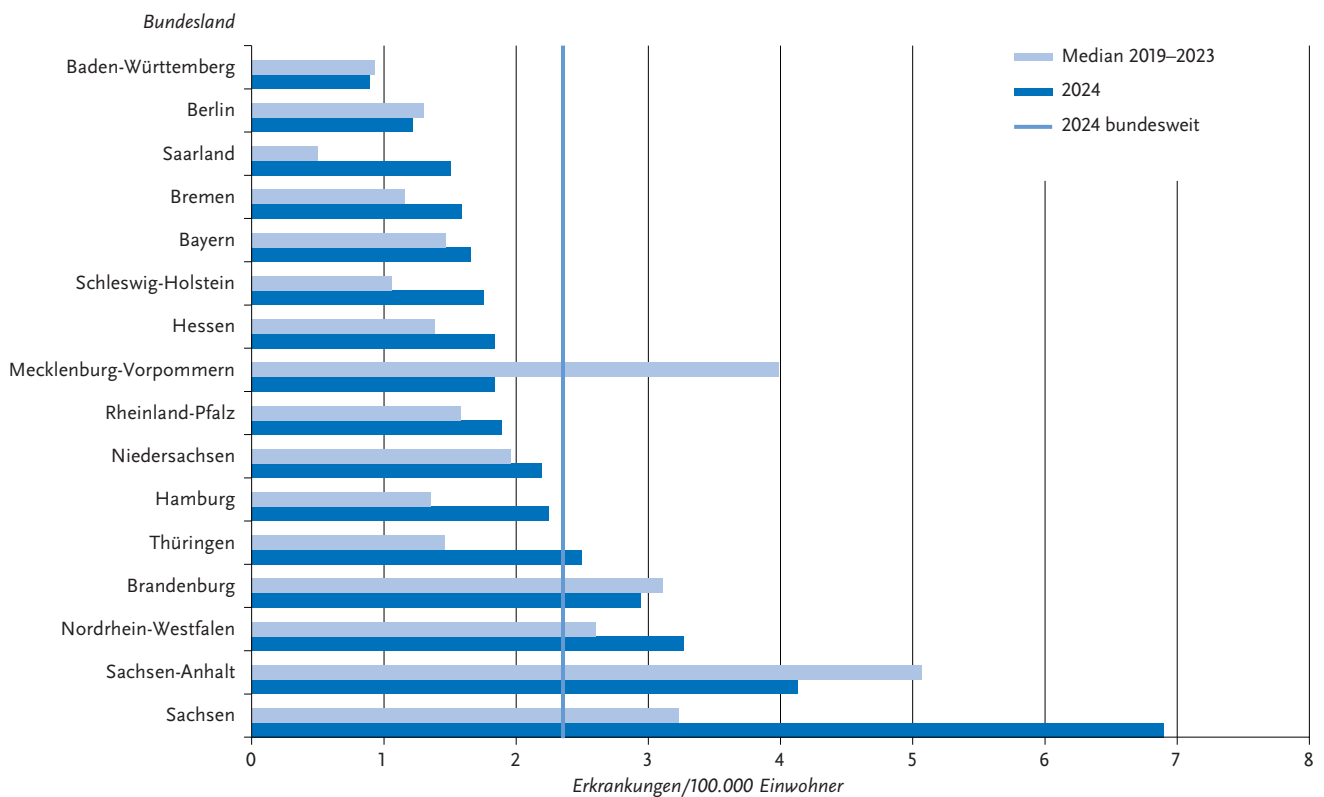
### Kurzbeschreibung

*Clostridioides difficile* (früher *Clostridium difficile*) ist ein anaerobes, sporenbildendes, grampositives Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Menschen und Tieren vorkommen kann. *C. difficile* besitzen teilweise die Fähigkeit, Toxine (Enterotoxin A, Cytotoxin B und binäres Toxin) zu produzieren, die wiederum zu einer Darmentzündung führen können. Durch *C. difficile* 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.

**Abb. 6.12.1:**  
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf, Deutschland 2014 bis 2024



**Abb. 6.12.2:**  
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einw. nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 1.993)

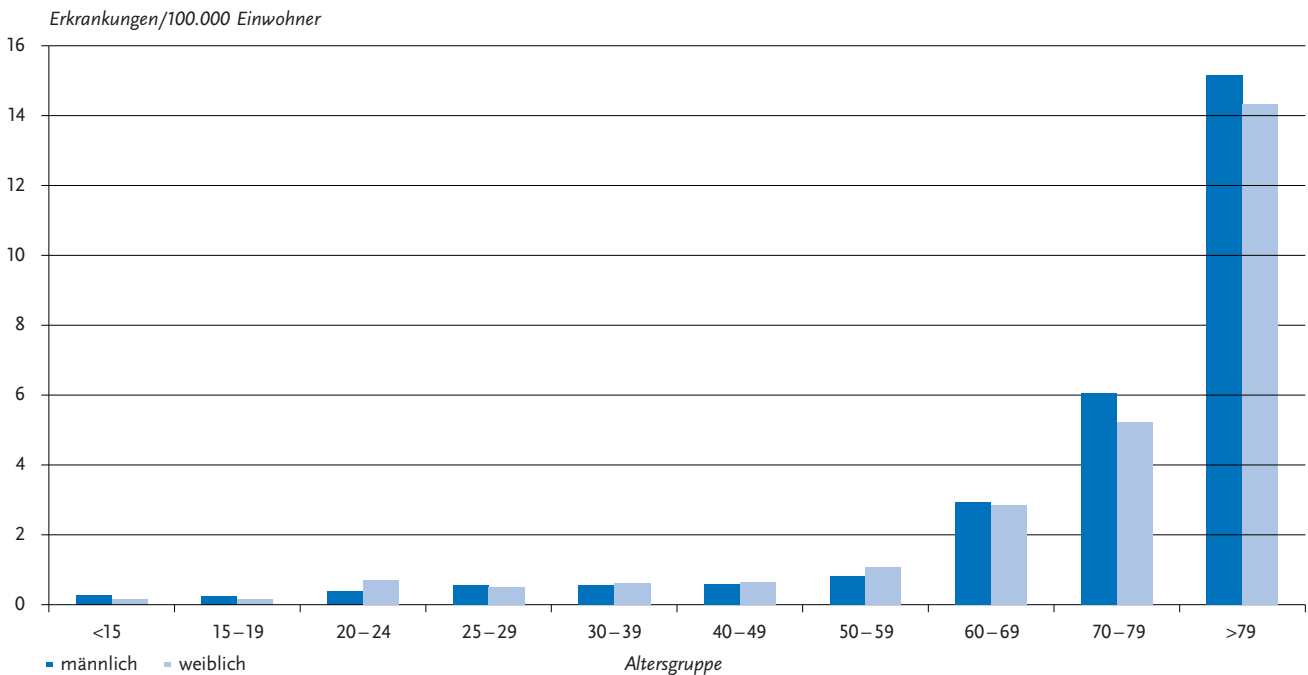


**Falldefinition**

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. Die weiteren Kriterien umfassen: Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation aufgrund

**Abb. 6.12.3:**  
Übermittelte *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einw. nach Alter und Geschlecht, 2024 (n =1989)



einer *C.-difficile*-Erkrankung oder ihrer Komplikationen (Kriterium 2); Durchführung eines chirurgischen Eingriffs (z. B. Kolektomie) aufgrund eines Megakolons, einer Darmperforation oder einer Therapie-refraktären Kolitis (Kriterium 3); 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 (Kriterium 4).

**Zeitlicher Verlauf**

Insgesamt wurden 1.993 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankung erfüllten und damit 341 Erkrankungen mehr als im Vorjahr (1.652) (s. Abb. 6.12.1). Die bundesweite Inzidenz lag damit im Jahr 2024 bei 2,4 Erkrankungen pro 100.000 Einw. und war im Vergleich zu den Jahren 2021 (1,9), 2022 (1,5) und 2023 (2,0) zunehmend.

**Geografische Verteilung**

Die regionale Inzidenz der *C.-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf lag zwischen 1,5 Erkr./100.000 Einw. im Saarland und 6,9 in Sachsen (s. Abb. 6.12.2).

**Demografische Verteilung**

*C.-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. Insgesamt 1.325 Erkrankte (66 %) 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 0,9, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 2,9 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 5,6. Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 14,7 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.12.3) beobachtet. Insgesamt lag die Inzidenz bei Männern bei 2,1 Erkr./100.000 Einw. und bei Frauen bei 2,5 Erkr./100.000 Einw..

Das Kriterium (1. neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« war 1.530-mal (66 %) erfüllt (Mehrfachnennungen möglich). Damit bleibt es wie in den Vorjahren das am häufigsten übermittelte Kriterium, wobei der Anteil im Vergleich zum Vorjahr (62%) anstieg. Das Kriterium »Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation« wurde bei 283 Erkrankungen (12 %) angegeben. Ein »chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis« wurde bei 50 Erkrankungen (2 %) genannt.

**Klinische Aspekte**

Bei 440 Erkrankungen (19 %) 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, was einen Rückgang des Anteils im Vergleich zum Vorjahr (23%) entspricht (s. Abb. 6.12.4).

Bei 440 Erkrankungen (19 %) 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, was einen Rückgang des Anteils im Vergleich zum Vorjahr (23%) entspricht (s. Abb. 6.12.4).

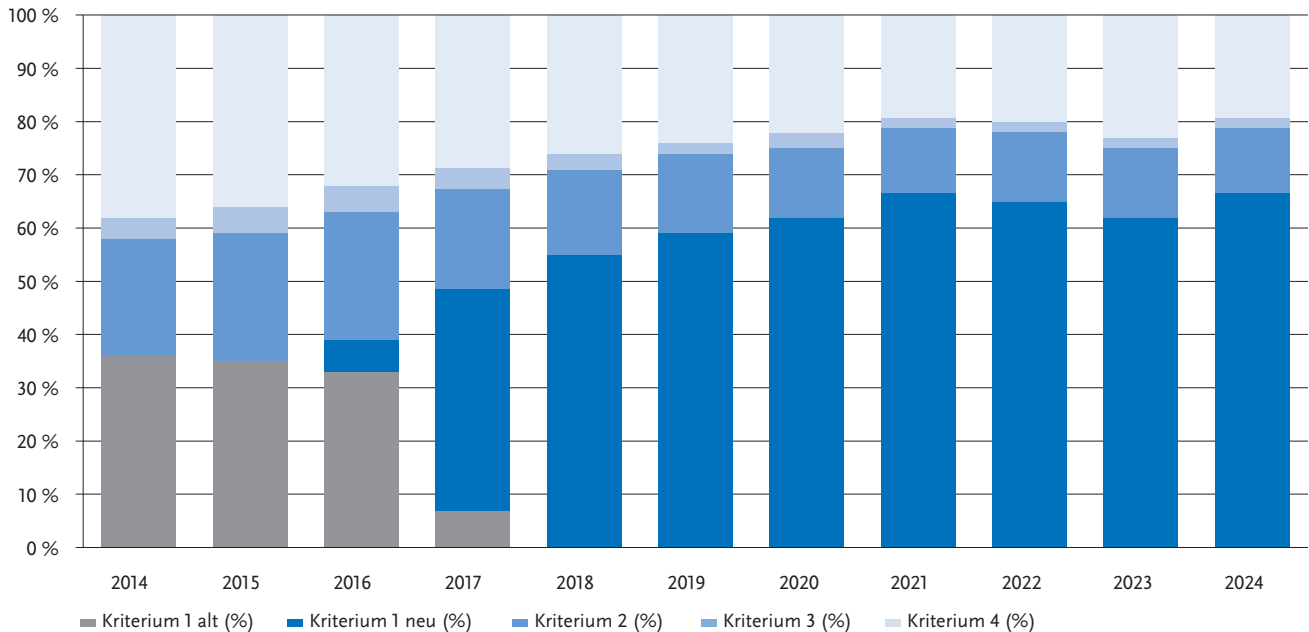
**Ausbrüche**

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

**Abb. 6.12.4:**  
Anteil der Nennung der Meldekriterien übermittelter *Clostridioides-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf, Deutschland 2014 bis 2024



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.

### Fazit

Die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C. difficile*-Erkrankungen ist mit 2,4 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2023 steigend, aber bei Betrachtung des Medians der 8 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, et al.: *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>
- Burdi S, Abu Sin M, Eckmanns T, et al.: *Evaluation der Meldepflicht für schwere Clostridioides difficile-Erkrankungen in Deutschland 2017–2022*. Epid Bull 2025; 16. <https://doi.org/10.25646/13083>
- 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. <https://doi.org/10.1007/s00103-019-02959-1>
- 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: *CDI-KISS Referenzdaten 2024*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.nrz-hygiene.de/KISS-Modul/referenzdaten/KISS/CDI>
- RKI: *RKI-Ratgeber Clostridioides (früher Clostridium) difficile*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

### 6.13 Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **256.100**
- ▶ Rückgang der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr um etwa 80 %
- ▶ Langgezogene Erkrankungswelle in zweiter Jahreshälfte 2024 mit Höhepunkt in KW 43 (12.370 Fälle pro Woche)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Personen ab 80 Jahren
- ▶ 2.404 Ausbrüche mit 10.935 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 Krankheits-symptomen bestehen bleiben, der als Long-COVID bzw. Post-COVID bezeichnet wird. COVID-19 zeichnete sich in den ersten beiden Pandemie-jahren durch einen hohen An-

teil schwerer Verläufe mit intensivmedizinischer Behandlung aus. Das dritte Pandemie-jahr 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 hatte. Am 05.05.2023 hob die Weltgesundheitsorganisation die Gesundheitliche Notlage von internationaler Tragweite für COVID-19 auf.

#### Falldefinition

Im Jahr 2024 wurden 338.656 Fälle übermittelt, von denen 256.100 Fälle der Referenzdefinition (nur mittels Nukleinsäurenachweis oder Erregerisolierung labordiagnostisch bestätigte Fälle) entsprachen. 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 entsprechen. Mit Antigennachweis labordiagnostisch bestätigte Fälle werden an das RKI übermittelt, erfüllten jedoch im Jahr 2024 nicht die Referenzdefinition und werden in den folgenden Darstellungen nicht berücksichtigt.

#### Zeitlicher Verlauf

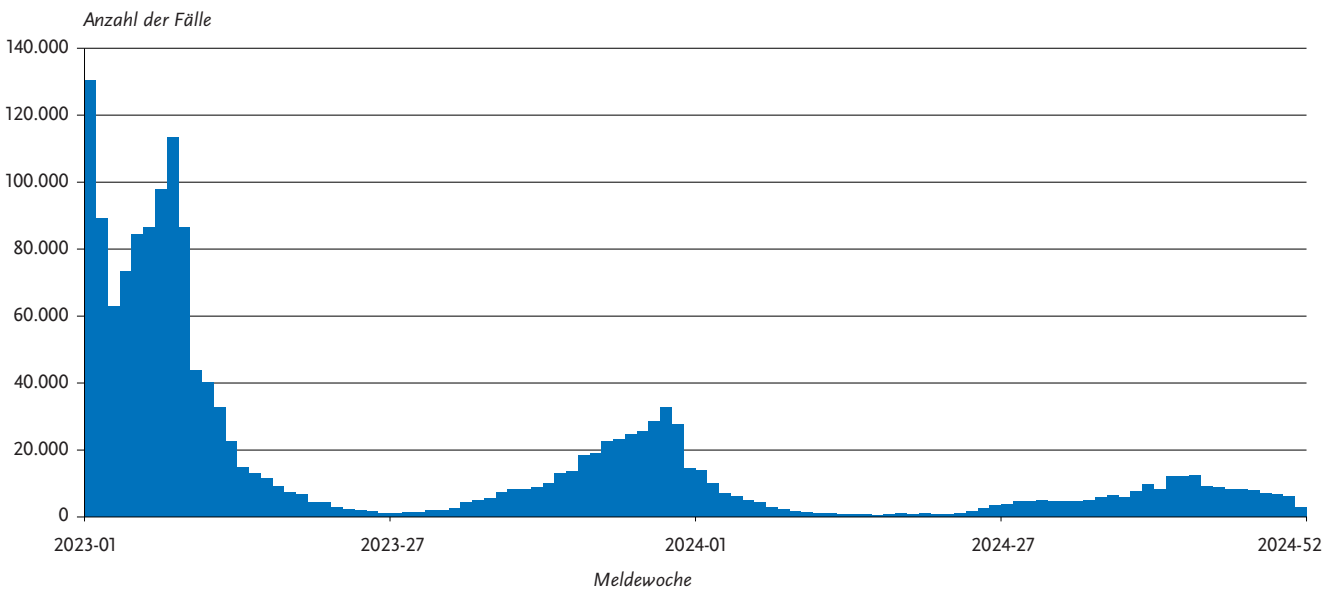
Zu Beginn des Jahres 2024 waren die letzten Ausläufer der bereits im Spätsommer 2023 begonnenen COVID-19-Welle zu beobachten. In den ersten beiden Wochen des Jahres 2024 wurden noch rund 14.000 bis 10.000 Fälle pro Melde-woche (MW) übermittelt. Danach ging die Zahl der übermittelten Fälle weiter stark zurück und blieb im Frühjahr auf niedrigem Niveau bei unter 1.000 übermittelten Fällen pro MW (Minimum 549 Fälle in MW 16). Ab Juni 2024 (MW 23)

Tab. 6.13.1: Übermittelte COVID-19-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	13.008	1 %	2.544	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	250.856	17 %	101.520	30 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	136.851	9 %	49.444	15 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.059.136	73 %	185.148	55 %
alle	1.459.851	100 %	338.656	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)*</b>	<b>1.374.968</b>	<b>94 %</b>	<b>256.100</b>	<b>100 %</b>

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

**Abb. 6.13.1:**  
Übermittelte COVID-19-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2023 bis 2024



baute sich eine langgezogene Erkrankungswelle auf. Während dieser Zeit wurde die bis dahin dominierende Omikron-Variante durch rekombinante Varianten abgelöst. Die COVID-19-Welle erstreckte sich bis zum Jahresende 2023 und hatte ihren Höhepunkt in MW 43 mit 12.370 wöchentlich übermittelten Fällen.

Im Vergleich zum Vorjahr ist die Gesamtzahl der übermittelten Fälle um rund 80 % gesunken. In der zweiten Jahreshälfte 2023 wurden auf dem Höhepunkt der Welle etwa 12.000 Fälle pro Woche übermittelt, im entsprechenden Zeitraum des Vorjahres waren es zum Höhepunkt rund 33.000 Fälle pro Woche. Diese im Vergleich zum Vorjahr deutlich niedriger ausfallende COVID-19-Welle wurde auch in anderen Surveillancesystemen des RKI beobachtet (siehe hierzu ARE-Wochenbericht).

### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für das Jahr 2023 lag bei 303 Fällen pro 100.000 Einw. und damit deutlich niedriger als im Vorjahr (4.340 Fälle pro 100.000 Einw.). Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen-Anhalt (606), Sachsen (536) und Mecklenburg-Vorpommern (494) beobachtet. Bremen hatte die niedrigste Inzidenz (188).

Für 76.157 Fälle (30 %) war ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Unter diesen wurde für nahezu alle Fälle eine Exposition in Deutschland übermittelt, für 0,4 % der Fälle wurde eine Exposition im Ausland angegeben. Damit spielten importierte Fälle für das Infektionsgeschehen in Deutschland wie auch schon im Vorjahr keine Rolle.

### Demografische Verteilung

Für 255.528 Fälle (99,8 %) lag eine Angabe zu Alter und Geschlecht vor. Wie auch im Vorjahr wurden im Jahr 2023 bei Personen ab 80 Jahren die höchste Inzidenz (1.312 pro 100.000 Einw.) registriert, gefolgt von Säuglingen (1.137 pro

100.000 Einw.) und mit Abstand dann von Personen im Alter von 70 bis 79 Jahren (592 pro 100.000 Einw.). Kinder und Jugendliche im Alter von 2 bis 14 Jahren hatten hingegen die niedrigsten Inzidenzen (s. Abb. 6.13.2). Da Säuglinge und ältere Personen aufgrund ihrer Vulnerabilität niedrigschwelliger stationär versorgt werden, kann ein Einfluss der Teststrategien – insbesondere in Krankenhäusern – auf die Anzahl der übermittelten Fälle nicht ausgeschlossen werden. Der Altersmedian stieg im Vergleich zum Vorjahr von 53 Jahren auf 69 Jahre an.

Die Inzidenz aller COVID-19-Fälle war im Jahr 2023 bei Frauen (307 Fälle pro 100.000 Einw.) und Männern (297 pro 100.000 Einw.) ähnlich hoch, wobei bei den Säuglingen und den ab 60-Jährigen die Inzidenz der Männer höher lag.

### Klinische Aspekte

Für 28 % aller Fälle ( $n = 72.153$ ) wurden Symptome übermittelt. Bei der Mehrheit der Fälle traten Erkältungssymptome wie Husten (67 %), Schnupfen (45 %), Fieber (40 %) und Halsschmerzen/-entzündung (32 %) auf (Mehrfachnennungen möglich). Ähnlich zu den beiden Vorjahren blieb der Anteil an Fällen mit Geruchs- bzw. Geschmacksverlust niedrig und lag bei 1 %.

Für etwas mehr als die Hälfte der Fälle (58 %;  $n = 148.745$ ) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Unter diesen wurden etwa zwei Drittel der COVID-19-Fälle (61 %;  $n = 90.175$ ) stationär aufgenommen. Der Anteil hospitalisierter Fälle ist im Vergleich zu den Vorjahren weiter deutlich angestiegen (2023: 32 %; 2022: 3 %). Ein Grund dafür ist, dass außerhalb des Krankenhauses nach Auslaufen der kostenlosen Tests deutlich weniger getestet wurde. Auch der starke Rückgang der übermittelten Fälle in 2023 im Vergleich zum Vorjahr legt dies nahe (Tabelle 6.13.1). Im Jahr 2023 wurde der höchste Anteil an hospitalisierten Fällen bei Personen ab 80 Jahren (77 %) und Personen im Alter von

70 bis 79 Jahren (71 %) beobachtet. Bei Kindern unter 5 Jahren waren 60 % hospitalisiert (bei Säuglingen lag der Anteil bei 65 %). Der niedrigste Anteil (24 %) lag bei Kindern zwischen 10 und 14 Jahren. Die geschlechterspezifischen Anteile unter den hospitalisierten Fällen zeigten keinen Unterschied.

Für das Jahr 2024 lag für 253.619 (99 %) Fälle eine Angabe zum Verstorbenenstatus vor. Unter diesen wurden 4.530 COVID-19-Todesfälle übermittelt. Dies entspricht einem Fall-Verstorbenen-Anteil von 1,8 % (Vorjahr: 1,1 %). Für 2.339 Fälle (52 %) wurde angegeben, dass COVID-19 ursächlich zum Tod beigetragen habe. Mit 64 % nahmen Personen ab 80 Jahren den größten Anteil unter den Verstorbenen ein, gefolgt von Personen im Alter von 70 bis 79 Jahren (21 %). Unter den Todesfällen waren 58 % männlich.

**Impfstatus**

Die Meldung aller durchgeführten COVID-19-Impfungen an das RKI war bis zum 07.04.2023 in § 4 der Coronavirus-Impfverordnung und ab dem 08.04.2023 in § 3 der COVID-19-Vorsorgeverordnung für alle Leistungserbringer gesetzlich vorgeschrieben. Daten zu COVID-19-Impfungen und Impfquoten wurden im Rahmen der COVID-19-Vorsorgeverordnung über das Digitale Impfmonitoring (DIM) erfasst. Nachdem die Verordnung Mitte 2024 außer Kraft gesetzt wurde, werden die COVID-19-Impfungen im Rahmen der KV-Impfsurveillance ausgewertet.

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.

In den COVID-19-Impfempfehlungen der STIKO 2024 wird allen Personen ab 18 Jahren sowie Kindern und Jugendlichen mit relevanten Grunderkrankungen eine Basissimmunität bestehend aus drei Antigenkontakten (Impfung oder Infektion, aber mit mind. zwei Impfstoffdosen) empfohlen. Zudem empfiehlt die STIKO für bestimmte Risikogruppen (≥ 60 Jahre; mit relevanten Grunderkrankungen; Bewohnende in Pflegeeinrichtungen; medizinisches oder pflegerisches Personal mit direktem Patientenkontakt) eine jährliche COVID-19-Auffrischimpfung im Herbst.

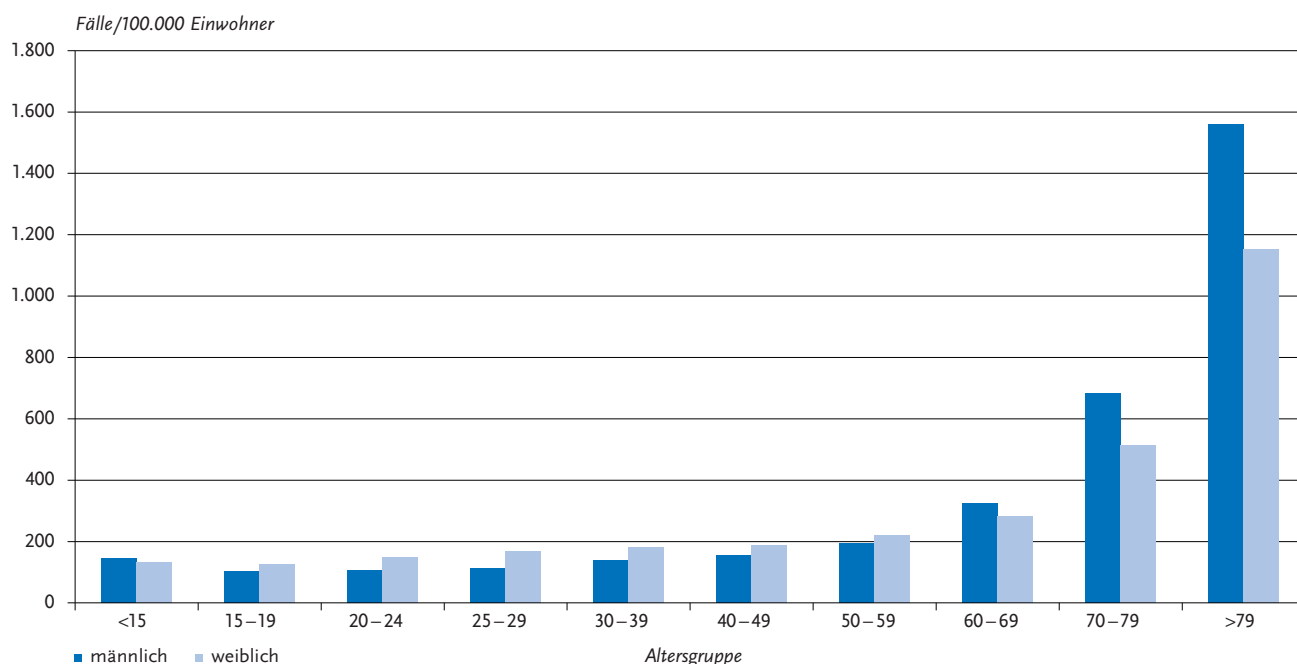
In der Saison 2023/24 lag die Impfquote bei Erwachsenen ab 60 Jahren bei 21 %.

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

**Abb. 6.13.2:** Übermittelte COVID-19-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n= 255.528)



abgelöst, wobei im Frühjahr 2022 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, welche bis zum Herbst 2024 dominierten. Daraufhin folgte eine weitere Phase, in der verschiedene rekombinante Varianten dominierten (insbesondere die Rekombinante XEC).

Für das Jahr 2024 lagen bei der Mehrheit der übermittelten Fälle keine weitergehenden Informationen zu spezifischen Varianten vor, nur bei 0,1 % der Fälle wurde eine spezifische Virusvariante angegeben. Nach dem Auftreten von Omikron Anfang 2022 wurden jedoch keine neuen Varianten mehr detektiert, die nachweislich eine im Vergleich zu Omikron erhöhte klinische Krankheitsschwere verursachen.

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 2.404 Ausbrüche mit insgesamt 10.935 COVID-19-Fällen übermittelt. Durchschnittlich wurden pro Ausbruch 5 Fälle übermittelt. Der Altersmedian von Fällen in Ausbrüchen lag bei 80 Jahren (Vorjahr: 75), Personen unter 60 Jahren nahmen einen Anteil von 17 % ein.

Etwa zwei Drittel (61 %) der Ausbruchsfälle gehörte zu größeren Ausbruchsgeschehen mit mindestens 5 Fällen (insgesamt 813 Ausbrüche mit mind. 5 Fällen; 34 % aller Ausbrüche). Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen wurden hauptsächlich in Krankenhäusern (81 %) verzeichnet. Die Settings Alten- und Pflegeheime sowie Reha-Einrichtungen nahmen jeweils einen Anteil von 4 % unter den Ausbrüchen mit mindestens 5 Fällen ein. Der Anteil an Ausbrüchen in Krankenhäusern stieg dabei im Vergleich zu den Vorjahren (2023: 62 %; 2022: 10 %) nochmals an, was ebenfalls auf die im stationären Bereich fokussierte Teststrategie und damit höhere Erfassungsrate hospitalisierter Fälle zurückzuführen ist.

### Datenqualität

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 die angewendete 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 werden für die Situationsbewertung neben den Meldedaten im Rahmen der ARE-Berichterstat-

tion weitere etablierte Surveillancesysteme wie bspw. die syndromische und virologische Sentinelsurveillance akuter Atemwegserkrankungen einbezogen.

### Fazit

Im Jahr 2024 war wie auch schon im Vorjahr eine langgezogene Erkrankungswelle in der zweiten Jahreshälfte zu beobachten, die jedoch deutlich schwächer ausfiel. Im Vergleich zum Vorjahr wurden auch insgesamt deutlich niedrigere Fallzahlen beobachtet.

Ältere Menschen bleiben weiterhin am stärksten betroffen. So hatten Personen ab 80 Jahren die höchste altersspezifische Inzidenz. Personen ab 80 Jahren hatten auch häufiger schwere Krankheitsverläufe, was sich im höheren Anteil an hospitalisierten (77 %) und verstorbenen (64 %) Fällen in dieser Altersgruppe widerspiegelt. Geschlechtsspezifische Unterschiede zeigten sich in den altersspezifischen Inzidenzen, die bei den Säuglingen und den ab 60-jährigen bei den Männern höher war. 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 weiter gestiegen und war im Jahr 2024 mit 81 % unter Ausbrüchen mit mindestens 5 Fällen das häufigste übermittelte Infektionsumfeld.

### Literaturhinweise

- Lehfeld AS, Buda S, Haas W, et al.: *The Changing Symptom Profile of COVID-19 During the Pandemic - Results From the German Mandatory Notification System*. Dtsch Arztebl Int 2023; 120(24). <https://doi.org/10.3238/arztebl.m2023.0018>
- 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>
- RKI: *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zu akuten Atemwegserkrankungen und COVID-19*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQs/DE/COVID-19/FAQ-gesamt.html>
- RKI: *COVID-19 und Impfen: Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ)*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQs/DE/Impfen/COVID-19-gesamt.html>
- RKI: *Dashboard zur aktuellen Situation akuter respiratorischer Erkrankungen in Deutschland*. 2025. Abrufbar unter: <https://public.data.rki.de/t/public/views/ARE-Dashboard/Ueberblick>
- RKI: *Dashboard zu SARS-CoV-2-Varianten in Deutschland (Integrierte Genomische Surveillance)*. 2025. Abrufbar unter: <https://public.data.rki.de/t/public/views/IGS-Dashboard/DashboardVOC>
- RKI: *Management von COVID-19-Ausbrüchen im Gesundheitswesen*. 2023. Abrufbar unter: [https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/C/COVID-19/Management\\_Ausbruch\\_Gesundheitswesen.html](https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/C/COVID-19/Management_Ausbruch_Gesundheitswesen.html)
- RKI: *RKI-Ratgeber COVID-19*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/ratgeber>

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. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Impfen/Impfungen-A-Z/COVID-19/Impfempfehlung-Zusfassung.html>

## 6.14 Denguefieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 1.717
- ▶ Fallzahlen 2024 auf dem höchsten Stand seit Einführung der Meldepflicht
- ▶ Ein Fall sexueller Übertragung von Denguevirus von einer reisenden auf eine nicht-gereiste Person in Deutschland

### 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 Stechmückenart *Aedes albopictus*. 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. 6.14.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 1.717 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt. Dies entspricht den höchsten Fallzahlen seit Einführung der Meldepflicht. Die Fallzahl von 2024 ist fast doppelt (180 %) so hoch wie im Jahr 2023 (s. Abb. 6.14.1). Die Inzidenz betrug 2024 2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Insgesamt 67 % der Erkrankungen wurden im I. und II. Quartal 2024 übermittelt, davon 40 % allein im II. Quartal.

### Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich in den Bundesländern Berlin (4,9 Erkr./100.000 Einw.), gefolgt von Hamburg (3,8) und Bayern (2,9).

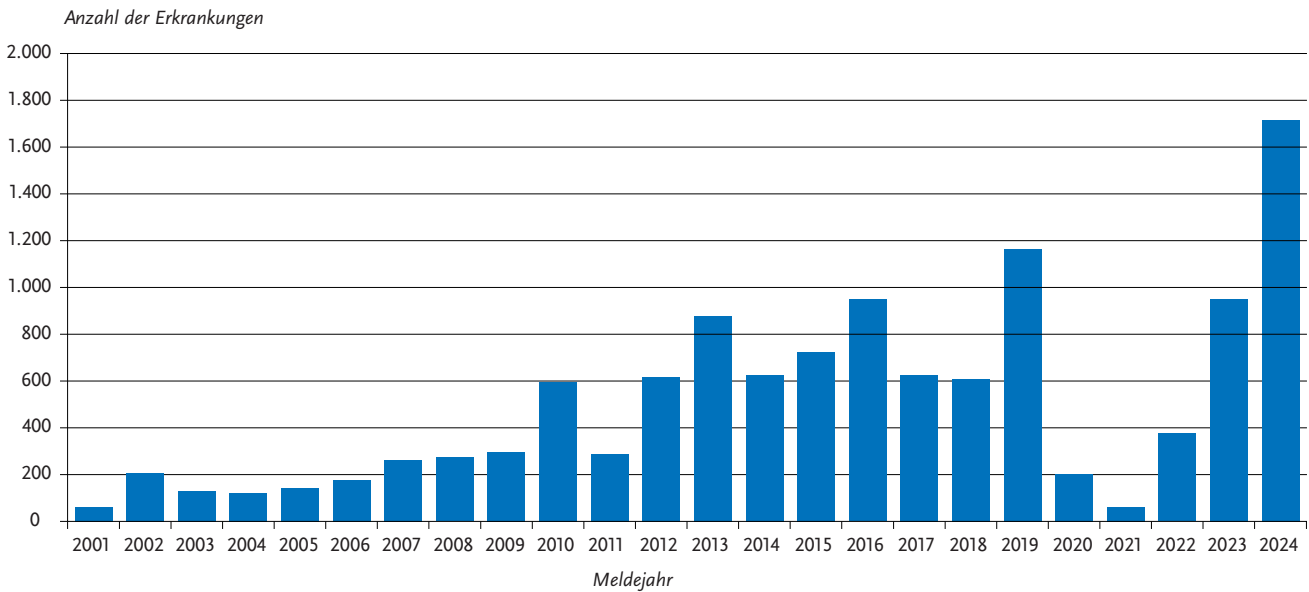
Zu den 1.717 Erkrankungen lagen 1.811 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.14.2 sind die 10 am häufigsten genannten Infektionsländer aufgeführt. Wie in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie wurde Thailand am häufigsten angegeben (22 % der Nennungen), gefolgt von Indonesien (14 %) und Brasilien (8 %). Als bislang eher ungewöhnliche und in 2024 häufig genannte Infektionsregion wurden europäische Überseegebiete genannt. Die französischen Überseegebiete Französisch-Polynesien, Guadeloupe, Martinique und der französische Teil von St. Martin wurden 98-mal genannt (in der Tabelle unter Frankreich aufgeführt). Die niederländischen Überseegebiete in der Karibik (Bonaire, Saba, St. Eustatius, Curacao und der niederländische Teil von St. Martin) wurden 34-mal genannt. Zwei Denguevirus-Infektionen wurden in Südeuropa im Rahmen lokaler Denguefieber-Ausbrüche erworben, jeweils eine in Italien und eine in Frankreich.

Im Vergleich zum Vorjahr haben sich die erworbenen Infektionen pro Infektionskontinent kaum verändert: Asien (54 % der Nennungen; Vorjahr: 61 %), Amerika (29 % der Nennungen, Vorjahr 26 %) und Afrika (9 %; Vorjahr: 9 %). Schaut man jedoch auf einzelne Infektionsländer, gab es 2024 in 9 Ländern mit mindestens 10 Fällen starke Zunahmen von 200 bis 2000 % gegenüber den Vorjahresfallzahlen: Neben den Überseegebieten von Frankreich und den Niederlanden und Barbados in der Karibik, waren dies Brasilien, Argentinien und Venezuela in Südamerika, darüber hinaus die Vereinigten Arabischen Emirate und Indonesien in Asien sowie Mauritius in Afrika.

Tab. 6.14.1: Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	952	92 %	1.717	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	53	5 %	82	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	33	3 %	43	2 %
alle	1.038	100 %	1.842	100 %
Referenzdefinition (C)	952	92 %	1.717	93 %

**Abb. 6.14.1:**  
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Tab. 6.14.2:**  
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2024 (Mehrfachnennungen möglich, 1710 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	406	22 %
Indonesien	258	14 %
Brasilien	145	8 %
Frankreich inkl. Überseegebiete	99	5 %
Indien	77	4 %
Mexiko	56	3 %
Malediven	53	3 %
Kuba	53	3 %
Argentinien	44	2 %
Costa Rica	35	2 %
Andere	585	32 %
<b>Summe</b>	<b>1811</b>	<b>100 %</b>

### 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. 6.14.2). Von allen erkrankten Personen waren 49 % weiblich.

### Klinische Aspekte

Fälle, die die Kriterien für ein hämorrhagische Denguefieber oder Dengue-Schock-Syndrom (DSS) erfüllen, wurden 2024 nicht übermittelt. Allerdings ist eine Person im Alter zwischen 40 und 50 Jahren 2024 in Deutschland an Denguefieber verstorben – in der Fallübermittlung sind die Kriterien eines DSS nicht ganz erfüllt, aber Herz-/Kreislaufversagen lag offenbar vor.

### Ausbrüche

Es wurden 28 Herde mit jeweils 2 bis 4 gemeinsam betroffenen zusammen reisenden Personen übermittelt (62 Fälle). Im Vorjahr hatten 10 Herde insgesamt 20 Fälle umfasst.

### Datenqualität

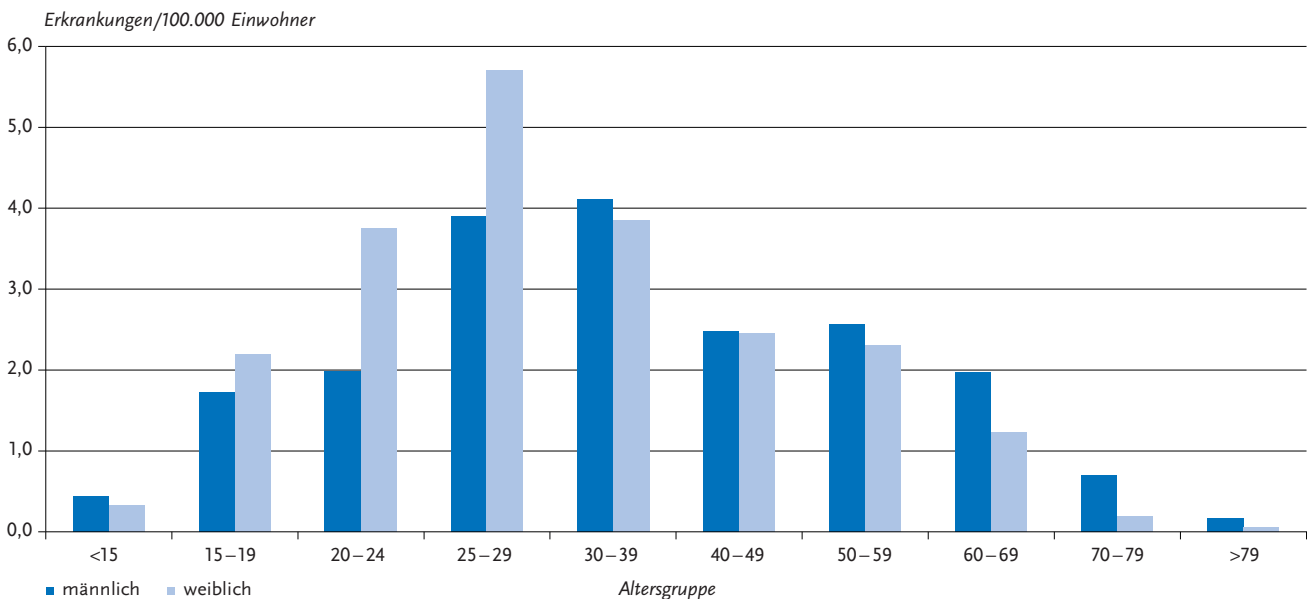
Während Nachweise »anderer Erreger hämorrhagischer Fieber« schon seit 2001 meldepflichtig waren, hat die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung am 01.05.2016 die Meldepflicht (gemäß § 7 Abs. 1 IfSG) explizit um Nachweise von Dengue- und anderen Arboviren erweitert.

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. Im Jahre 2024 gab es in vielen Regionen der Welt sehr hohe Denguefieber-Fallzahlen, dies spiegelt sich 2024 in erhöhten Denguefieber-Fallzahlen von Reisenden in Deutschland wider. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren vor.

**Abb. 6.14.2:**  
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 1.716)



## Literaturhinweise

- ECDC. *Twelve-month dengue virus disease case notification rate per 100.000 population, January–December 2024*, 2025 Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/twelve-month-dengue-virus-disease-case-notification-rate-100-000-population>.
- 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>
- Hommel F, Frank C, Faber M, Rosner B, Lachmann R, Bös L, Enkelmann J: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2024*. *Epid Bull* 2025; 48:3-22 | DOI 10.25646/13568
- Lachmann R, Frank C. *Starker Anstieg der Denguefieber-Meldefallzahlen in den ersten Monaten 2024*. *Epid Bull*. 2024, 20/21. <https://doi.org/10.25646/12101>
- RKI: *Hohe Denguefieber-Fallzahlen 2019 und Chikungunyafieber-Ausbruch in Thailand*. *Epid Bull* 2019; 27. <https://doi.org/10.25646/6480>

## 6.15 Diphtherie



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 53
- ▶ Die Anzahl der Fälle war in den Jahren zuvor überdurchschnittlich hoch (2022: n = 172; 2023: n = 137), vor allem wegen importierter Diphtherie-Fälle mit *Corynebacterium (C.) diphtheriae* unter neu ankommenden geflüchteten Menschen.
- ▶ Im Jahr 2024 gab es 29 Fälle mit *C. diphtheriae*, 24 Fälle mit *C. ulcerans*.
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung schützt vor schwerer Erkrankung.
- ▶ Informationen zum Impfschutz liegen für weniger als die Hälfte der Fälle vor (45 %).

### 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. Möglich ist auch eine Doppelmanifestation, z. B. als Haut-/Wunddiphtherie mit Kolonisation des Rachens mit milden oder gar keinen Symptomen einer respira-

torischen Diphtherie. Die Erreger werden bei der respiratorischen Diphtherie vorwiegend durch Tröpfchen übertragen; bei der Haut-/ Wunddiphtherie hauptsächlich als Kontaktinfektion, 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 auf den Menschen übertragen, insbesondere durch Kontakt mit infizierten oder kolonisierten Katzen, Hunden oder anderen Haustieren sowie Nutztieren. Diphtherie gehört zu den impfpräventablen Krankheiten. 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 16 Jahren erfolgen und dann alle 10 Jahre. Der Impfstoff basiert auf dem Diphtherie-Toxin von *C. diphtheriae* und 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 wie *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 Aus-

wertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen.

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 56 Diphtherie-Fälle übermittelt, von denen 53 (95 %) die Referenzdefinition erfüllten (2023: 137 Fälle nach Referenzdefinition). Die bundesweite Inzidenz betrug 0,06 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (2023: 0,16 Erkr./100.000 Einw.). Vor dem Anstieg der Fallzahlen 2022 schwankte die Zahl der Fälle in den Jahren 2016 und 2021 zwischen 10 und 26, die Inzidenz blieb unter 0,05 Erkr./100.000 Einw. Die Fallzahl ging im Jahr 2023 im Vergleich zu 2022 um 20 % zurück und verringerte sich im Jahr 2024 um weitere 62 %. Dies ist vor allem darauf zurückzuführen, dass in Deutschland und Europa in 2022 und 2023 ein Ausbruch importierter Fälle mit *C. diphtheriae* unter geflüchteten Menschen beobachtet wurde.

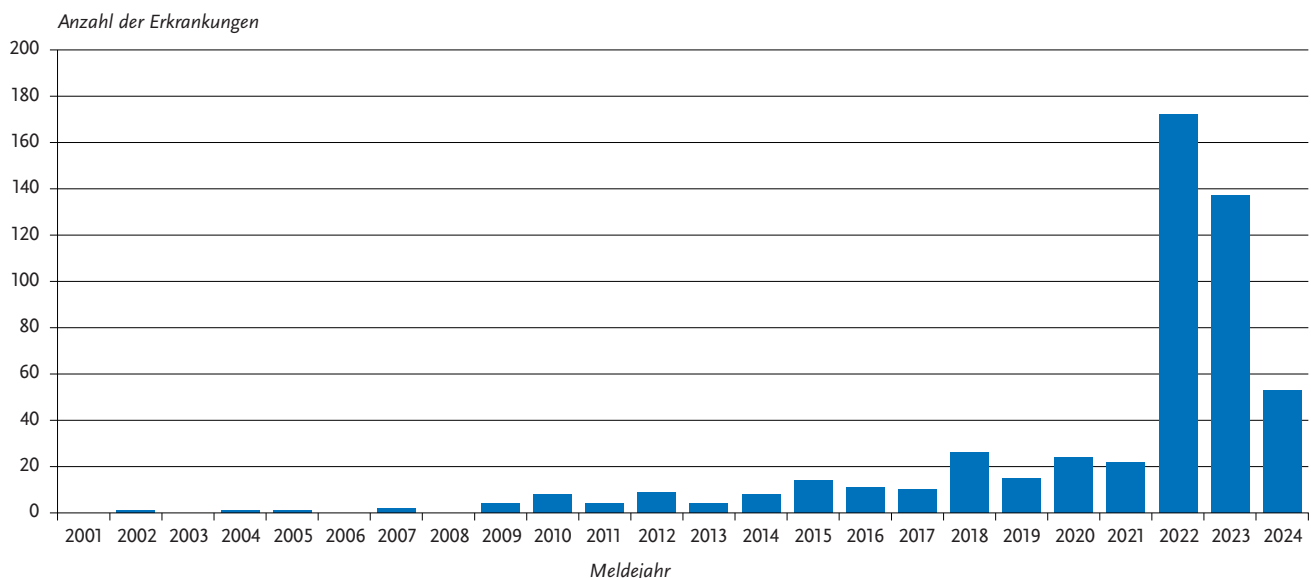
### Geografische Verteilung

Die Diphtherie-Fälle wurden aus 12 Bundesländern übermittelt. Aus Hessen wurden 8 (15 %) Fälle übermittelt und aus Baden-Württemberg 7 (13 %). Weitere Fälle gab es in Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen (jeweils 6), Bayern, Berlin, Brandenburg und Rheinland-Pfalz (jeweils 5), Sachsen und Schleswig-Holstein (jeweils 2) sowie in Hamburg und Mecklenburg-Vorpommern (jeweils 1). Es wurden keine Diphtherie-Fälle aus Bremen, dem Saarland, Sachsen-Anhalt und Thüringen übermittelt.

### Nachgewiesene Erreger

Von den 53 Diphtherie-Fällen wurden 29 durch *C. diphtheriae* (55 %) und 24 durch *C. ulcerans* (45 %) hervorgerufen. Die Verteilung zwischen den Erregern war somit ausgeglichener als in den zwei Jahren zuvor (z. B. 2023: 104 (79 %) Fälle mit *C. diphtheriae* und 27 (21 %) Fälle mit *C. ulcerans*).

**Abb. 6.15.1:** Übermittelte Diphtherie-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



### Demografische Verteilung

Von den 53 Diphtherie-Fällen waren 37 (70 %) männlich und 16 (30 %) weiblich. Es gab einen Fall unter 15 Jahren, 6 Fälle im Alter zwischen 15 und 29 Jahren und 25 Fälle ab 60 Jahren. Für die Fälle mit *C. diphtheriae* betrug die Altersspanne 10 bis 70 Jahre, für *C. ulcerans* 37 bis 89 Jahre. Einzelne Fälle von Hautdiphtherie wurden unter Menschen in Wohnungslosigkeit übermittelt.

### Klinische Aspekte

Von den 29 Fällen mit Labornachweis für *C. diphtheriae* manifestierten sich 25 (86 %) als Hautdiphtherie und 4 (14 %) als respiratorische Diphtherie, davon 1 Fall als klassische respiratorische Diphtherie mit Pseudomembran. Von den 24 Fällen mit *C. ulcerans* waren 22 (92 %) eine Hautdiphtherie sowie zwei Fälle (8 %) eine respiratorische Diphtherie. Weiterhin manifestiert sich die Mehrheit der Fälle mit *C. diphtheriae* und *C. ulcerans* als Hautdiphtherie, jedoch zeigt sich bei Fällen mit *C. diphtheriae* im Vergleich zum Vorjahr eine leichte Zunahme der Fälle mit respiratorischer Diphtherie (von 6 % auf 14 %). Es wurden zwei Todesfälle im Zusammenhang mit einer respiratorischen Diphtherie-Erkrankung mit *C. diphtheriae* übermittelt. Dabei handelt es sich um ein schulpflichtiges Kind ohne Impfschutz mit einer klassischen respiratorischen Diphtherie sowie den Fall einer respiratorischen Diphtherie bei einer 70-jährigen Frau, die aus beruflichen Gründen von Polen nach Deutschland reiste und kurz nach der Einreise verstarb. Der Impfstatus der verstorbenen Frau konnte nicht erhoben werden.

### Ausbrüche

Ausbrüche von Diphtherie sind in Deutschland selten. Im Jahr 2024 gab es einen Ausbruch respiratorischer Diphtherie bei zwei Familienmitgliedern, darunter das verstorbene Kind. Dies war das erste Mal seit vier Jahrzehnten, dass innerhalb Deutschlands (autochthon) die Übertragung von respiratorischer Diphtherie nachgewiesen wurde.

### Impfstatus

Informationen zum Impfstatus lagen bei 24 (45 %) der 53 Fälle vor, darunter bei 10 der 29 (34 %) Fälle mit *C. diphtheriae* und bei 14 (58 %) der 24 Fälle mit *C. ulcerans*. Im Jahr 2023 hingegen hatten bei 49 % der Fälle Angaben zum Impfstatus vorgelegen, darunter bei 45 % der Fälle mit *C. diphtheriae* und bei 63 % der Fälle mit *C. ulcerans*. Von den 24 Fällen mit Angaben zum Impfstatus im Jahr 2024 waren 18 (75 %) gegen Diphtherie geimpft (2023: 56 %). Aufgrund der Datenqualität lassen die Impfangaben nur eingeschränkt Rückschlüsse auf den tatsächlichen Impfschutz zu, da z. B. bei einer Person die einzige dokumentierte Impfung erst nach Beginn der Symptome erfolgte.

### Fazit

Mit 53 Diphtherie-Fällen war die Fallzahl im Jahr 2024 deutlich niedriger als in den Jahren 2022 und 2023, die von einem Ausbruch importierter Diphtherie geprägt waren. Dennoch ist die Fallzahl weiterhin deutlich höher als in Jahren vor 2022. Dafür gibt es insbesondere zwei Ursachen: Zum einen gibt es weiterhin überdurchschnittlich viele Fälle mit *C. diphtheriae* im Vergleich zu den Jahren vor 2022 (2021: 9, 2022: 149, 2023: 104, 2024: 29), weil auch im Jahr 2024 vereinzelt importierte Fälle mit *C. diphtheriae* unter neu angekommenen geflüchteten Menschen auftraten. Zeitgleich kam es 2024 zu dokumentierten Fällen mit *C. diphtheriae*, bei denen eine autochthone Übertragung gesichert oder vermutet wird, unter anderem bei Menschen in Wohnungslosigkeit sowie dem Ausbruch respiratorischer Diphtherie bei zwei Familienmitgliedern. Zum anderen scheint sich die Zahl der Fälle mit *C. ulcerans* mittlerweile mit rund zwei Dutzend Fällen pro Jahr zu stabilisieren, nachdem einige Jahre lang die Fallzahlen stiegen, vermutlich aufgrund vereinfachter Erregerdifferenzierung, die eine schnelle und kostengünstige Identifizierung von Spezies in Mischkulturen ermöglichen.

Die große Mehrheit der Diphtherie-Fälle manifestiert sich als Hautdiphtherie. Die übermittelten Todesfälle aufgrund von respiratorischer Diphtherie mit *C. diphtheriae* unterstreichen die Schwere dieser Krankheitsform.

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 daher 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>

Berger A, Dangel A, Bengs K, et al.: *Autochthonous outbreak of respiratory diphtheria caused by Corynebacterium diphtheriae, Germany, September 2024*. Euro Surveill 2025; 30(27). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.27.2500116>

ECDC: *Communicable Disease Threat Reports – Week 7, 11-17 Februar 2024*. Stockholm; 2024. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/communicable-disease-threats-report-11-17-february-2024-week-7>

ECDC: *Increase of reported diphtheria cases due to Corynebacterium diphtheriae among migrants in Europe – 6 October 2022*. Stockholm; 2022. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/increase-reported-diphtheria-cases-among-migrants-europe-due-corynebacterium>

- Hoefer A, Seth-Smith H, Palma F, et al.: *Corynebacterium diphtheriae* Outbreak in Migrant Populations in Europe. *N Engl J Med*. 2025; 392(23). <https://doi.org/10.1056/NEJMoa2311981>.
- 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 Diphtherie*. 2024. [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- Sing A, Badenschier F, Dangel A, et al.: *Clustering of Diphtheria Cases in Refugees That Arrived in Germany in 2022*. *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: *Clinical management of diphtheria: guideline*, 2024. Genf, 2024. Abrufbar unter: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-DIPH-Clinical-2024.1>
- WHO: *WHO laboratory manual for the diagnosis of diphtheria and other related infections*. Genf, 2021. Abrufbar unter: <https://iris.who.int/handle/10665/352275>.

## 6.16 Echinokokkose



- ▶ Fälle 2024:
  - 52 alveoläre Echinokokkosen,
  - 88 zystische Echinokokkosen und
  - 26 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 nicht gemeldete Erstdiagnose nicht länger als 24 Monate vor dem aktuellen Diagnosedatum liegt. Ein weiteres Fallkriterium ist die Bestätigung durch histologische oder radiologische Verfahren oder durch eine Kombination radiologischer und serologischer Verfahren. Es wurden 88 zystische Echinokokkosen und 52 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 26-mal gemeldet (s. Tab. 6.16.1).

### Zystische Echinokokkose

Die 88 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus folgenden Bundesländern gemeldet: Nordrhein-Westfalen (20 Fälle), Berlin (11), Baden-Württemberg (11), Bayern (10), Niedersachsen (8), Hamburg (6), Hessen (6), Sachsen (6), Brandenburg (3), Schleswig-Holstein (3), Sachsen-Anhalt (2), Rheinland-Pfalz (1) und Saarland (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 60 Meldungen (68 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 7 Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 14 in Syrien, 9 in Bulgarien, 7 in der Türkei und weitere 23 in anderen Ländern (s. Tab. 6.16.1).

Es erkrankten 51 männliche Personen und 34 weibliche Personen an zystischer Echinokokkose. Von den Erkrankten waren 83 % über 19 Jahre alt. Allerdings erkrankten auch 7 Jungen und 6 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. 6.16.1).

### Alveoläre Echinokokkose

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 52 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Personen aus 11 Bundesländern: Bayern (20 Fälle), Baden-Württemberg (17), Hessen (4), Nordrhein-Westfalen (3), Thüringen (2) und jeweils ein Fall aus Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Rheinland-Pfalz und Sachsen. Auch hier kann aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, nicht in jedem Fall auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 38 Fälle (73 %) vor, darunter entfielen 34 (89 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.16.1). Es waren 26 männliche und 26 weibliche Personen betroffen. Die Betroffenen waren, mit einer Ausnahme, alle älter als 25 Jahre. Die Meldezahlen im Jahr 2024 sind vergleichbar mit den Jahren 2020 und 2022 (s. Abb. 6.16.2).

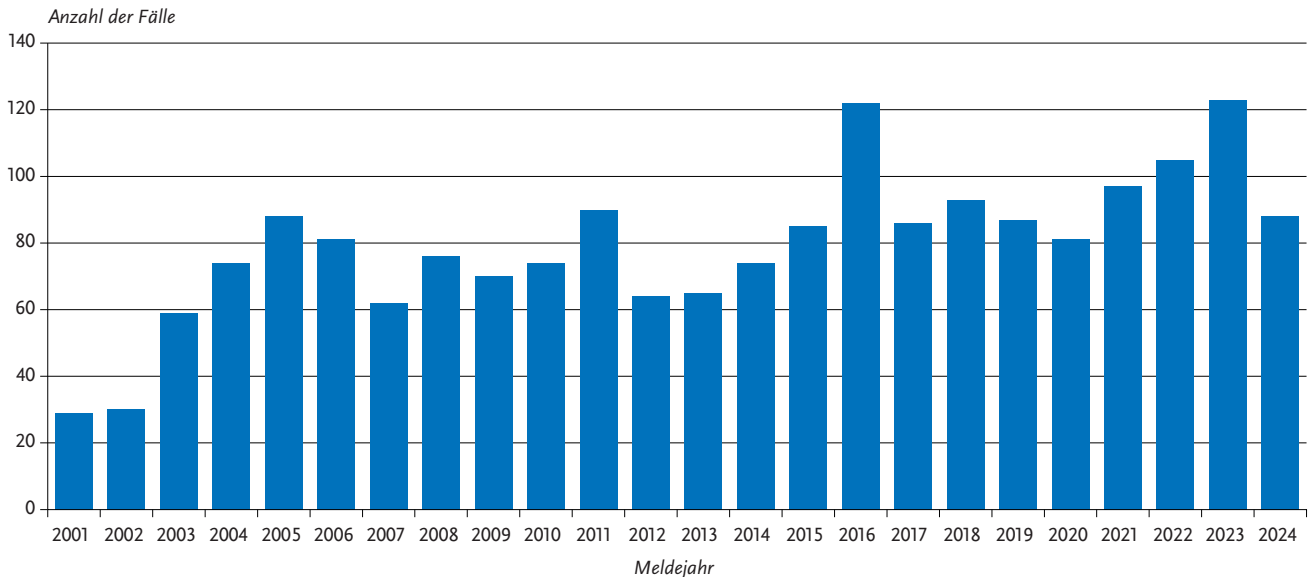
### Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 26 Fälle lag im Jahr 2024 keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 5 Fälle aus Baden-Württemberg, 4 Fälle aus

**Tab. 6.16.1:**  
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2024

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	7	34	4	45
Syrien	14			14
Bulgarien	9	1	2	12
Türkei	7		3	10
Afghanistan	5		3	8
Rumänien	4		1	5
Ukraine	4			4
Kasachstan	2		1	3
Russische Föderation	1	2		3
Griechenland	1		1	2
Irak	2			2
Italien	1		1	2
Marokko	2			2
Andere	1	1	1	3
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	60	38	17	115
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	28	14	9	51
<b>Summe Fälle</b>	<b>88</b>	<b>52</b>	<b>26</b>	<b>166</b>

**Abb. 6.16.1:**  
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



Bayern und Hamburg, 3 Fälle aus Hessen und Nordrhein-Westfalen, 2 Fälle aus Rheinland-Pfalz und Niedersachsen und jeweils ein Fall aus Berlin, Brandenburg und Saarland gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 17 Erkrankungen (65 %) vor, darunter entfielen 4 Nennungen auf Deutschland (s. Tab. 6.16.1). Unter den Erkrankten waren 17 männliche Personen und 9 weibliche Personen. Die Betroffenen waren, mit einer Ausnahme, alle älter als 19 Jahre.

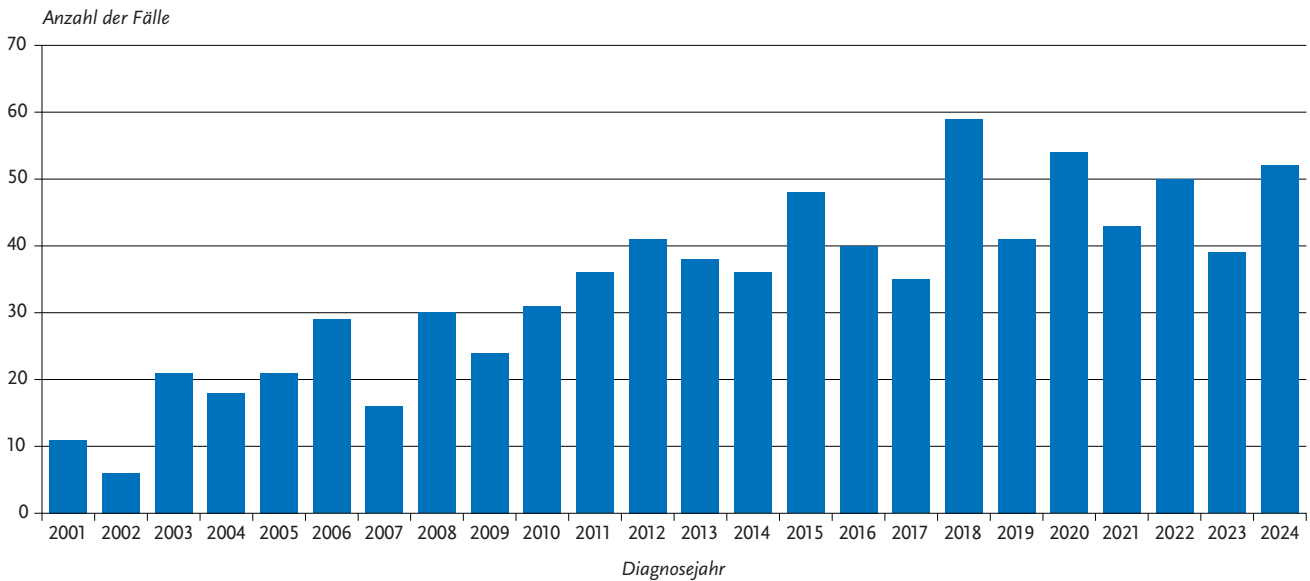
Die Anzahl jährlich gemeldeter Echinokokkosen, die als nicht differenziert gemeldet wurden, schwankt seit 2001 zwischen 5 und 29 Fällen (Median 16 Fälle) (s. Abb. 6.16.3).

**Datenqualität**

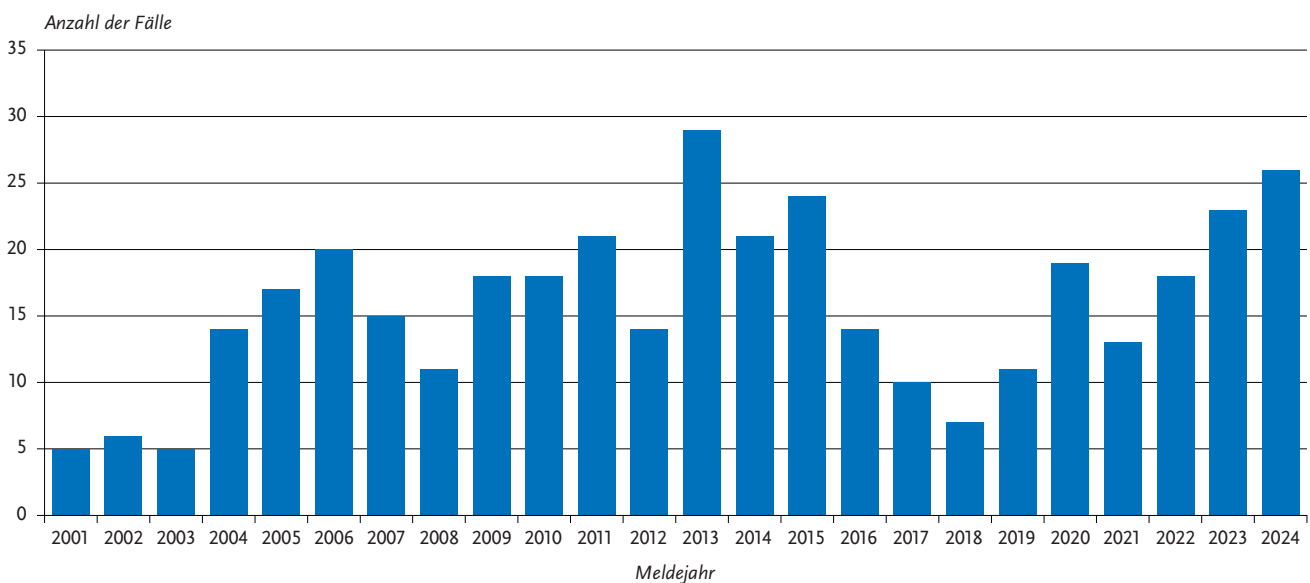
Die Angaben in den vorliegenden Meldebögen sind teilweise unvollständig, so dass die Kriterien für die Bewertung als Fall zum Teil nicht erfüllt sind.

Da die alveoläre Echinokokkose als endemische und die zystische Echinokokkose als vorrangig importierte Infektion

**Abb. 6.16.2:**  
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.16.3:**  
Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



unterschiedliche epidemiologische Implikationen haben, sollten Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten.

### Fazit

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

### Literaturhinweise

- 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.: *Chapter Four - 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 Echinokokkose. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

## 6.17 EHEC-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **4.567**
- ▶ Erneuter 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 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. 6.17.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS, welches in Kap. 6.31 behandelt wird.

### Zeitlicher Verlauf

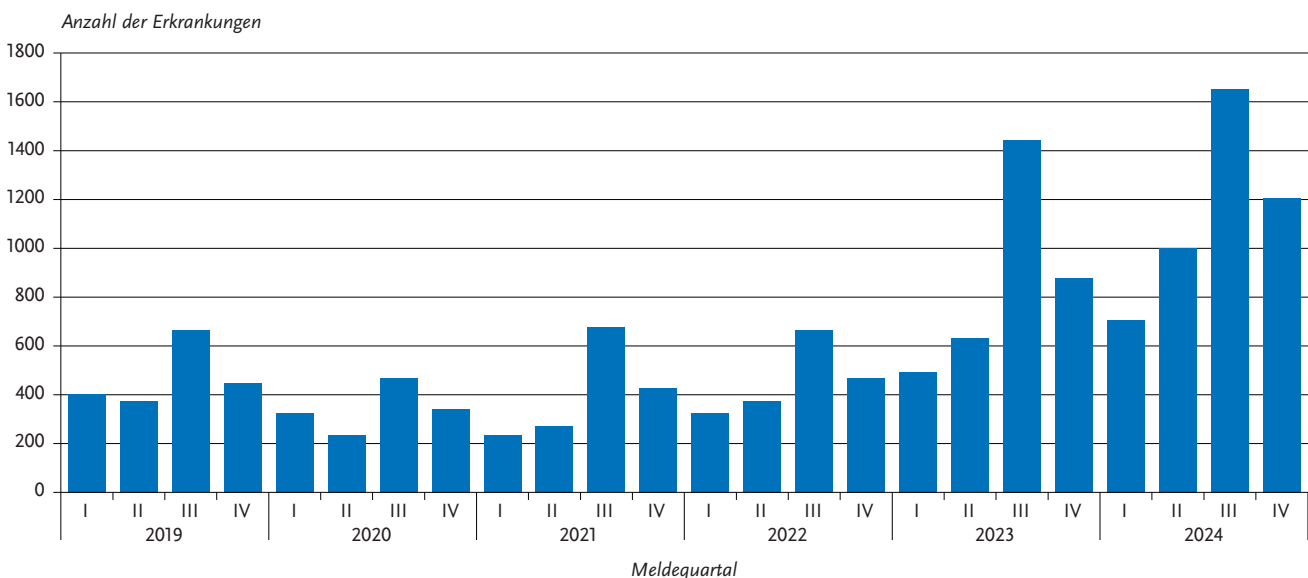
Im Jahr 2024 wurden 4.567 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2023: 3.444; Median 2019 bis 2023: 1.830). Dies ist eine Zunahme um 33 % gegenüber dem Vorjahr. Ein Großteil der Übermittlungen (n = 1.652; 36 %) erfolgte, wie in den Vorjahren, im III. Quartal (s. Abb. 6.17.1).

### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz betrug 5,4 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (2023: 4,1 Erkr./100.000 Einw.). Im Saarland (2,4), in Bayern (2,6) und Bremen (3,0) waren die Inzidenzen am niedrigsten, und in Mecklenburg-Vorpommern (8,0), Sachsen-Anhalt (8,0) und Niedersachsen (8,9) am höchsten. Die Inzidenzen lagen in allen Bundesländern über dem Median der 5 Vorjahre. Die stärksten relativen Zuwächse im Vergleich zum Median zeigten sich in Hessen (+ 496 %), Niedersachsen (+ 229 %) und Thüringen (+ 227 %) (s. Abb. 6.17.2).

Bei 2.885 Erkrankungen (63 %, Vorjahr: 66 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 2.350-mal genannt (80 % der Nennungen). Die am häufigsten

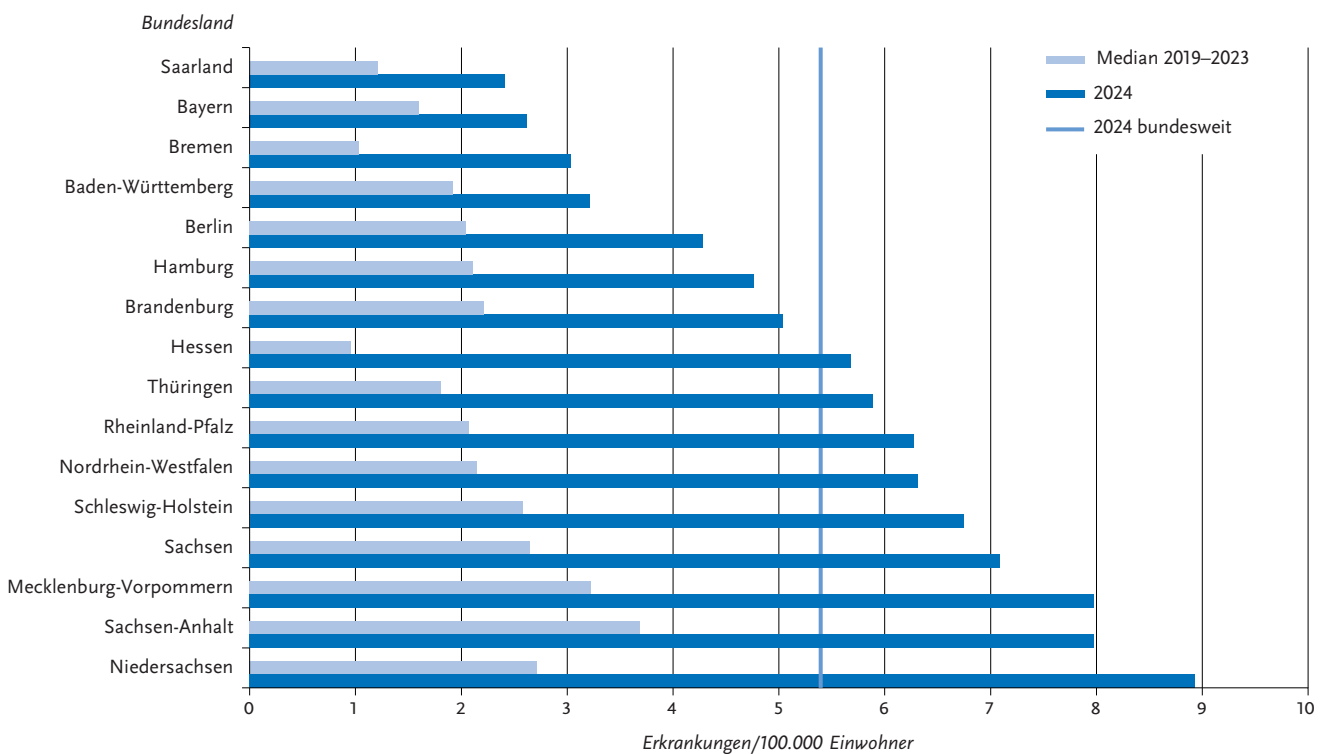
Abb. 6.17.1: Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



**Tab. 6.17.1:**  
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	22	0 %	38	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.422	78 %	4.529	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	441	10 %	559	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	519	12 %	696	12 %
alle	4.404	100 %	5.822	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>3.444</b>	<b>78 %</b>	<b>4.567</b>	<b>78 %</b>

**Abb. 6.17.2:**  
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 4.567)



genannten anderen Infektionsländer waren Ägypten (128-mal), die Türkei (95-mal) und Italien (30-mal).

**Demografische Verteilung**

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (17,3 Erkr./100.000 Einw.) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (s. Abb.6.17.3); 15 % (Vorjahr: 21 %) der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz (32,5 Erkr./100.000 Einw.) wiesen einjährige Kinder auf.

Die Inzidenz lag bei weiblichen Personen höher als bei männlichen Personen (6,0 vs. 4,8). Dies traf für alle Altersgruppen mit Ausnahme der 2-, 4- und 10-14-Jährigen zu (s. Abb.6.17.3).

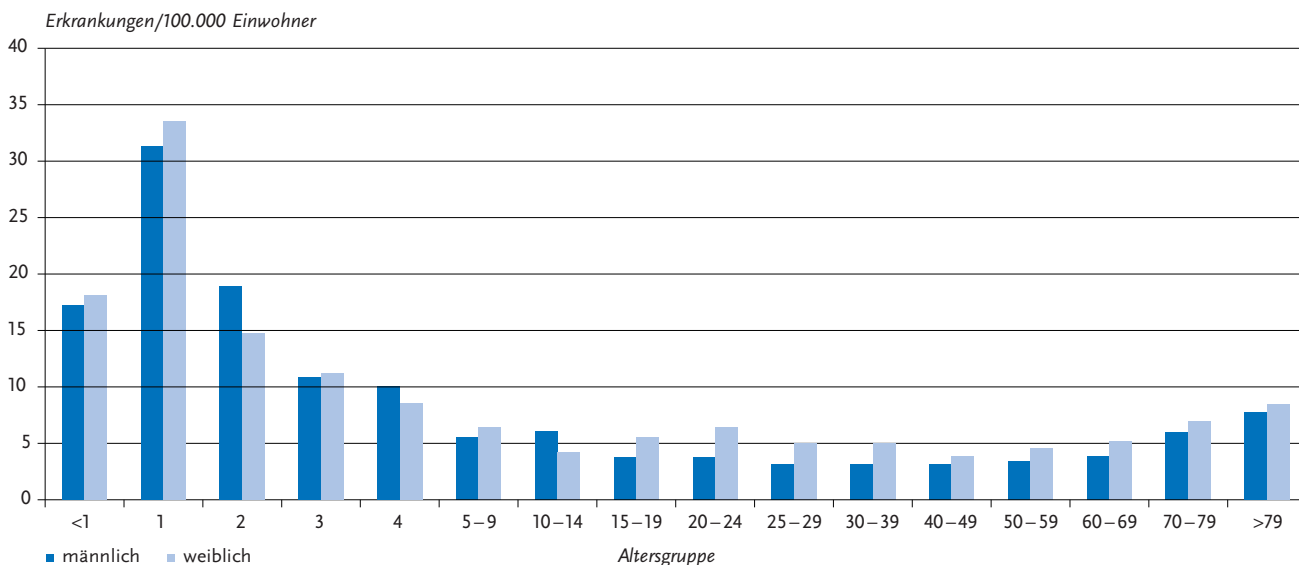
**Klinische Aspekte**

Für alle 4.567 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 8.293 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (bei 88 % der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (63 %), Erbrechen (17 %) und Fieber (14 %). Im Jahr 2024 wurde ein Todesfall aufgrund einer EHEC-Erkrankung übermittelt. Betroffen war eine Person im Alter von etwa 90 Jahren.

**Nachgewiesene Erreger**

Für 678 EHEC-Erkrankungen (15 %; 2023: 408 Fälle, 12 %) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab 6.17.2). Die am häufigsten genannte Serogruppe war wie im Vorjahr O157 mit 175 Fällen (2023: 116), gefolgt von O146 mit 65 Fällen (2023: 28), O91 mit 60 Fällen (2023: 27) und „Ont“ (= O-Antigen nicht typisierbar) mit 54 Fällen (2023: 49).

**Abb. 6.17.3:**  
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 4560)



**Tab. 6.17.2:**  
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2024 (n = 678)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
O157	175	26 %
O146	65	10 %
O91	60	9 %
Ont (nicht typisierbar)	54	8 %
O103	42	6 %
O26	36	5 %
O8	24	4 %
O145	20	3 %
O128	19	3 %
O113	11	2 %
Andere	172	25 %
<b>Summe</b>	<b>678</b>	<b>100 %</b>

**Ausbrüche**

Es wurden 48 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 109 Erkrankungen übermittelt (2023: 43 Ausbrüche mit 112 Erkrankungen). Der größte Ausbruch betraf 5 Fälle und ereignete sich in einer Kindertagesstätte. Eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde als wahrscheinlich angesehen. Die übrigen 47 Ausbrüche betrafen jeweils 2 bis 4 Fälle und ereigneten sich in der überwiegenden Mehrzahl (38) in privaten Haushalten. EHEC-Ausbrüche, in denen auch HUS-Fälle auftraten, sind in Kap. 6.31 beschrieben.

**Datenqualität**

Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Möglichkeiten abhängig. Die Diagnostik dieser Erreger ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt oft

nur ein Nachweis des Shigatoxins bzw. Shigatoxin-Gens ohne Erregerisolierung und somit ohne Möglichkeit, die Serogruppe zu bestimmen.

Die Serogruppenbestimmung wäre jedoch für die epidemiologische Beurteilung und für die Erkennung von geografisch diffusen Ausbrüchen erforderlich. Da nur für 15 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine begrenzte Aussagekraft. Bei 696 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 2024 im Vergleich zu 2023 erneut angestiegen, und zwar um etwa ein Drittel. Auch wenn dieser Anstieg weniger stark ausfiel als der Anstieg von 2022 auf 2023 (88 %), wird vermutlich auch dieser Anstieg zu einem großen Teil durch die häufigere Anwendung von Multiplex-PCR-Assays in der Routinediagnostik von Durchfallerkrankungen bedingt. Es wurden 2024 keine größeren Ausbrüche festgestellt.

Der mit nur 15 % geringe Anteil der Erkrankungen mit Angabe der Serogruppe (2023: 11 %) 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, Größl 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 Wiederzulassung 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 EHEC-Erkrankung*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

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



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **9.839** (sowie **80** 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 im Nationalen Referenzzentrum für gramnegative Krankenhauserreger im Jahr 2024 beispielsweise bei *Escherichia coli* und *Klebsiella pneumoniae* relativ häufig und zunehmend Carbapenemasen nachgewiesen (79 % und 62 %), bei anderen Spezies wie *Klebsiella aerogenes* seltener (7 %).

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. 6.18.1). 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.

Tab. 6.18.1: Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.625	21 %	1.848	19 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.721	48 %	4.698	48 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.460	32 %	3.293	33 %
alle	7.806	100 %	9.839	100 %
Referenzdefinition (C)	<b>7.806</b>	<b>100 %</b>	<b>9.839</b>	<b>100 %</b>

### 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. 6.18.2). Zur Familie der Enterobacterales gehören u. a. Salmonellen, Yersinien, Shigellen, *Escherichia coli*, die auch in separaten Übermittlungskategorien erfasst werden (insgesamt 80 Fälle). Die übrigen Gattungen der Enterobacterales wurden in der Übermittlungskategorie Enterobacterales (n = 9.839) übermittelt. Insgesamt wurden 9.919 Fälle von Enterobacterales mit verminderter Carbapenem-Empfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante übermittelt.

**Tab. 6.18.2:**  
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Übermittlungskategorie, Deutschland 2024

Übermittlungskategorie	Anzahl
Enterobacterales-Infektion oder -Kolonisation	9.839
Salmonellose	42
Yersiniose	15
EHEC-Erkrankung	7
Shigellose	15
Typhus abdominalis	1
<b>Gesamt</b>	<b>9.919</b>

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 9.839 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 11,6 Fällen pro 100.000 Einw. in Deutschland. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (9,2) gestiegen.

### Geografische Verteilung

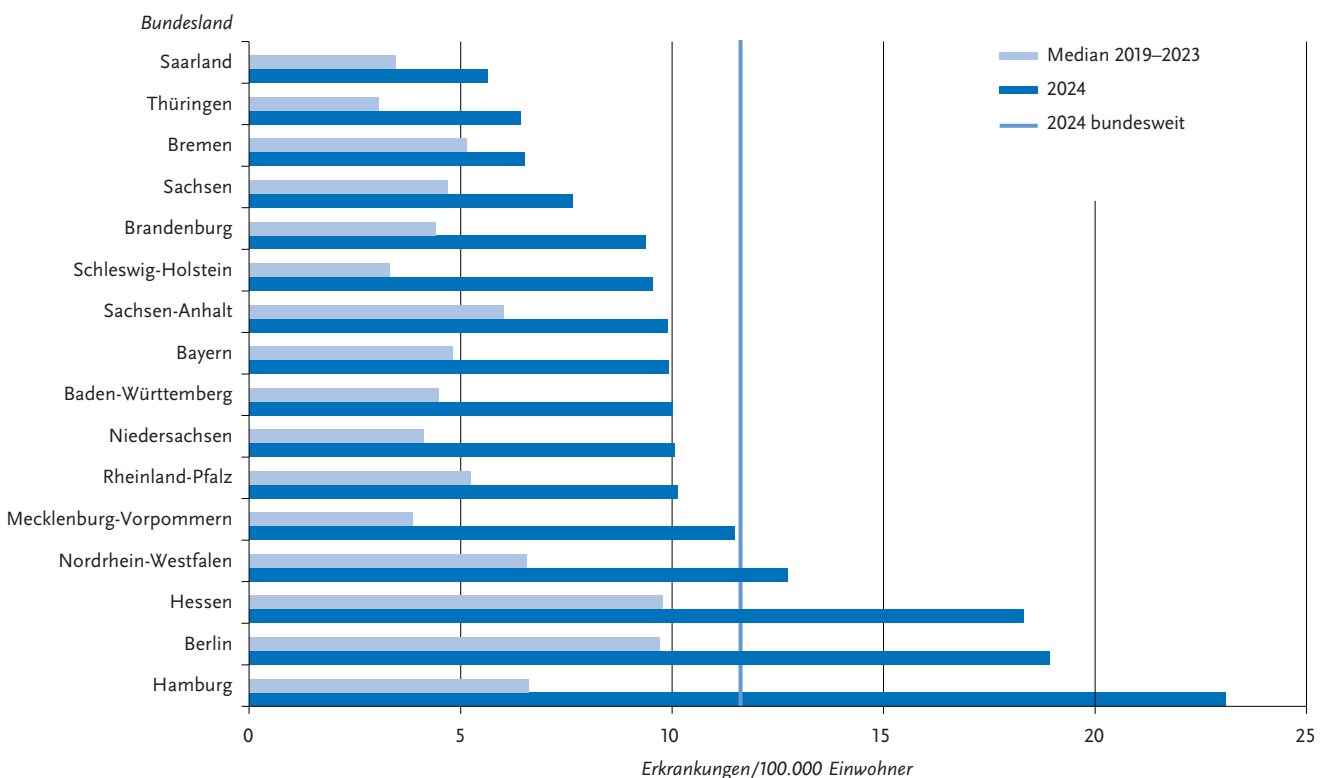
Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.18.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Hamburg (23,1 Fälle/100.000 Einw.), Berlin (18,9) und Hessen (18,3) verzeichnet, die geringste Inzidenz in Saarland (5,6).

Für 3.385 Fälle lagen Informationen zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Nach Deutschland mit 2.926 Nennungen (86 %), wurde die Ukraine mit 148 Fällen (4 %) sowie die Türkei mit 58 Fällen (2 %) angegeben.

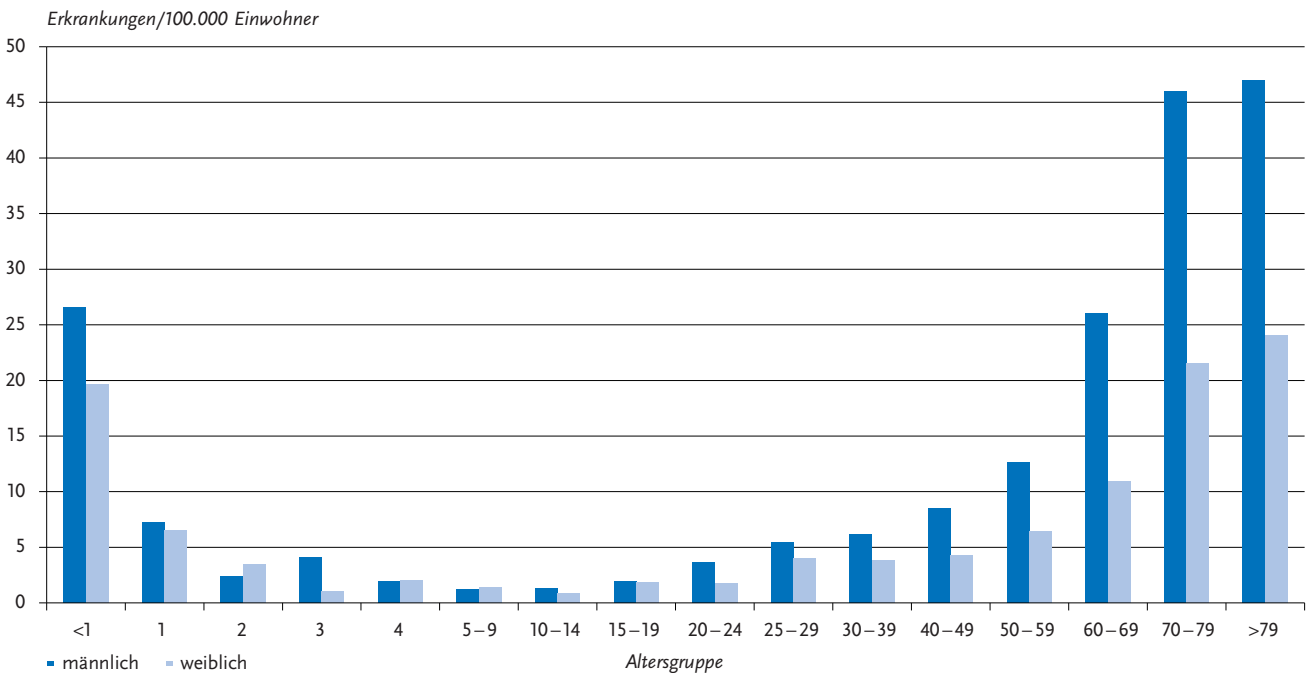
### Demografische Verteilung

Mehr als drei Viertel der übermittelten Fälle (79 %) 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 (23,2 Fälle/100.000 Einw.) besonders stark betroffen (s. Abb. 6.18.2). Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der über 79-Jährigen (33,0) bzw. der 70- bis 79-Jährigen (32,7) beobachtet. Jungen und Männer (14,9 Fälle/100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (8,4), besonders in den hohen Altersgruppen.

**Abb. 6.18.1:**  
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 9.839)



**Abb. 6.18.2:**  
Übermittelte Fälle von Enterobacterales-Infektionen oder -Kolonisationen mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 9.820)



### Klinische Aspekte

Für 6.307 der 9.839 Fälle (64 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 2.010 Fälle (32 %) wurden als Infektion und 4.297 Fälle (68 %) als Kolonisation übermittelt.

Für alle 9.839 Fälle lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor. Am häufigsten erfolgte der Erregernachweis in Screening-Abstrichen (4.473-mal, 44 % der 10.144 Nennungen), im Urin (2.272-mal, 22 %) und in Stuhlproben (1.205-mal, 12 %) (Mehrfachangaben möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 8.780 Fälle (89 %) vorhanden. Demnach waren 7.760 Fälle (88 %) hospitalisiert. Unter 9.750 Fällen (99 %) mit entsprechender Angabe wurden 396 Todesfälle verzeichnet (4 %). Von 322 Todesfällen, für die Angaben zur Todesursache vorlagen, wurden 55 Fälle (17%) als »an der gemeldeten Krankheit verstorben« übermittelt, darunter 30 Fälle mit *Klebsiella* spp., 11 Fälle mit *Escherichia* spp., 6 Fälle mit *Enterobacter* spp., 5 Fälle mit *Citrobacter* spp., 2 Fälle mit *Raoultella* spp., und ein Fall mit *Proteus* spp.

### Nachgewiesene Erreger

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (3.524 Fälle, 36 % aller Fälle). Es folgten *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *Escherichia coli* (2.364 Fälle, 24 %) und *Enterobacter* spp., darunter am häufigsten *E. cloacae* (968 Fälle, 10 %) (s. Tab. 6.18.3).

### Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Bei 8.621 von 9.839 Fällen (88 %), die in der Übermittlungskategorie Enterobacterales übermittelt wurden, lagen weitgehende Informationen zur Empfindlichkeit gegenüber

mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder Ertapenem) vor. Von den 5.191 Fällen mit einer Angabe zu allen drei Carbapenemen waren 5.005 Fälle (96 %) vermindert empfindlich gegen Ertapenem, 3.568 Fälle (69 %) gegen Imipenem und 3.437 Fälle (66 %) gegen Meropenem. 3.148 Fälle (61 %) waren vermindert empfindlich gegen alle drei Carbapeneme.

### Nachgewiesene Resistenzgene

Für 6.376 von 9.839 Fällen (65 %) lagen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 6.001 Fällen (94 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 5.090 Fällen (85 % der getesteten Fälle) nachgewiesen, am häufigsten Carbapenemasen vom Typ OXA-48-like (inklusive OXA-48, OXA-162, OXA-181, OXA-232 und OXA-244; 2.314 Fälle, 45 %).

Bei *Klebsiella* spp. (2.631 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 2.093 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (977 Fälle, 47 %), NDM-1 (112 Fälle, 5 %), KPC-3 (51 Fälle, 2 %) und NDM-4 (24 Fälle, 1 %) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (1.680 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 1.557 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48 bzw. OXA-48-like (965 Fälle, 62 %), darunter OXA-244 (133 Fälle, 9 %), NDM-5 (32 Fälle, 2 %) und NDM-1 (23 Fälle, 1 %) übermittelt. Bei *Enterobacter* spp. (744 Fälle auf ein Resistenzgen getestet, davon 609 mit Nachweis) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (116 Fälle, 19 %), VIM-1 (64 Fälle, 11 %) und NDM-1 (21 Fälle, 3 %) übermittelt.

**Tab. 6.18.3:**  
Übermittelte Enterobacterales mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach Gattung bzw. Art, Deutschland, 2024 (n = 9.839)

ErregerSerotyp	Anzahl	Anteil
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	3.524	35,8 %
<i>Escherichia coli</i>	2.364	24,0 %
<i>Enterobacter cloacae</i>	968	9,8 %
<i>Citrobacter freundii</i>	809	8,2 %
<i>Klebsiella aerogenes</i>	526	5,3 %
<i>Klebsiella oxytoca</i>	289	2,9 %
<i>Enterobacter</i> spp., sonstige	243	2,5 %
<i>Serratia marcescens</i>	171	1,7 %
<i>Enterobacter hormaechei</i>	140	1,4 %
<i>Proteus mirabilis</i>	103	1,0 %
<b>Summe (nur unbekannt)</b>	<b>0</b>	
<b>Summe (Gesamt)</b>	<b>9.839</b>	
<b>Summe (ohne unbekannt)</b>	<b>9.839</b>	<b>100 %</b>

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 42 Ausbrüche mit insgesamt 149 Fällen übermittelt. Bei neun Ausbrüchen wurden fünf Fälle oder mehr übermittelt (insgesamt 68 Fälle, 46 %). Insgesamt wurden 20 der 42 Ausbrüche durch *Klebsiella pneumoniae* verursacht (insgesamt 71 Fälle), acht Ausbrüche durch *Enterobacter cloacae* (24 Fälle) sowie vier Ausbrüche durch *Escherichia coli* (10 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 64 % der übermittelten Fälle enthalten. Für lediglich 65 % der Fälle lagen Angaben zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) vor. Diese Information ist jedoch hinsichtlich der Einschätzung einer Übertragbarkeit der verminderten Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen essenziell, 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 2024 weiter an und erreichten das höchste Niveau seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2016. Ein Teil des Anstiegs steht möglicherweise in Zusammenhang mit der Versor-

gung von Kriegsverletzten und Geflüchteten aus der Ukraine, worauf auch mehrere Publikationen hinweisen. Anteilsmäßig war erneut *Escherichia coli* von dem Anstieg der Fallzahlen besonders betroffen.

### Literaturhinweise

- Baum JH, Dörre A, Reichert F, et al. *Changes in incidence and epidemiology of antimicrobial resistant pathogens before and during the COVID-19 pandemic in Germany, 2015–2022*. BMC microbiology. 2025 Jan 28;25(1):51. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03723-5>
- ECDC: *Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) - Annual epidemiological report for 2023*. 2024. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-eueea-ears-net-annual-epidemiological-report-2023>
- Kohlenberg A, Svartström O, Apfalter P, et al.: *Emergence of Escherichia coli ST131 carrying carbapenemase genes, European Union/ European Economic Area, August 2012 to May 2024*. Euro Surveill. 2024 Nov;29(47):2400727. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2024.29.47.2400727.
- 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>
- Lebreton, F., Kondratiuk, V., Kovalchuk, V., et al. *High genetic relatedness between multidrug resistant bacteria before and after the 2022 invasion of Ukraine*. Genome Med 17, 74 (2025). <https://doi.org/10.1186/s13073-025-01500-1>
- 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, Möller S, Eisfeld J, Pankok F, Gaterman SG: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums für gramnegative Krankenhauserreger für das Jahr 2024*. Epid Bull 2025;20(21):3-11. <https://doi.org/10.25646/13143>
- 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>

## 6.19 Fleckfieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 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 2024 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>

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



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 687
- ▶ Im Vergleich zum Vorjahr Zunahme der Erkrankungen um 44 %
- ▶ 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
- ▶ 59 % der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 83 % hospitalisiert
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ Mehrzahl der Erkrankten mit bekanntem Impfstatus (98 %) 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.

Tab. 6.20.1: Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	478	89 %	687	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	30	6 %	57	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	27	5 %	29	4 %
alle	535	100 %	773	100 %
Referenzdefinition (C)	478	89 %	687	89 %

**Falldefinition**

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.20.1).

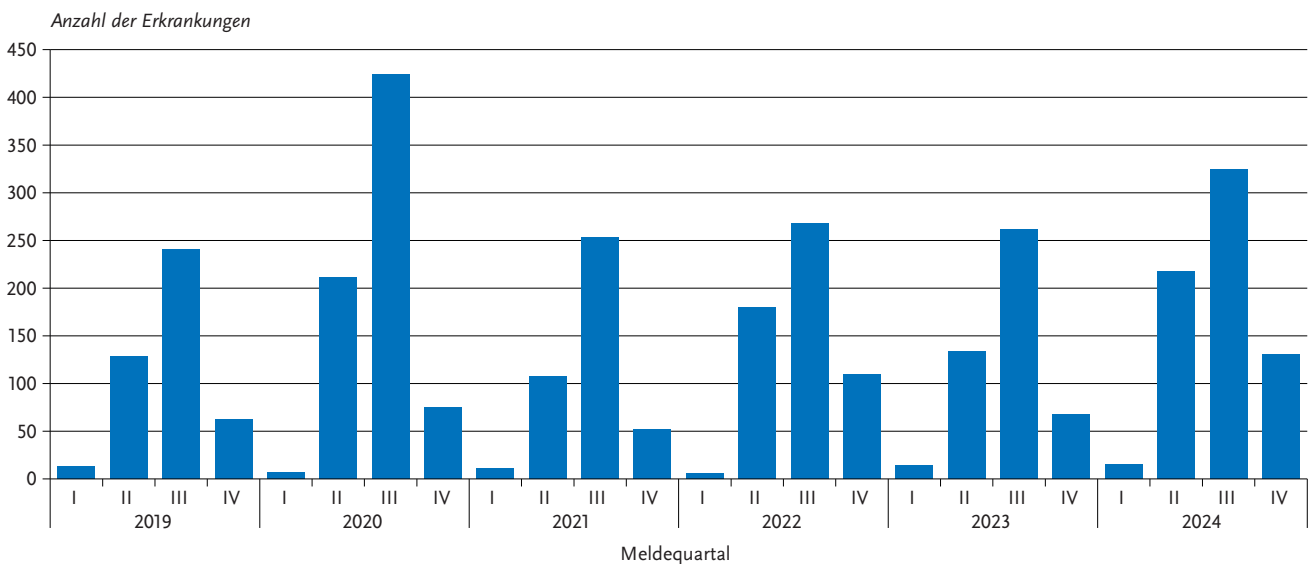
**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 erfüllten 687 der 773 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 209 Erkrankungen (44 %) gestiegen (s. Tab. 6.20.1). Entsprechend der Zeckenaktivität wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätsommer übermittelt; 542 der 687 Erkrankungen (79 %) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.20.1).

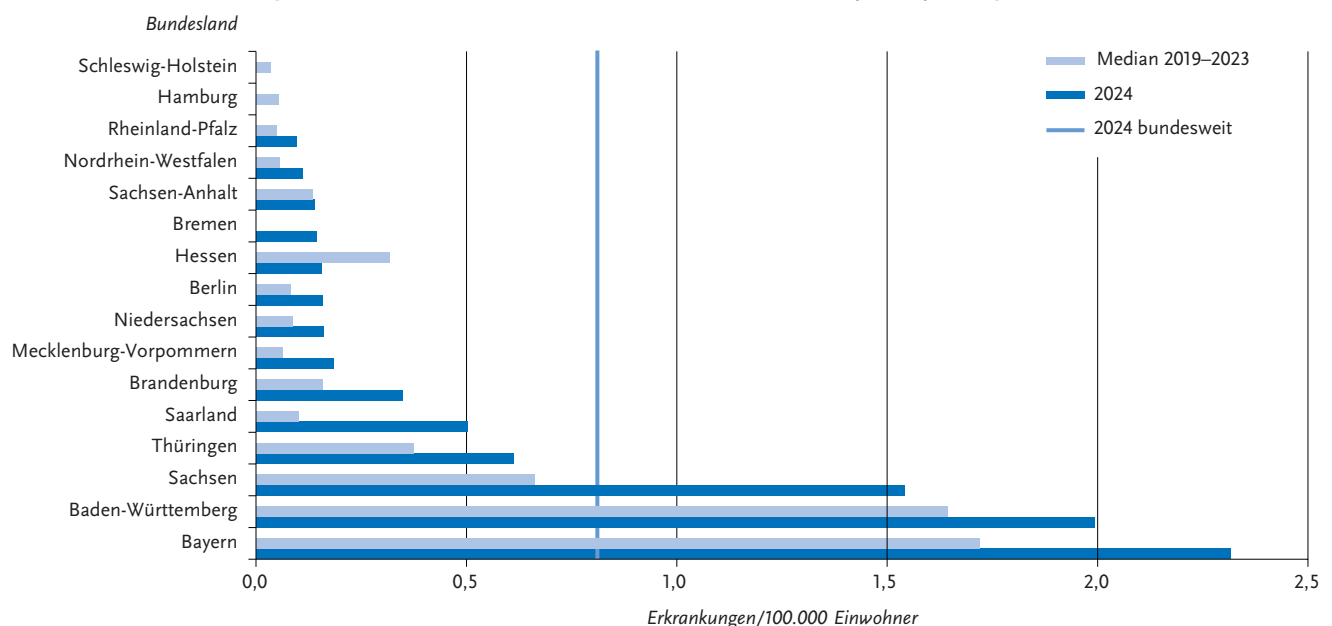
**Geografische Verteilung**

Die Inzidenz der übermittelten FSME-Erkrankungen lag in 13 von 16 Bundesländern über dem jeweiligen Median der Vorjahre 2019 bis 2023, insbesondere in Sachsen. Mit 2,3 bzw. 2,0 Erkrankungen (Erkr.) pro 100.000 Einw. war die Inzidenz in Bayern und Baden-Württemberg – wie in den Vorjahren – am höchsten (s. Abb. 6.20.2). In diesen beiden Bundesländern lagen 138 der 183 im Jahr 2024 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

**Abb. 6.20.1:**  
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



**Abb. 6.20.2:**  
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 687) im Vergleich mit den Vorjahren



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 543 von 575 Erkrankungen (94 %), bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war (Mehrfachnennungen möglich), wurde ausschließlich Deutschland genannt. Daneben wurden noch Österreich (10 Nennungen), jeweils dreimal Polen und die Tschechische Republik, jeweils zweimal Frankreich, Italien, Schweden und die Schweiz und jeweils einmal elf weitere Länder als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Für 112 Erkrankungen (16 %) wurde kein Infektionsland angegeben.

**Demografische Verteilung**

Die Inzidenz war bei Jungen und Männern mit 1,0 Erkr./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (0,7). Die höchste Inzidenz wurde mit etwa 1,5 bei Männern in der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.20.3). Bei Frauen war die Inzidenz in der Altersgruppe 50 bis 59 Jahre am höchsten (1,1).

**Klinische Aspekte**

Bei allen 687 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 33 der 59 (56 %; Vorjahr: 64 %) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 26 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis, darunter 4 mit zusätzlicher Enzephalitis. Bei 6 Kindern wurde eine isolier-

te Enzephalitis und bei einem Kind eine isolierte Myelitis berichtet.

Von den 628 erkrankten Personen, die 15 Jahre und älter waren, hatten 373 (59 %; Vorjahr: 53 %) eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 228 Erkrankte (36 %) eine isolierte Meningitis. Bei 7 erkrankten Personen trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei 132 Erkrankten (21 %) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 53 zusätzlich eine Meningitis, eine erkrankte Person zusätzlich eine Myelitis und 8 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Bei 6 Personen wurde eine isolierte Myelitis berichtet. Somit wurden bei insgesamt 156 Erkrankten (23 %) die besonders schweren neurologischen Manifestationen einer Enzephalitis oder Myelitis angegeben.

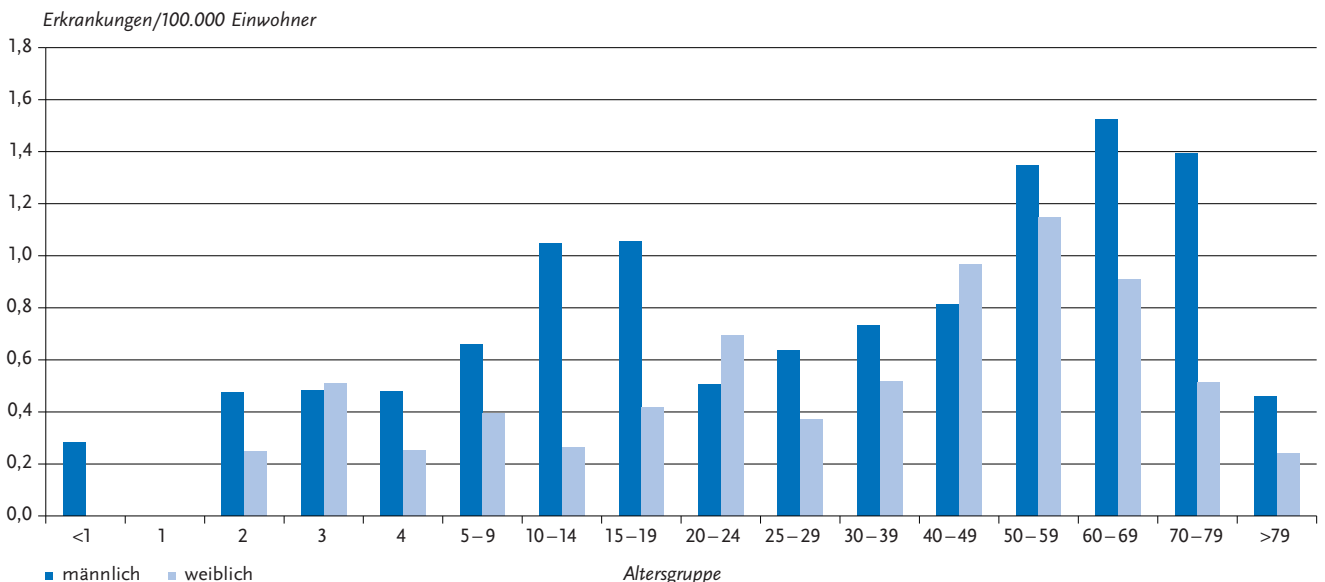
Von den 687 übermittelten Erkrankungen wurde bei 573 (83 %) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS wurde häufiger eine Hospitalisierung angegeben (386/406; 95 %) als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeine Krankheitssymptome angegeben wurden (187/281; 67 %). Es wurden 3 durch FSME verursachte Todesfälle übermittelt: eine Person im Alter von über 80 Jahren und zwei Personen im Alter ab 50 Jahren.

**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

**Abb. 6.20.3:** Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 687)



Abstand von 5 Jahren (Alter < 50 Jahre [Impfstoff Encepur®] bzw. Alter < 60 Jahre [Impfstoff FSME-Immun®]) oder 3 Jahren (Alter 50 Jahre oder älter [Impfstoff Encepur®] bzw. 60 Jahre oder älter [Impfstoff FSME-Immun®]).

Der gleichzeitige Nachweis von IgM-Antikörpern und IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als labor diagnostische Bestätigung einer akuten Infektion gewertet. Nach einer Impfung können IgM-Antikörper jedoch bis zu 8 Monate persistieren. Findet die serologische Diagnostik daher in den Monaten nach einer Impfung statt, kann eine Fehldiagnose nicht sicher ausgeschlossen werden. Zudem hat eine in Bayern durchgeführte Studie gezeigt, dass sich eine Infektion bei Personen mit 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 687 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 629 (92 %) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 69 (11 %) als geimpft und 560 (89 %) als nicht geimpft übermittelt. Erkrankte, die ihre 1. Impfdosis nach dem Erkrankungsbeginn erhielten, wurden dabei als nicht geimpft gezählt. Von den 69 geimpften Erkrankten lagen bei 54 (78 %) 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 614 (89 %) Erkrankten bewertet werden konnte (560 Ungeimpfte und 54 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung).

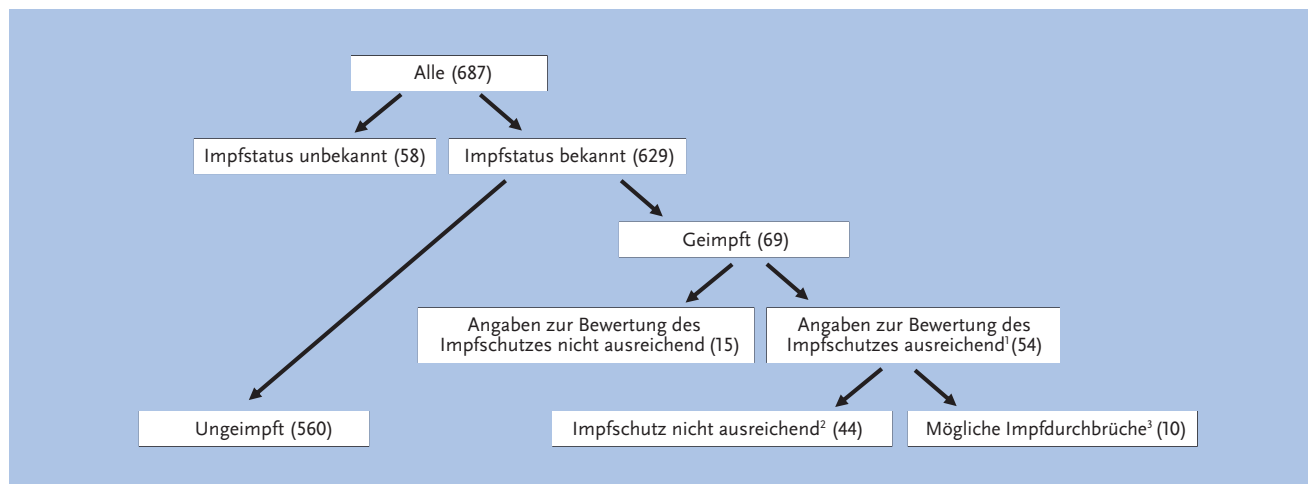
Von den 54 geimpften Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus wurden 44 (81 %) als unzureichend geimpft eingestuft (27 Erkrankungen mit einer Impfdosis, 10 Erkrankte mit 2 Impfdosen, 5 erkrankte Personen mit 3 Impfdosen, jeweils eine Erkrankung mit 4 Impfdosen und 5 Impfdosen). Dieser Anteil lag damit in der Größenordnung der Vorjahre (2023: 88 %, 2022: 81 %). Die Impfungen waren unvollständig bzw. erfolgten mit einem zu kurzen bzw. zu langen Abstand zwischen dem Erkrankungsbeginn und der letzten Impfdosis (s. Abb. 6.20.4).

Bei den übrigen 10 (19 %) Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus ist von einem ausreichenden Impfschutz auszugehen. Diese Fälle wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft (3 Erkrankte mit 2 Impfdosen deren letzte ≤ 12 Monate vor der Erkrankung verabreicht wurde, 4 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, 2 Erkrankte mit 5 Impfdosen (jeweils < 50 Jahre und > 50 Jahre), deren letzte 3–5 Jahre vor Erkrankung verabreicht wurde). Von den 10 mit Impfdurchbrüchen eingestuften Erkrankten wiesen 7 ZNS-Symptome in der Form einer Meningitis oder Enzephalitis auf.

**Ausbrüche**

Im Jahr 2024 wurden keine Ausbrüche zur FSME erfasst.

**Abb. 6.20.4:** Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 687) im Vergleich mit den Vorjahren



<sup>1</sup> Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung.  
<sup>2</sup> Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn der Abstand zwischen 2. Impfdosis und Erkrankungsbeginn 3 Wochen bis 12 Monate, der maximale Abstand zwischen 3. Impfung und Erkrankungsbeginn 3 Jahre oder der maximale Abstand zwischen ≥ 4. Impfdosis und Erkrankungsbeginn je nach Alter der geimpften Person 3 bis 5 Jahre beträgt.  
<sup>3</sup> Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine FSME-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

## Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 22 % 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 118 (17 %) der 687 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 2024 wurden deutlich mehr FSME-Erkrankungen übermittelt als im Vorjahr 2023. Die Anzahl der FSME-Erkrankungen erreichte im Jahr 2024 einen zweiten Höchstwert und lag weiterhin deutlich über dem Median der jährlichen Fallzahlen von 352 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 (98 %) aller an FSME Erkrankten mit bekanntem Impfstatus ungeimpft oder unvollständig geimpft war und eine Erkrankung mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz hätte vermieden werden können.

## 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. Correction: *Tick-borne encephalitis risk increases with dog ownership, frequent walks, and gardening: a case-control study in Germany 2018–2020*. *Microorganisms* 2022; 10, 690. *Microorganisms*. 2024;12(5). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10040690>

Nygren TM, Pilic A, Böhmer MM, et al. Author Correction: *Tick-borne encephalitis vaccine effectiveness and barriers to vaccination in Germany*. *Sci Rep*. 2024;14(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53031-1>

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. <https://doi.org/10.25646/4503>

RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Januar 2025)*. *Epid Bull* 2025; 9. <https://doi.org/10.25646/13037.2>

RKI: *Fünffjahresinzidenz der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002–2024*. *Epid Bull* 2025; 9 (Anlage). <https://doi.org/10.25646/13037.2>

RKI: *RKI-Ratgeber Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) und verwandte Virusenzephalitiden (TBE, tick-borne encephalitis)*. 2025. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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* 2025; 14:1-212 <https://doi.org/10.25646/13090.2>

## 6.21 Giardiasis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 2.837
- ▶ 2011 bis 2021 tendenziell abnehmende Fallzahlen; 2024 setzt sich der seit 2022 beobachtete Anstieg der Fallzahlen fort
- ▶ 46 % der Infektionen im Ausland erworben (Vorjahr: 48 %)
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kindern unter 4 Jahren sowie bei 25- bis 49-Jährigen; überwiegend männliche Personen betroffen
- ▶ 21 Ausbrüche mit 49 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

**Tab. 6.21.1:**  
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	0 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.356	71 %	2.835	72 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	224	7 %	281	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	717	22 %	826	21 %
alle	3.300	100 %	3.944	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>2.359</b>	<b>71 %</b>	<b>2.837</b>	<b>72 %</b>

Antigennachweis auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. mittels PCR) die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.21.1).

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden 2.837 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 478 (20 %) mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.21.1). Die Gesamtinzidenz stieg auf 3,4 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (Vorjahr: 2,8).

**Geografische Verteilung**

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 1,8 Erkr./100.000 Einw. (Schleswig-Holstein und Niedersachsen) und 10,8 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.21.2). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 3,4 Erkr./100.000 Einw. lagen auch Hamburg (5,2), Sachsen (5,0), Mecklenburg-Vorpommern (4,8), Thüringen und Sachsen-Anhalt (jeweils 3,9), Brandenburg (3,8) und Hessen (3,7). Angaben zum wahrscheinlichen Infektions-

land wurden für 1.929 Erkrankungen (68 %) übermittelt. Von den 2.040 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) entfielen 1.105 (54 %) auf Deutschland. Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Indien (125 Nennungen, 6 %) und Spanien (57 Nennungen, 3 %). (s. Tab. 6.21.2).

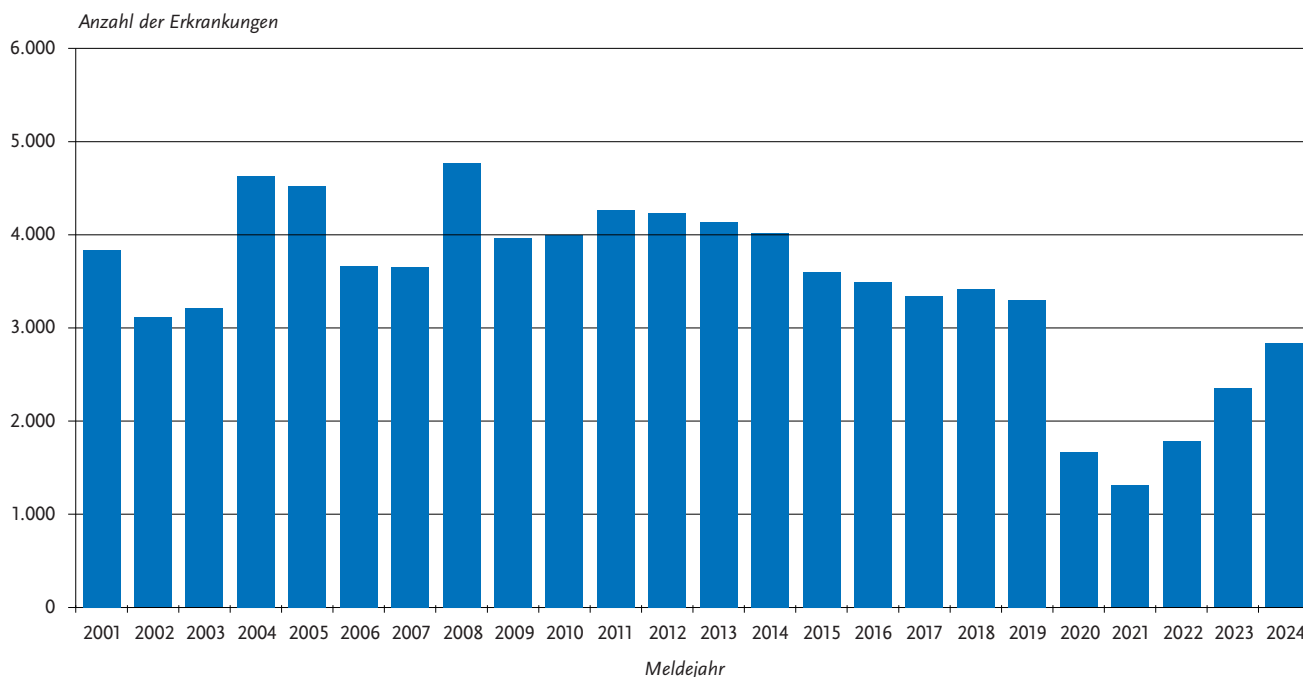
**Demografische Verteilung**

Die altersspezifische Inzidenz der Giardiasis war zweigipflig (s. Abb. 6.21.3) mit einem Inzidenzgipfel bei 2-jährigen Kindern (6,2 Erkr./100.000 Einw.) und einem zweiten bei Erwachsenen zwischen 25 und 49 Jahren (4,4). Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (4,2 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (2,5); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied in der Altersgruppe der 30- bis 59-jährigen.

**Klinische Aspekte**

Bei 2.478 (87 %) Fällen wurde Durchfall, bei 1.832 (65 %) Bauchschmerzen und bei 971 (34 %) Blähungen angegeben. Es wurden keine krankheitsbedingten Todesfälle übermittelt.

**Abb. 6.21.1:**  
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Tab. 6.21.2:**  
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2024 (Mehrfachnennungen möglich, 1.929 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.105	54 %
Indien	125	6 %
Spanien	57	3 %
Türkei	34	2 %
Ägypten	32	2 %
Mexiko	31	2 %
Italien	29	1 %
Thailand	28	1 %
Tansania	27	1 %
Kolumbien	27	1 %
Andere	545	27 %
<b>Summe</b>	<b>2.040</b>	<b>100 %</b>

**Ausbrüche**

Im Jahr 2024 wurden 21 Ausbrüche übermittelt (2023: 12). Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 49 (2023: 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. mittels PCR) diagnostiziert wurden. Es ist zu erwarten, dass diese Nachweismethode in den kommenden Jahren weiter an Bedeutung gewinnen wird. Im Jahr 2024 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 28 % ausschließlich mittels Antigentest; 6 % ausschließlich mittels Mikroskopie; 58 % ausschließlich mittels PCR sowie 3 % mittels Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

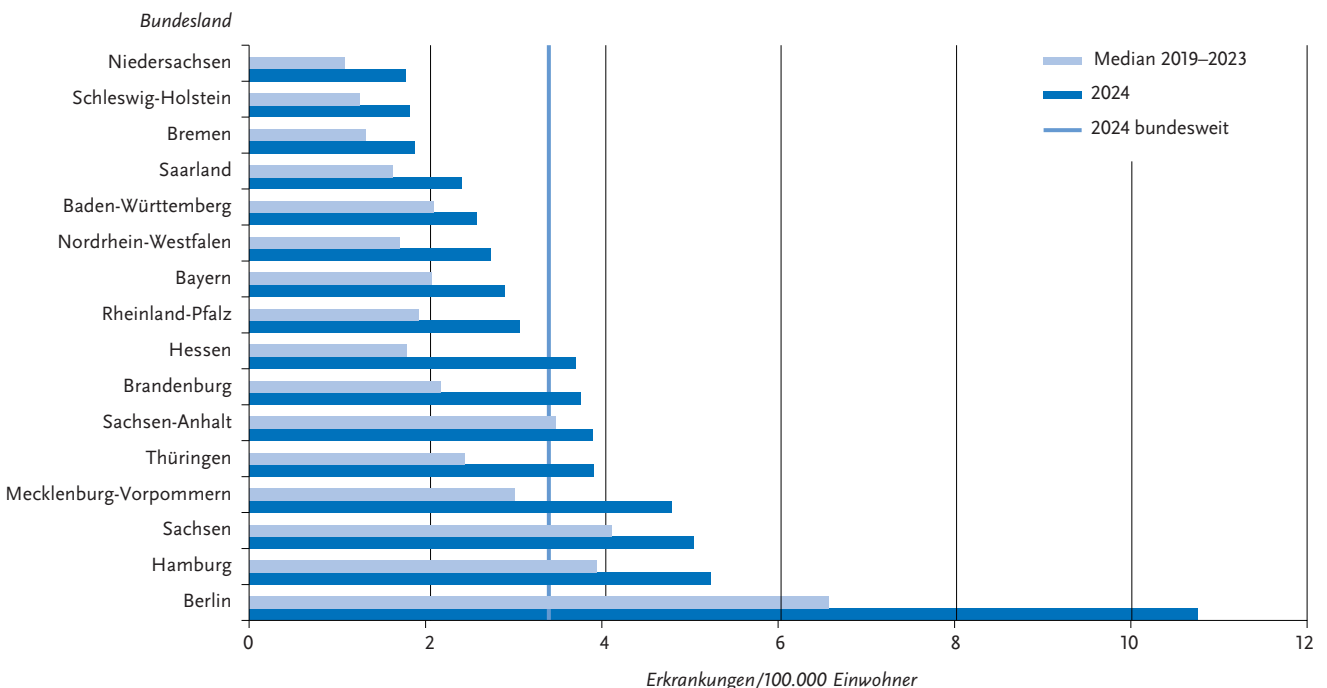
**Fazit**

Im Jahr 2024 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 2024 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.

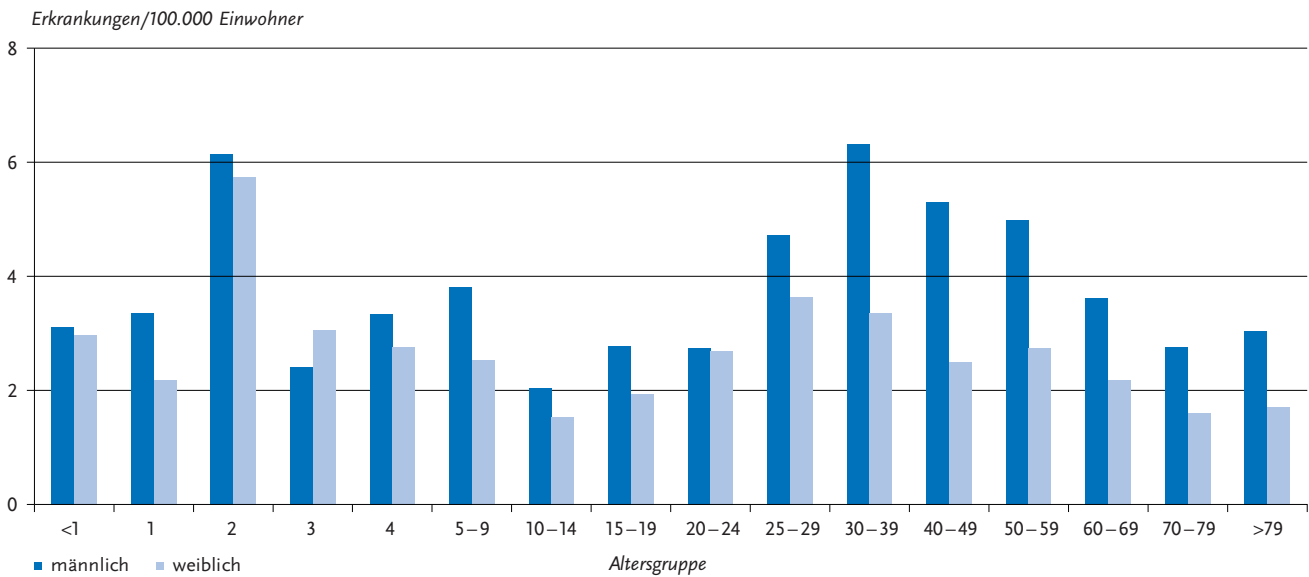
**Literaturhinweise**

ECDC: *Giardiasis (lambliaosis) – Annual Epidemiological Report for 2022. 2024.* Abrufbar unter: [https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/GIAR\\_AER\\_2022\\_Report.pdf](https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/GIAR_AER_2022_Report.pdf)  
 Hommes F, Dörre A, Behnke SC, Stark K, Faber M: *Autochthonous and imported giardiasis cases: An analysis of two decades of national*

**Abb. 6.21.2:**  
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 2.837) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.21.3:**  
**Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n= 2.829)**



surveillance data, Germany, 2002 to 2021. *Eurosurveillance*. 2024; 29(20). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.20.2300509>

Homes 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>

Homes F, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2024.* *Epid Bull* 2025; 48. <https://doi.org/10.25646/13568>

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>

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

## 6.22 Gonorrhö – *Neisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon



- ▶ Fälle 2024: 1.111
- ▶ Höchste Inzidenz in Berlin und Hamburg.
- ▶ Höchste Fallzahlen bei heterosexuellen Männern und MSM
- ▶ Verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin als häufigster Meldegrund

### Kurzbeschreibung

*Neisseria (N.) gonorrhoeae* ist der bakterielle Erreger der Gonorrhö (Tripper), einer vorwiegend sexuell übertragbaren Krankheit. 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

### Fallkriterien

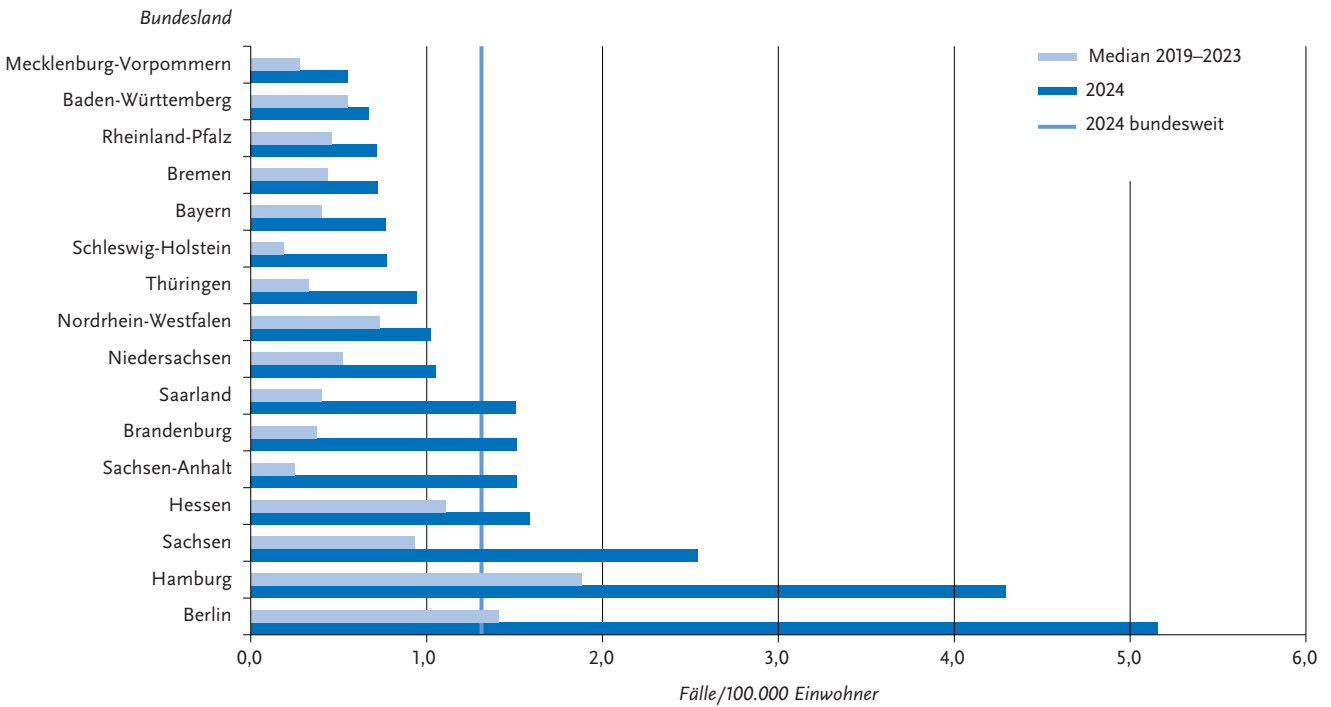
Gemäß § 7 Abs.3 IfSG werden Nachweise von *N.eisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon direkt an das RKI gemeldet. Die eingegangenen Meldungen werden nach Fallkriterien bewertet. Alle Fälle sind labordiagnostisch bestätigt, es liegen aber nicht zwingend Angaben zur klinischen Symptomatik vor.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Meldungen, die die Fallkriterien erfüllen. Seit September 2022 wurde die Meldepflicht gemäß §7.3 IfSG auf den generellen Nachweis von *N.eisserie gonorrhoeae* erweitert. Da die Nachweise noch nicht regulär gemeldet werden, sind diese Fälle hier nicht dargestellt.

### 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-Dezember

**Abb. 6.22.1:** Gemeldete Fälle von Gonorrhö mit verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 1.108) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2020 – 2023).



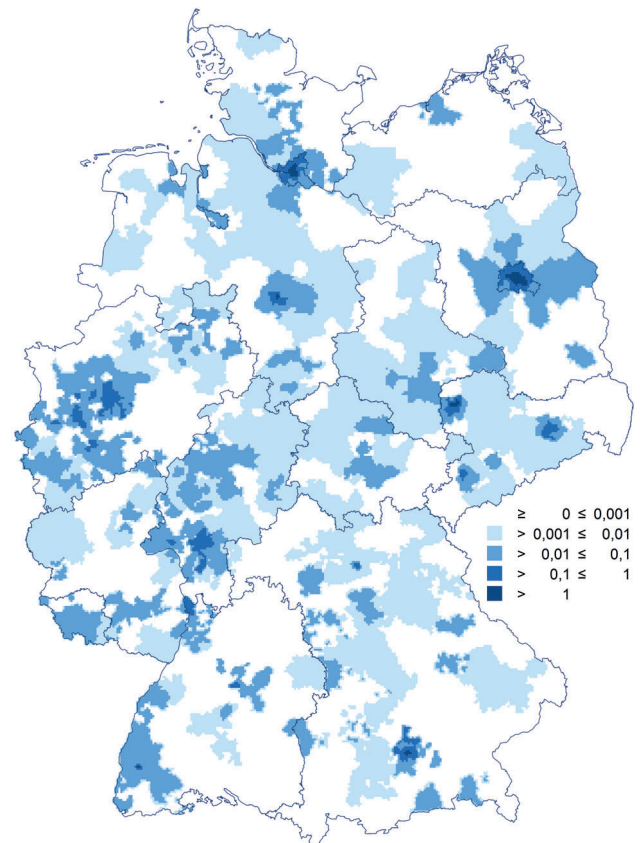
2020) wurden dem RKI 231 Fälle gemeldet. Im Jahr 2021 wurden dem RKI 397 Fälle gemeldet, im Jahr 2022 insgesamt 702 Fälle und im Jahr 2023 insgesamt 935 Fälle. Im Jahr 2024 wurden 1.111 Fälle von *Gonorrhö* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon an das RKI gemeldet. Somit war seit Einführung der Meldepflicht ein stetiger Anstieg der Fallzahlen zu verzeichnen.

**Geografische Verteilung**

Bundesweit lag die Inzidenz von *Nachweisen von N.gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit im Jahr 2024 bei 1,3 Fällen pro 100.000 Einw. (s. Abb. 6.22.1). Die mit Abstand höchste Inzidenz wurde im Bundesland Berlin (5,2 Erkr./100.000 Einw.) registriert. Höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Hamburg (4,3), Sachsen (2,5), Hessen (1,6), Sachsen-Anhalt (1,5), Brandenburg (1,5) und dem Saarland (1,5). Vergleichsweise hohe Inzidenzen hatten neben den Stadtstaaten Berlin und Hamburg beispielsweise auch die Städte Leipzig (8,6), Freiburg im Breisgau (7,6), Halle (7,0), Kaiserslautern (6,9), Offenbach (4,4), Düsseldorf (4,0), Hannover (3,8), Mannheim (3,8) und Frankfurt am Main (3,6) (s. Abb. 6.22.2).

Für 66 % der Fälle wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Davon entfielen die meisten Nennungen (97 %) auf Deutschland. Die am häufigsten genannten, weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Dänemark und Spanien (jeweils 3 Nennungen), gefolgt von Italien, Frankreich und Österreich (jeweils 2 Nennungen).

**Abb. 6.22.2:** Gemeldete Gonorrhö-Fälle mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon pro 100.000 Einwohner nach Postleitbereich (geglättet), Deutschland, 2024 (n = 1.108)



### Demografische Verteilung

Der Anteil an Fällen, der auf Infektionen von Frauen zurückzuführen war, lag im Jahr 2024 bei 7,7 %, während 91,9 % der Fälle Infektionen von Männern betraf. Für 2 Meldungen (0,2 %) wurde das Geschlecht als divers und für weitere 2 Meldungen (0,2 %) als unbekannt angegeben. Die Altersgruppen mit der höchsten Inzidenz bei Männern waren jene der 25- bis 29-Jährigen (7,5 Erkr./100.000 Einw.). Bei Frauen war die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen jene mit der höchsten Inzidenz (0,7) (s. Abb. 6.22.3).

### Klinische Aspekte

Koinfektionen mit anderen sexuell übertragbaren Erregern wurden bei 18 % der Fälle gemeldet. Davon wurden Chlamydien (70 %) und HIV (23 %) am häufigsten angegeben. Bei 13 % lag eine Koinfektion mit *Mycoplasma genitalium* vor, bei 9,1 % mit Syphilis.

### Resistenzprofil

Für 95 % aller gemeldeten Fälle im Jahr 2024 war eine alleinige verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin angegeben. Verminderte Empfindlichkeit nur gegenüber Cefixim lag in 0,5 % der Fälle vor, nur gegen Ceftriaxon in 0,1 % der Fälle (n = 1). Bei 1,8 % der Fälle lag verminderte Empfindlichkeit gegen zwei der drei Antibiotika vor, eine verminderte Empfindlichkeit gegenüber allen drei Substanzen wurde für 0,9 % der Fälle gemeldet. Für 1,7 % der Fälle wurden keine detaillierten Angaben zur verminderten Empfindlichkeit gemacht.

### Infektionsweg

Für 75 % der Fälle lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg vor. Davon lag bei Männern der Anteil der

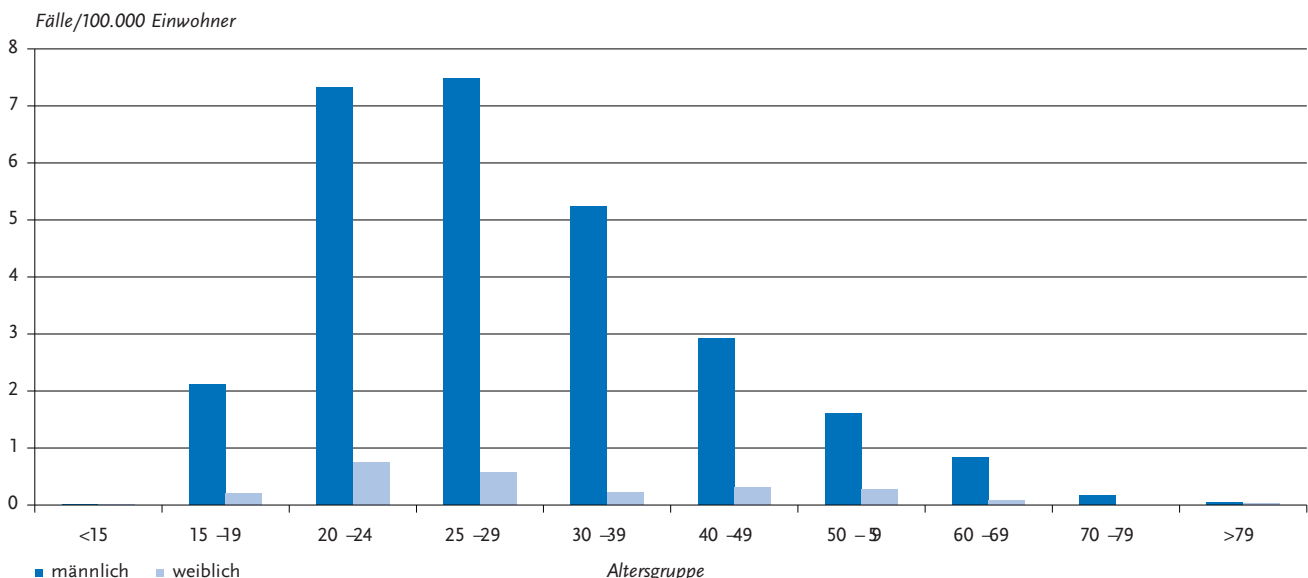
wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen bei 45 %. Für 42 % der Männer wurde angegeben, dass die Übertragung vermutlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) stattfand. Für 0,1 % der Fälle bei Männern wurden andere Infektionswege angegeben, bei 13 % wurde der Übertragungsweg als unbekannt angegeben. Bei 4,2 % (n = 43) der Meldungen von Männern wurde Kontakt zu Sexarbeitern bzw. Sexarbeiterinnen, bei 0,1 % (n = 1) die Ausübung von Sexarbeit angegeben.

Bei Frauen wurden für 91 % heterosexuelle Kontakte als Infektionsweg angegeben, für zwei Fälle (3,0 %) wurde ein weiterer Infektionsweg angegeben. Für 6,1 % 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 *Neisseria 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 verminderter Empfindlichkeit zurückgeführt werden. Andererseits könnte jedoch auch die Gesamtinzidenz der Krankheit 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.

**Abb. 6.22.3:** Übermittelte Fälle von Gonorrhö mit verminderte Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht (nur männlich/weiblich), Deutschland, 2024 (n = 1.107)



Die mit Abstand meisten Meldungen betrafen Männer. Dabei wurden im Jahr 2024 erstmals mehr männliche Fälle mit heterosexuellen Kontakten gemeldet als MSM, die Anteile der beiden Gruppen waren mit rund 45 % bzw. 42 % der Meldungen von Männern aber recht ähnlich. Die höchste Inzidenz an *N.eisseria-gonorrhoeae*-Nachweisen mit verminderter Empfindlichkeit wurde in Berlin, gefolgt von Hamburg und Sachsen verzeichnet. Die deutlich über dem Bundesdurchschnitt liegende Inzidenz in Berlin und Hamburg könnte einerseits auf den höheren Anteil von MSM in der Bevölkerung zurückzuführen sein, andererseits könnte diese jedoch auch mit höherer Sensibilität gegenüber der Notwendigkeit einer Empfindlichkeitsdiagnostik bei Behandlerinnen und Behandlern, beispielsweise in STI-Schwerpunktpraxen, zusammenhängen.

Verminderte Empfindlichkeit gegenüber dem Makrolid-Antibiotikum Azithromycin war wie in den Vorjahren auch im Jahr 2024 für den größten Teil der Meldungen ausschlaggebend. Jedoch wurde laut den Meldungen entgegen den aktuell gültigen Empfehlungen ein Teil der Fälle monotherapeutisch mit Azithromycin behandelt.

Grundsätzlich ist eine erhebliche Untererfassung von Infektionen mit *N.eisseria gonorrhoeae* mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Azithromycin, Cefixim oder Ceftriaxon wahrscheinlich, da die Empfindlichkeitstestung bei *N.eisseria gonorrhoeae* mit wenigen Ausnahmen eine kulturelle Anzucht des Erregers erfordert. Es kann jedoch davon ausgegangen werden, dass ein Großteil der Gonokokken-Diagnosen in Deutschland aufgrund der einfacheren Umsetzbarkeit ausschließlich 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 in Deutschland generell aktuell noch keine belastbaren Angaben gemacht werden.

Daten zur Prävalenz der Antibiotikaresistenz von *N.eisseria-gonorrhoeae*-Infektionen 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 *Neisseria gonorrhoeae*. Daten aus Go-Surv-AMR zeigten für das Jahr 2024 einen Anteil von ca. 17 % 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 *Neisseria gonorrhoeae* weiter sensibilisiert werden sowie diagnostische und therapeuti-

sche 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*. 2018. Abrufbar unter: <https://register.awmf.org/de/leitlinien/detail/059-004>
- ECDC: *Gonococcal antimicrobial susceptibility surveillance in the EU/EEA: Summary of results for 2020*. 2022. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/gonococcal-antimicrobial-susceptibility-surveillance-2020>
- RKI: *Gonokokken-Resistenz-Surveillance (Go-Surv-AMR)*. Abrufbar unter: [www.rki.de/gosurv](http://www.rki.de/gosurv)
- RKI: *RKI-Ratgeber Gonorrhö (Tripper)*. 2024. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

## 6.23 Haemophilus influenzae, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **1.701**
- ▶ Stabilisierung der Fallzahlen im Jahr 2024 nach deutlichem Anstieg in den Vorjahren
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 70 Jahren und Kindern unter 1 Jahr
- ▶ Nicht typisierbare *Haemophilus influenzae* (NTHi) weiterhin am häufigsten nachgewiesen (84 %)
- ▶ 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*

**Tab. 6.23.1:**  
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.353	78 %	1.345	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	150	9 %	121	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	235	14 %	233	14 %
alle	1.738	100 %	1.701	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C+D+E)</b>	<b>1.738</b>	<b>100 %</b>	<b>1.701</b>	<b>100 %</b>

*influenzae* können als bekapselte Bakterien (Kapseltypen a bis f) oder unbekapselte Bakterien auftreten. Gegen den Kapseltyp b (Hib) wird in Deutschland seit 1990 eine Standardimpfung im Säuglingsalter 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 sowie die verschiedenen Kapseltypen (a bis f) unterschieden werden.

**Falldefinition**

Im Rahmen des IfSG sind nur invasive Infektionen meldepflichtig, die durch Nachweis von *Haemophilus influenzae* in Blut oder Rückenmarksflüssigkeit (Liquor) diagnostiziert werden. Neben der Falldefiniationskategorie B (klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen) und C

(klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefiniationskategorien D und E). Für das Jahr 2024 wurden 1.701 Fälle erfasst und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden wie im Vorjahr mit der Falldefiniationskategorie C (79 %) übermittelt (2023: 78 %) (s. Tab. 6.23.1).

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden 1.701 invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle übermittelt. Die jährlichen Fallzahlen zeigten seit 2008 einen Anstieg, welcher sich nach 2 Jahren während der COVID-19-Pandemie mit vergleichsweise wenigen Fällen ab 2022 weiter fortsetzte und im Jahr 2024 jedoch stabil blieb. Der saisonale Verlauf zeigte 2024 wie in den Jahren vor der COVID-19-Pandemie die höchste Fallzahl im 1. Quartal und die niedrigste Fallzahl im 3. Quartal (s. Abb. 6.23.1).

**Abb. 6.23.1:**  
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 1.701) im Vergleich mit den Vorjahren

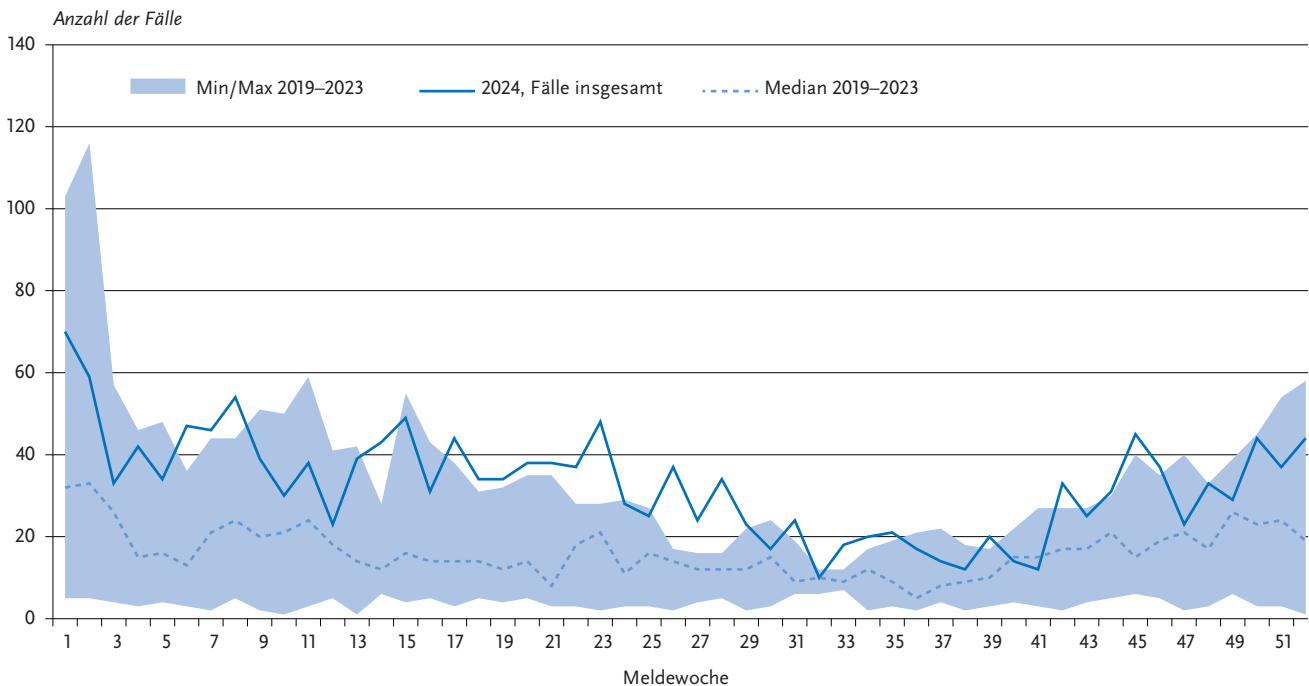
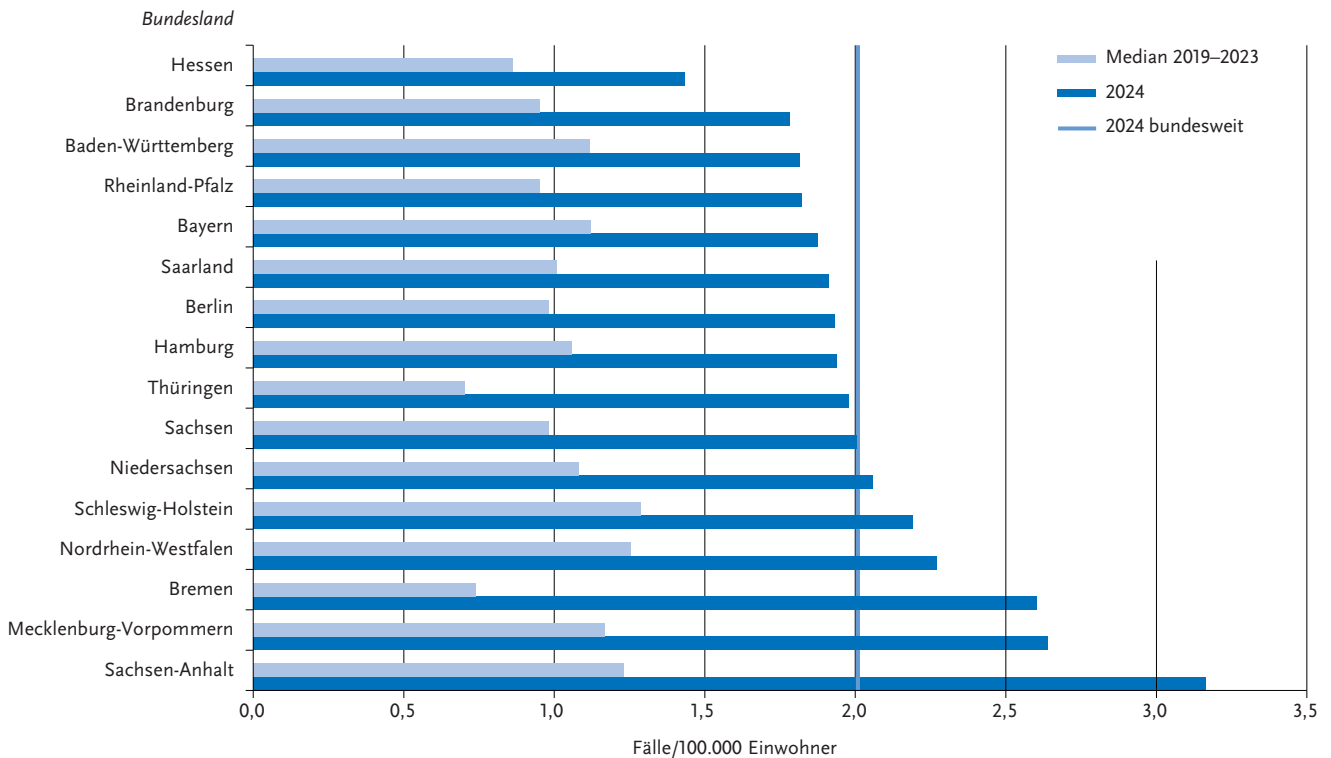


Abb. 6.23.2:

Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 1.701) im Vergleich mit den Vorjahren



### Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 1,4 in Hessen und 3,2 Fällen pro 100.000 Einw. in Sachsen-Anhalt, bei einer bundesweiten Inzidenz von 2,0 (Median der fünf Vorjahre: 1,1). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Die Inzidenz lag in allen Bundesländern höher als der Median der vergangenen fünf Vorjahre. Dieser Anstieg war in Bremen, Thüringen, Sachsen-Anhalt und Mecklenburg-Vorpommern am stärksten ausgeprägt (s. Abb. 6.23.2). Für 832 Fälle (49 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 98 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

### Demografische Verteilung

Von invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektionen sind vor allem ältere Menschen ab 60 Jahren, insbesondere die Hochaltrigen, und Säuglinge betroffen. Drei Viertel (75 %; n = 1.272) der Fälle sind bei Erwachsenen ab 60 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den älteren Erwachsenen deutlich zu: Sie stieg von 2,7 Erkr./100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 4,3 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 10,4 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.23.3). Neben älteren Menschen zeigten sich weiterhin bei Säuglingen und bei Kindern im Alter von einem Jahr höhere Inzidenzen: 3,9 (bei Säuglingen) und 2,1 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.;

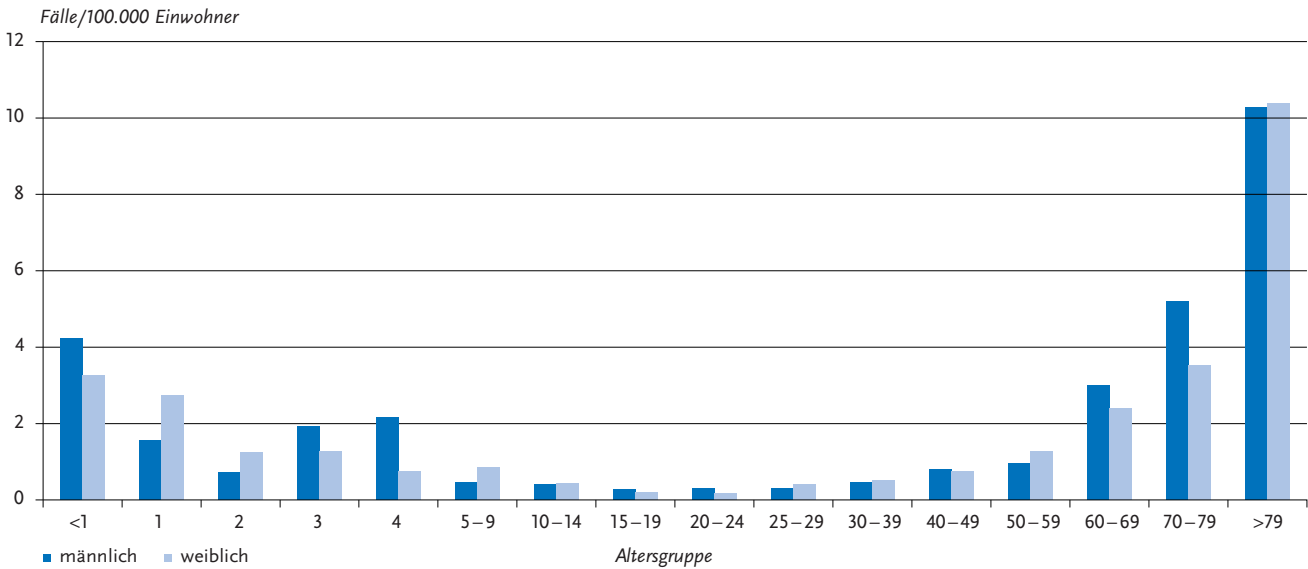
männl.: 1,9), wobei insbesondere bei Personen im Alter ab 60 Jahren Männer etwas häufiger erkrankten als Frauen (s. Abb. 6.23.3).

### Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 1.345 (79 %) Erkrankungsfällen vor. Die bei diesen Fällen am häufigsten übermittelten Symptome waren Lungenentzündung in 791 Fällen (59 %), Fieber in 784 Fällen (58 %) und ein septisches Krankheitsbild in 336 Fällen (25 %) (Mehrfachnennungen möglich). Als mögliche meningitische Zeichen traten in 182 Fällen (14 %) Nackensteifigkeit, Erbrechen, veränderte Bewusstseinslage, aufgetriebene Fontanelle oder andere Hirndruckzeichen auf.

Angaben zum Tod und Ursache des Todes lagen in 1.671 Fällen (98 %) vor. Es wurden 84 Todesfälle (2024: 5,0 %; 2023: 5,2 %) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. Zwei Todesfälle traten bei Kindern im ersten Lebensjahr auf. Bei beiden Säuglingen erfolgte der Erregernachweis in der Blutkultur mit Angabe von Fieber und einem septischen Krankheitsbild. In einem der Fälle wurden unbekapselte Erreger (NTHi), im anderen Fall Erreger des Kapseltyps a nachgewiesen. Die übrigen 82 verstorbenen Fälle waren zwischen 35 und 96 Jahre alt (Median 82 Jahre); bei den 64 Fällen mit spezifischer Angabe hierzu waren nicht-typisierbare *Haemophilus influenzae* am häufigsten die Ursache (84 %).

**Abb. 6.23.3:**  
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 1.699)



**Impfstatus**

Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt die Impfung gegen den Kapseltyp b allen Säuglingen im ersten Lebensjahr nach einem sog. 2+1-Dosen-Impfschema im Alter von 2, 4 und 11 Monaten; Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene) sollen weiterhin nach dem 3+1-Schema (2, 3, 4 und 11 Monate) geimpft werden. Für Patientinnen und Patienten mit einer funktionellen oder anatomischen Asplenie ist altersunabhängig eine Hib-Impfstoffdosis empfohlen.

Für die Auswertung des Impfstatus werden Angaben zur Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen und dem Datum der letzten Impfung 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, da nur der Typ b impfpräventabel ist.

In 33 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 34 Jahren beschränkt. Vier dieser Fälle waren geimpft, 3 Fälle waren ungeimpft, bei 3 Fällen wurden keine Angaben zum Impfstatus übermittelt. Bei 2 der 4 geimpften Fälle wurde eine altersentsprechend vollständige Impfserie angegeben, bei einem Kleinkind eine unvollständige Impfserie mit nur einer Dosis, beim vierten Fall fehlen detaillierte Angaben zur Impfung. Keine der an Hib erkrankten Personen ist verstorben.

**Nachgewiesene Erreger**

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung stagnierte im Vergleich zum Vorjahr. Für das Jahr 2024 lag bei 83 % (n = 1.415) der Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor (2023: 83 %). Darunter war mit 151 Fällen ein

höherer Anteil als im Vorjahr (2024: 11 %; 2023: 6,7 %), bei denen das Typisierungsergebnis mit »andere/sonstige« nicht weiter spezifiziert wurde.

Bei 1.264 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei wurde 1.065-mal (2024: 84 %; 2023: 83 %) ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) verzeichnet, in 74 Fällen (2024: 5,9 %; 2023: 5,7 %) handelte es sich um den Typ f, 48-mal wurde der Typ non-b (2024: 3,8 %; 2023: 3,3 %), 33-mal der Typ b (2024: 2,6 %; 2023: 2,6 %), 23-mal der Typ a (2024: 1,8 %; 2023: 4,0 %), 20-mal der Typ e (2024: 1,6 %; 2023: 1,9 %) und einmal der Typ c (2024: 0,1 %; 2023: 0 %) nachgewiesen.

**Ausbrüche**

Ausbrüche invasiver *Haemophilus-influenzae*-Infektionen sind in Deutschland inzwischen sehr selten. Im Jahr 2024 wurden zwei Ausbrüche mit 2 bzw. 7 Fällen invasiver *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt (2023: keine Ausbrüche). Der erste Ausbruch mit 2 Fällen ist aktuell noch nicht verifiziert. Bei dem zweiten Ausbruch mit zum Zeitpunkt des Datenschlusses 7 zugeordneten Fällen handelt es sich um einen im Jahr 2025 anhaltenden Ausbruch invasiver Hib-Infektionen unter vulnerablen Erwachsenen.

**Datenqualität**

Die Angaben zum Impfstatus bei Kindern, Jugendlichen und jungen Erwachsenen sind weiterhin nicht vollständig. Die Kapseltypisierung, vor allem bei den von der Impfpflicht betroffenen Altersgruppen, wird 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 2,0 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 und im Jahr 2024 auf diesem Niveau blieb. Der Großteil der invasiven Erkrankungen wird durch unkapselte *Haemophilus influenzae* (NTHi) verursacht, gefolgt von *Haemophilus influenzae* Typ f. Da Personen der von der Impfpflicht betroffenen Altersgruppen nach wie vor nur äußerst selten erkranken und vorliegende Typisierungsergebnisse überwiegend Nicht-b-Erregertypen zeigen, lassen die vorhandenen Angaben 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. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/haemophilus-influenzae-disease-annual-epidemiological-report-2022>.
- Rieck T, Steffen A, Feig M, Rau C. *Impfquoten in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus dem RKI-Impfquotenmonitoring*. Epid Bull. 2024, 50. <https://doi.org/10.25646/12956.3>
- RKI: *RKI-Ratgeber Haemophilus influenzae, invasive Infektion*. 2021. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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 2025*. Epid Bull. 2025, 4. <https://doi.org/10.25646/12971.4>
- 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). <http://doi.org/10.1093/ofid/ofaa444>

## 6.24 Hantavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 423 (Vorjahr: 337)
- ▶ Extreme Schwankungen der Fallzahl von Jahr zu Jahr typisch
- ▶ Die meisten Infektionen wurden in Deutschland erworben.

### Kurzbeschreibung

Hantaviren sind behüllte RNA-Viren, die heute die Familie Hantaviridae bilden. Diese wird taxonomisch in die Ordnung Elliovirales innerhalb der Klasse Bunyaviricetes (ehemals Ordnung Bunyavirales) eingeordnet. 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-Virus die Rötelmaus und für Dobrava-Virus die Brand- und die Gelbhalsmaus. Seoulvirus-Infektionen traten bisher vereinzelt nach Kontakt zu als Haustier gehaltenen Ratten auf. 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. 6.24.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 423 Erkrankungen (0,5 Erkrankungen pro 100.000 Einw.) übermittelt, entsprechend einer Zunahme von 26 % im Vergleich zum Vorjahr. Im Vergleich zum Vorjahr war die Saisonalität nur gering ausgeprägt (s. Abb. 6.24.1).

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

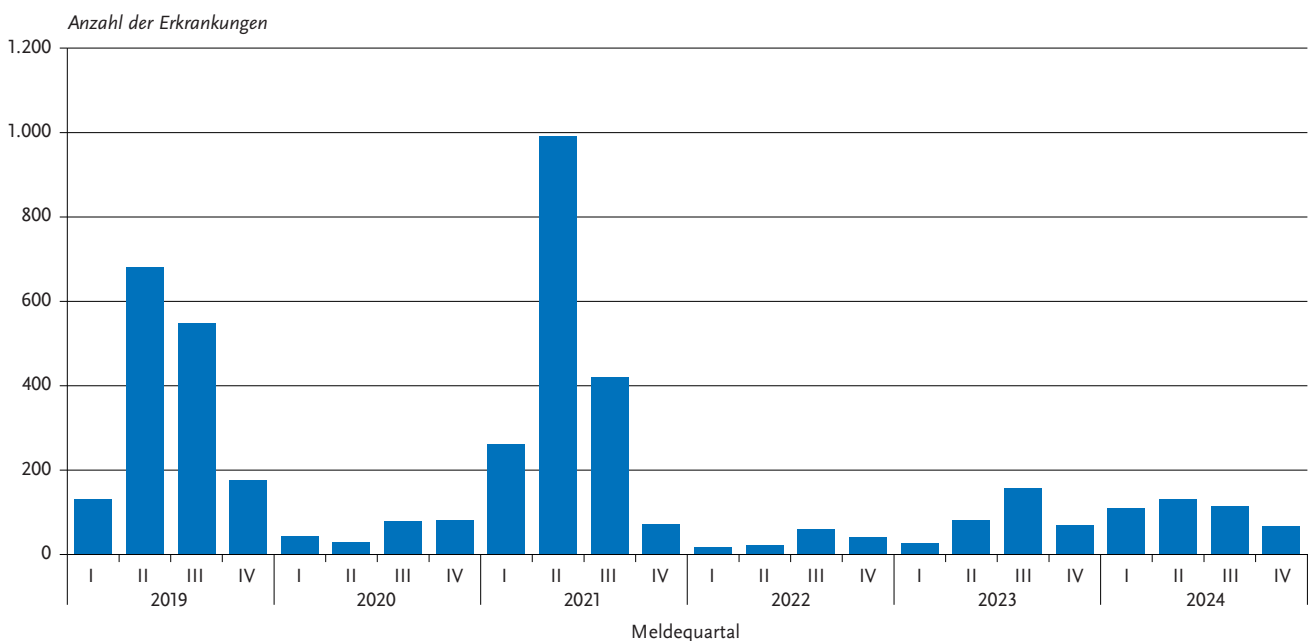
### Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Hantavirus-Erkrankungen wird vor allem durch die regionale Verbreitung infizierter Reserviertiere bestimmt. Im Jahr 2024 wurden Inzidenzen

**Tab. 6.24.1:**  
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	1 %	5	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	334	90 %	418	91 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	9	2 %	7	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	26	7 %	31	7 %
alle	372	100 %	461	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>337</b>	<b>91 %</b>	<b>423</b>	<b>92 %</b>

**Abb. 6.24.1:**  
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



über dem bundesweiten Mittelwert von 0,5 Erkr./100.000 Einw. lediglich in Baden-Württemberg (jeweils 2,1 Erkr./100.000 Einw.) beobachtet (s. Abb. 6.24.2).

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

Bei 325 Erkrankungen (77 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 336 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 314 (93 %) auf Deutschland. Weitere Länder in Europa, Asien und Nordamerika wurden je ein- bis 6-mal genannt.

**Demografische Verteilung**

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 30- bis 49-Jährigen am höchsten (0,8 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung sehr selten (3 Fälle). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (69 %); der Inzidenzspitze lag für Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen

(1,2 Erkr./100.000 Einw), für Frauen in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen (0,6) (s. Abb. 6.24.3).

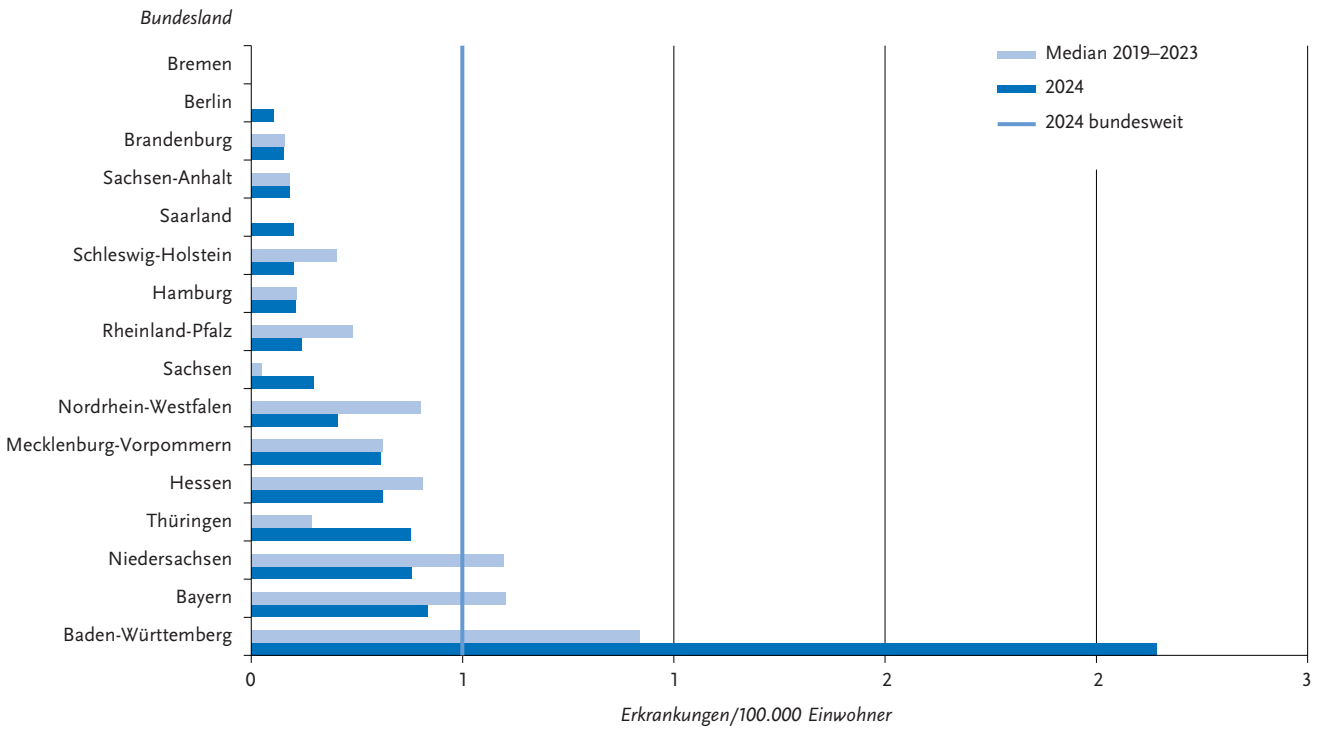
**Klinische Aspekte**

Bei 316 Erkrankten (75 %) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt.

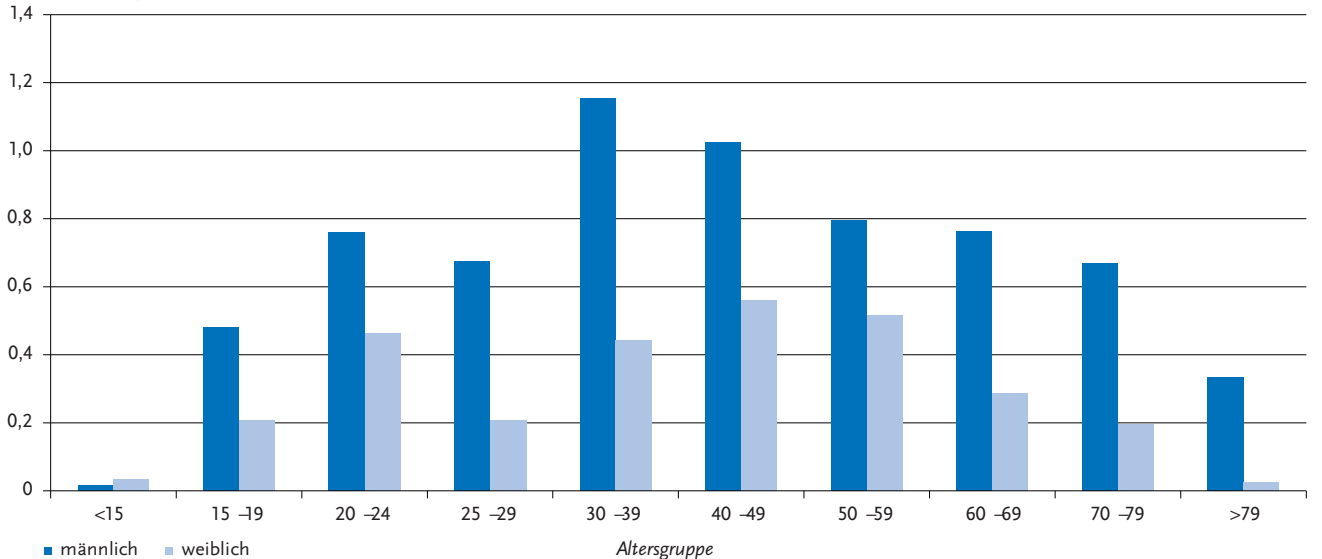
**Nachgewiesene Erreger**

Für 154 Erkrankungen wurde eine zugehörige Virusspezies genannt, bei 140 Erkrankungen (91 %) wurde das Puumala-Virus, bei 12 Erkrankungen (8 %) das Dobrava-Virus und bei 2 Erkrankungen das Seoul-Virus angegeben. Für 269 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virusspezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Puumala-Virus-Infektionen wurden hauptsächlich (96 %) aus Baden-Württemberg, Bayern, Hessen, Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen übermit-

**Abb. 6.24.2:** Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 423) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2019 – 2023)



**Abb. 6.24.3:** Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 421)



telt. Dobrava-Virus-Infektionen wurden vor allem aus dem Norden und Osten Deutschlands übermittelt. Die zwei Seoul-Virus-Infektionen traten im Zusammenhang mit der Haltung von Ratten („Farbratten“) im Haushalt auf.

**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 erneuten Zunahme des Anteils fruktifizierender Buchen im Jahr 2023 war die Inzidenz der im Süden und Westen Deutschlands vor allem durch das Puumala-Virus ausgelösten Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2024 relativ niedrig. Das Dobrava-Virus wurde, wie in den Vorjahren, nur selten und in wenigen Regionen Deutschlands diagnostiziert.

**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, Loyer 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 nephropathia epidemica, Germany*. Emerg Infect Dis 2015; 21(1). <https://doi.org/10.3201/eid2101.140861>

RKI: *RKI-Ratgeber Hantavirus-Erkrankung*. 2020. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

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>

**6.25 Hepatitis A**



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **1.001**
- ▶ Anstieg der übermittelten Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei den 5- bis 9-Jährigen
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

**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 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. 6.25.1).

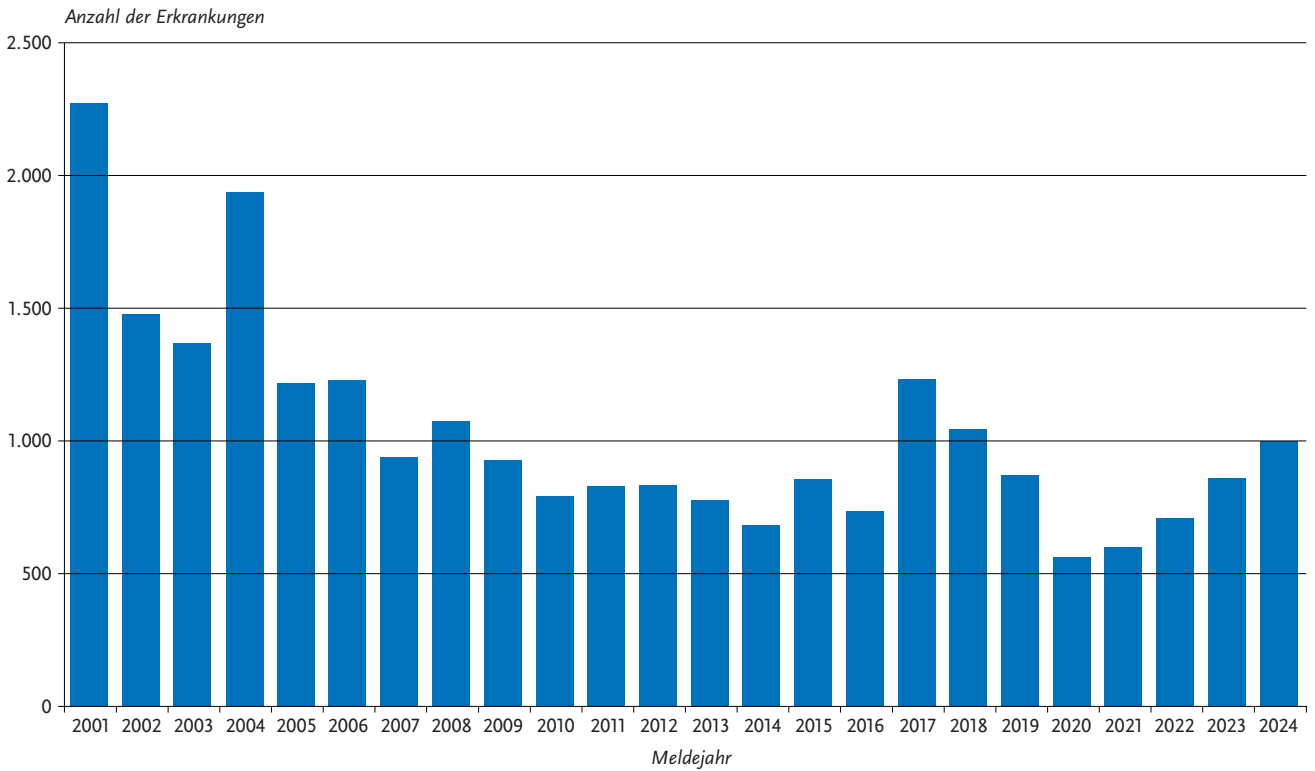
**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden 1.001 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, etwa 17 % mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.25.1). Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A betrug 1,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner. Die höchste Inzidenz wurde von September bis November beobachtet.

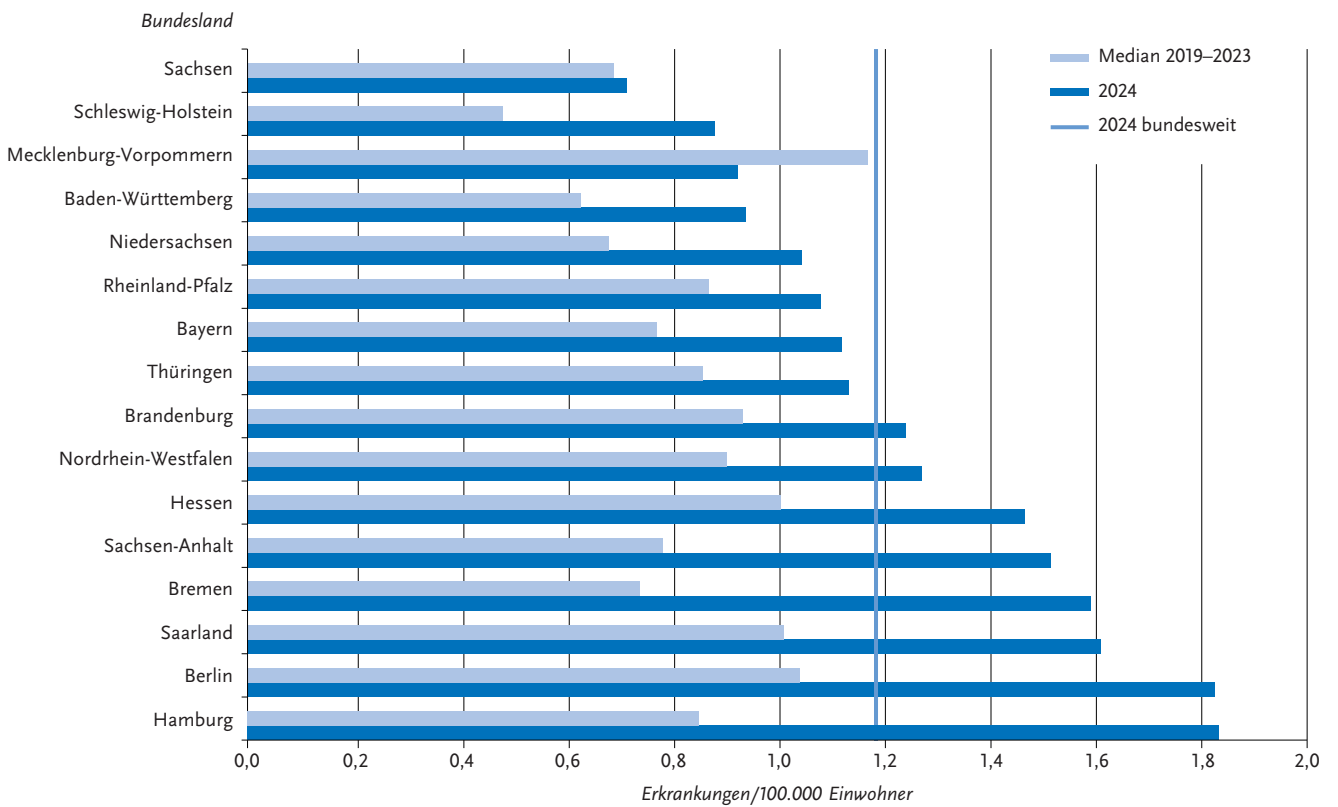
**Tab. 6.25.1:** Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	6	0 %	7	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	853	58 %	994	60 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	326	22 %	341	21 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	296	20 %	314	19 %
alle	1.481	100 %	1.656	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>859</b>	<b>58 %</b>	<b>1.001</b>	<b>60 %</b>

**Abb. 6.25.1:**  
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.25.2:**  
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 1.001) im Vergleich mit den Vorjahren



**Geografische Verteilung**

Es wurden aus allen Bundesländern Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Hamburg, Berlin (je 1,8 Erkr./100.000 Einw.), Saarland, Bremen (je 1,6), Sachsen-Anhalt, Hessen (je 1,5), Nordrhein-Westfalen (1,3) und Brandenburg (1,2) erfasst. In allen Bundesländern außer Mecklenburg-Vorpommern nahmen die Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren zu. Besonders deutlich war die Zunahme in Hamburg (+117 %) und Bremen (+116 %) (s. Abb. 6.25.2).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden für 742 Erkrankungen (74 %) übermittelt. Von den 781 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) entfielen 491 (63 %) auf Deutschland. Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Indien (41 Nennungen), Pakistan (16), Syrien, der Irak (je 15) und Ägypten, Marokko, Spanien und die Türkei (je 14) (s. Tab. 6.25.2).

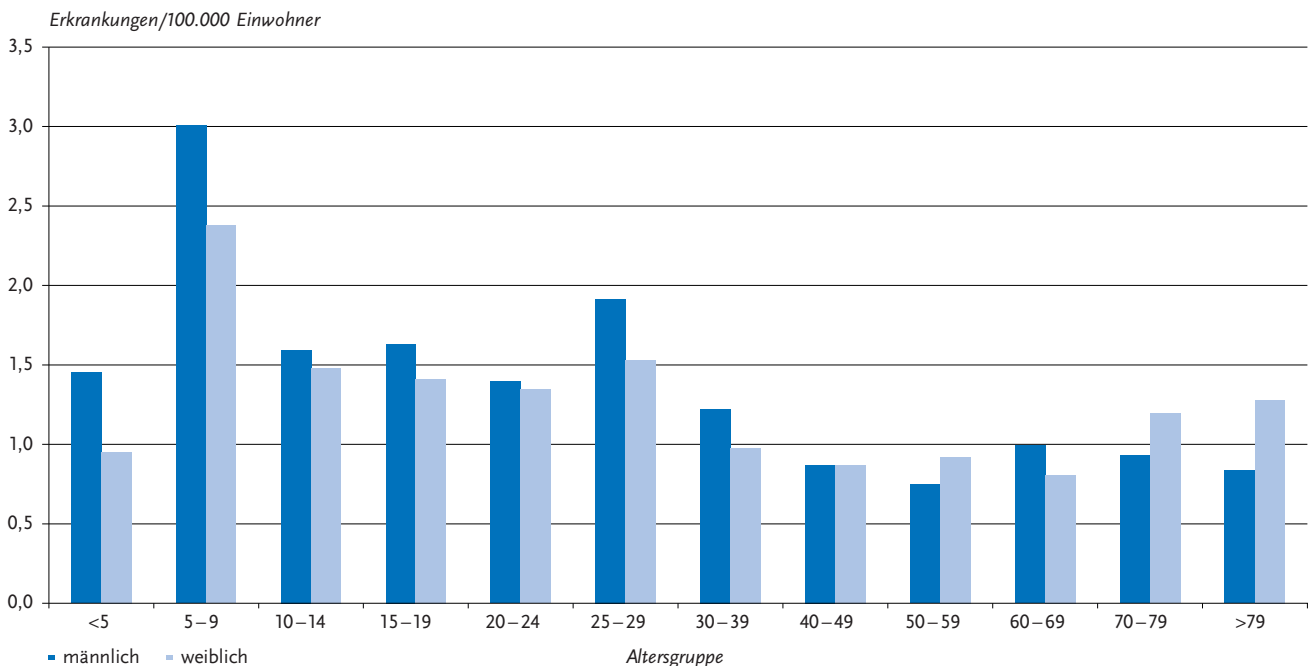
Tab. 6.25.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A Erkrankungen, Deutschland, 2024 (Mehrfachnennungen möglich, 742 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	491	63 %
Indien	41	5 %
Pakistan	16	2 %
Syrien	15	2 %
Irak	15	2 %
Ägypten	14	2 %
Marokko	14	2 %
Spanien	14	2 %
Türkei	14	2 %
Iran	9	1 %
Andere	138	18 %
<b>Summe</b>	<b>781</b>	<b>100 %</b>

Abb. 6.25.3:

Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 999)



**Demografische Verteilung**

Männer waren mit 512 Fällen (1,2 Erkr./100.000 Einw.) etwas häufiger betroffen als Frauen mit 487 Fällen (1,1 Erkr./100.000 Einw.).

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 5- bis 9-Jährigen beobachtet (s. Abb. 6.25.3).

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 623 (62 %; Vorjahr: 59 %) Erkrankungen angegeben. Für 613 von 958 Erkrankten mit Angaben (64 %; Vorjahr: 65 %) wurde eine Hospitalisierung übermittelt.

Im Jahr 2024 wurden zwei Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren zwei Personen im Alter von über 70 Jahren. Eine der Infektionen wurde in Deutschland erworben, für die andere Person wurden keine Informationen zum möglichen Infektionsort übermittelt.

### 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 1. Impfdosis mit monovalentem Impfstoff sind bei mindestens 95 % der Geimpften entsprechende Antikörper nachweisbar. Schützende Antikörper entstehen bei den meisten Geimpften 12 bis 15 Tage nach der 1. Impfdosis. In Anbetracht der langen Inkubationszeit kann die Impfung daher auch noch kurz vor einer Reise in ein Endemiegebiet und sogar kurz nach einer Exposition sinnvoll sein. 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 774 (77 %) der 1.001 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor. Von diesen wurden 709 (92 %) als ungeimpft übermittelt. Bei 65 (8,4 %) 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 42 geimpften Personen mit weiteren Informationen hatten 5 entweder 2 monovalente Impfstoffdosen ( $n = 2$ ) oder 3 Dosen Hepatitis-A-/Hepatitis B-Kombinationsimpfstoff ( $n = 2$ ) oder 3 Dosen nicht näher bezeichneten Impfstoff ( $n = 1$ ) erhalten. Von diesen erkrankten 2 Personen innerhalb einer Inkubationszeit seit der letzten Impfstoffdosis, für eine Person lagen keine Informationen zu den Impfdaten vor und 2 Personen erkrankten 15 und 23 Jahre nach Erhalt der letzten Impfstoffdosis. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen beiden Erkrankungen für einen möglichen Impfdurchbruch.

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 160 Hepatitis-A-Erkrankungen in 50 Ausbrüchen übermittelt, davon 8 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankten. Bei den drei Ausbrüchen mit den meisten übermittelten Fällen traten 14 Erkrankungen in einem

regionalen familienübergreifenden Ausbruch auf, 10 Erkrankungen in einem regionalen Ausbruch im Rahmen einer Veranstaltung und 7 Erkrankungen in einem Ausbruch in einer Gemeinschaftseinrichtung.

Bei den berichteten Ausbrüchen handelt es sich vor allem um regionale Ausbrüche, die von der zuständigen Gesundheitsbehörde als Ausbruch übermittelt wurden. Informationen zu überregionalen Ausbrüchen, die im Rahmen der integrierten molekularen Surveillance detektiert werden, werden aktuell i. d. R. nicht in der Meldesoftware erfasst und hier nicht dargestellt.

### Datenqualität

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

Da sich nicht alle Erkrankten medizinisch vorstellen, diagnostiziert und gemeldet werden, ist von einer Untererfassung der im Rahmen des Meldesystem gemäß IfSG erfassten Erkrankungen auszugehen.

Zusätzlich ist zu bedenken, dass die Detektion von überregionalen Ausbrüchen sowie die Zuordnung von Fällen zu solchen Geschehen nur durch eine Sequenzierung möglich ist.

### Fazit

Im Jahr 2024 wurden im Vergleich zum Vorjahr, mehr Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt. Die Mehrzahl der an Hepatitis-A-Erkrankten war ungeimpft.

### Literaturhinweise

- Carrillo-Santistevé P, Tavoschi L, Severi E, et al.: *Seroprevalence and susceptibility to hepatitis A in the European Union and European Economic Area: a systematic review*. *Lancet Infect Dis* 2017; 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>
- 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>
- Hommes F, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten- Importierte Infektionskrankheiten 2024*. *Epid Bull* 2025; 48: <http://doi.org/10.25646/13568>
- 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>
- 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>
- Kling K, Külper-Schick W, Rothe C, 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>
- RKI: *RKI-Ratgeber Hepatitis A*. 2023. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

## 6.26 Hepatitis B



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **22.126**
- ▶ Davon 1.030 akute, 10.061 chronische und 11.035 Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium
- ▶ Zunahme der Fallzahlen seit dem Jahr 2015 aufgrund von Anpassungen der Referenzdefinition (zuletzt 2019), Anpassung der Meldepflicht im IfSG (2017), Änderungen in Testungs- und Screeningsstrategien.
- ▶ Ein leichter Rückgang der Fälle um 5% (n = 1.264) im Vergleich zum Vorjahr 2023.
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung.

### Kurzbeschreibung

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

### Falldefinition

Die Falldefinition wurde im Jahr 2015 dahingehend geändert, dass neben klinisch-laboridiagnostisch bestätigten

Fällen (C), auch laboridiagnostisch nachgewiesene Infektionen mit nicht erfülltem (D) oder unbekanntem klinischen Bild (E), die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.26.1). Zudem erfüllt seitdem nur noch der direkte HBV-Nachweis die Kriterien für einen laboridiagnostischen Nachweis.

Im Juli 2017 trat eine IfSG-Änderung in Kraft, bei der jeder Nachweis von HBV meldepflichtig wurde. Seitdem werden nicht mehr nur Nachweise, die auf eine akute Infektion hinweisen, erfasst, sondern alle aktiven (akuten und chronischen) Infektionen mit HBV. Seit 2019 entsprechen auch chronische Infektionen der Referenzdefinition. Dies erlaubt eine Auswertung der übermittelten Fälle nicht nur nach Meldekategorie, sondern auch nach Infektionsstadium (s. Tab. 6.26.1).

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. 6.26.1). Eine Differenzierung der Hepatitis-B-Fälle nach Infektionsstadium zeigt, dass seit 2008 die Anzahl übermittelter akuter Infektionen relativ konstant blieb 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 laboridiagnostisch bestätigten Fälle unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition erfüllten (s. Abb. 6.26.1). 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). 2024 sind die Fallzahlen zum ersten Mal seit 2020 im Vergleich zum Vorjahr leicht zurückgegangen (um 5%, n = 1.264), wobei die Fallzahlen in 2024 dennoch um das 2,5-Fache höher waren, als die 8.924 Fälle, die 2021 übermittelt wurden. Der Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen lag in den Jahren 2019 - 2024 konstant bei 5 - 6 %. Die Anteile an chronischen Infektionen sowie an Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium blieben 2024 im Vergleich zum Vorjahr konstant (51% versus 52% bzw. 39 % versus 38%).

**Tab. 6.26.1:**  
**Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024 und nach Infektionsstadium für 2024**

Kategorie	2023		2024		Anzahl akute Infektionen	Anzahl chronische Infektionen	Anzahl unbekannte Infektionen
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil			
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.305	10 %	2.133	10 %	572	1.127	434
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	12.277	52 %	11.290	51 %	456	8.925	1.909
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	8.808	38 %	8.703	39 %	2	9	8.692
alle	23.390	100 %	22.126	100 %	1.030	10.061	11.035
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>23.390</b>	<b>100 %</b>	<b>22.126</b>	<b>100 %</b>	<b>1.030</b>	<b>10.061</b>	<b>11.035</b>

### Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betragen 2024 zwischen 11 Infektionen (akut, chronisch und unbekannt) pro 100.000 Einwohner in Sachsen und 73 in Hamburg, bei einer bundesweiten Inzidenz von 26 Inf./100.000 Einwohnerinnen und Einwohner. Für 2024 waren die Bundesländer Sachsen, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg mit unter 17 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einw. die Bundesländer mit den niedrigsten Inzidenzen in Deutschland (s. Abb. 6.26.2). Neben Hamburg waren die Bundesländer mit den höchsten Inzidenzen Bremen (49), Berlin (36), Rheinland-Pfalz (34) und Saarland (32 Inf./100.000 Einw.).

Nach Infektionsstadium differenziert betragen in den Bundesländern die Inzidenzen akuter Infektionen zwischen 0,39 in Sachsen und 2,78 Inf./100.000 Einw. in Hamburg. Die Inzidenzen für Infektionen mit unbekanntem Infektionsstadium lagen zwischen 3,2 in Thüringen und 34 Inf./100.000 Einw. in Bremen. Bei den übermittelten Fällen mit chronischem Infektionsstadium lagen die Inzidenzen in den Bundesländern zwischen 3,2 in Sachsen und 43 Inf./100.000 Einw. in Hamburg.

Bei 5.252 (24 %) der insgesamt 22.126 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Auf Deutschland entfielen 56 % der Nennungen (n = 2.965), gefolgt von der Türkei (4 %, n = 224), Ukraine (4 %, n = 193), Afghanistan (3 %, n = 163), Rumänien (2 %, n = 131) und Syrien (2 %, n = 129).

Seit der IfSG-Novellierung 2017 werden Angaben zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit übermittelt. Für 12.400 (56 %) der Fälle wurden die Angaben zum Geburtsland und für 11.004 (50 %) zur Staatsangehörigkeit übermittelt. Bei den Fällen, für die Informationen zu Geburtsland und Staatsangehörigkeit vorlagen, wurde Deutschland bei 20 % (n = 2.531) der Infektionen als Geburtsland und die deutsche Staatsangehörigkeit in 37 % (n = 4.103) angegeben. Als Geburtsland wurden häufig auch die Türkei (10 %; n = 1.296), Rumänien (5 %, n = 664), Ukraine (5 %, n = 603) und Afghanistan (5 %; n = 578) angegeben.

### Demografische Verteilung

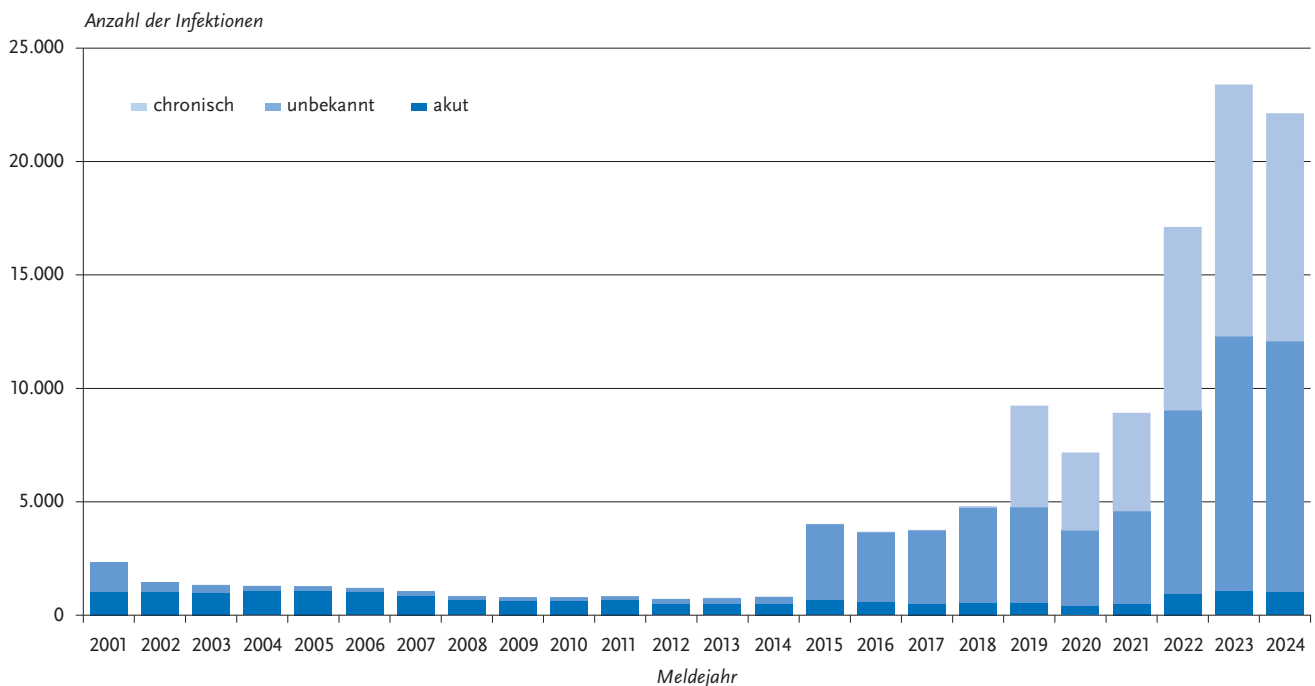
Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 31 Inf./100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (21). Bei Männern und Frauen war die Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am stärksten betroffen (Männer: 61 pro 100.000 Einw., Frauen: 40 pro 100.000 Einw.). Die Inzidenz im Kindesalter (< 15 Jahre) war mit 0,4 insgesamt niedrig (Abb. 6.26.3). In der Altersgruppe der Kinder unter 15 Jahren entfielen 6 von 51 Infektionen auf Kinder im ersten Lebensjahr (0,9 Inf./100.000 Einw.). Bei 5 Fällen wurde als wahrscheinliche Exposition eine perinatale Übertragung übermittelt. Bei 4 dieser Kinder wurde Deutschland als Geburtsland angegeben, bei einem wurde kein Geburtsland genannt. 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 (5,4 bzw. 3,7 %) aller übermittelten Infektionen als akute Infektionen übermittelt. Hierbei wiesen wie im Vorjahr die 40- bis 49-Jährige Männer die höchste Inzidenz auf (3,1 akute Infektionen pro 100.000 Einw.). Auch bei chronischen Infektionen und Infektionen mit unbekanntem Stadium wiesen 40- bis 49-Jährige Männer die höchsten Inzidenzen auf (27 chronische Infektionen pro 100.000 Einw., 31 Infektionen mit unbekanntem Stadium pro 100.000 Einw.). Bei Frauen lag die höchste Inzidenz für akute Infektionen wie im Vorjahr bei den 30- bis 39-Jährigen (eine akute Infektion pro 100.000 Einw.). Bei Infektionen mit chronischem und unbekanntem Stadium wiesen 40- bis 49-Jährige Frauen die höchsten Inzidenzen auf (jeweils 19 und 20 Infektionen pro 100.000 Einw.).

### Klinische Aspekte

Für das Jahr 2024 wurden insgesamt 22.126 Fälle von Hepatitis B nach Referenzdefinition übermittelt. Dabei dominierten wie in den Vorjahren die labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen mit nicht erfülltem (11.290 Infektionen; 51 %; Falldefinitionskategorie D) oder unbekanntem klinischen Bild (8.703 Infektionen; 39 %; Falldefinitionskategorie E). Der Anteil klinisch-labordiagnostischer bestätigter Infektionen (C) lag 2024 bei 10 % (2.133 Infektionen) (s. Tab. 6.26.1).

**Abb. 6.26.1:**  
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr und Infektionsstadium, Deutschland, 2001 bis 2024



Das Stadium der 22.126 übermittelten Infektionen war bei 5 % ( $n = 1.030$ ) der Infektionen als akut, bei 45 % ( $n = 10.061$ ) als chronisch und bei 50 % ( $n = 11.035$ ) als unbekannt angegeben (s. Tab. 6.26.1). Akute Infektionen wurden am häufigsten in der Falldefiniertungskategorie C übermittelte (56%,  $n = 572$ ), chronische Infektionen in der Falldefiniertungskategorie D (89 %,  $n = 8.925$ ) und Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium in Falldefiniertungskategorie E (79%,  $n = 8.692$ ).

### Impfstatus

Die STIKO empfiehlt die Hepatitis-B-Impfung für alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie für definierte Indikationsgruppen (unter anderem intravenöser Drogengebrauch, 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 8.387 (38 %) der 22.126 übermittelten HBV-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.26.4).

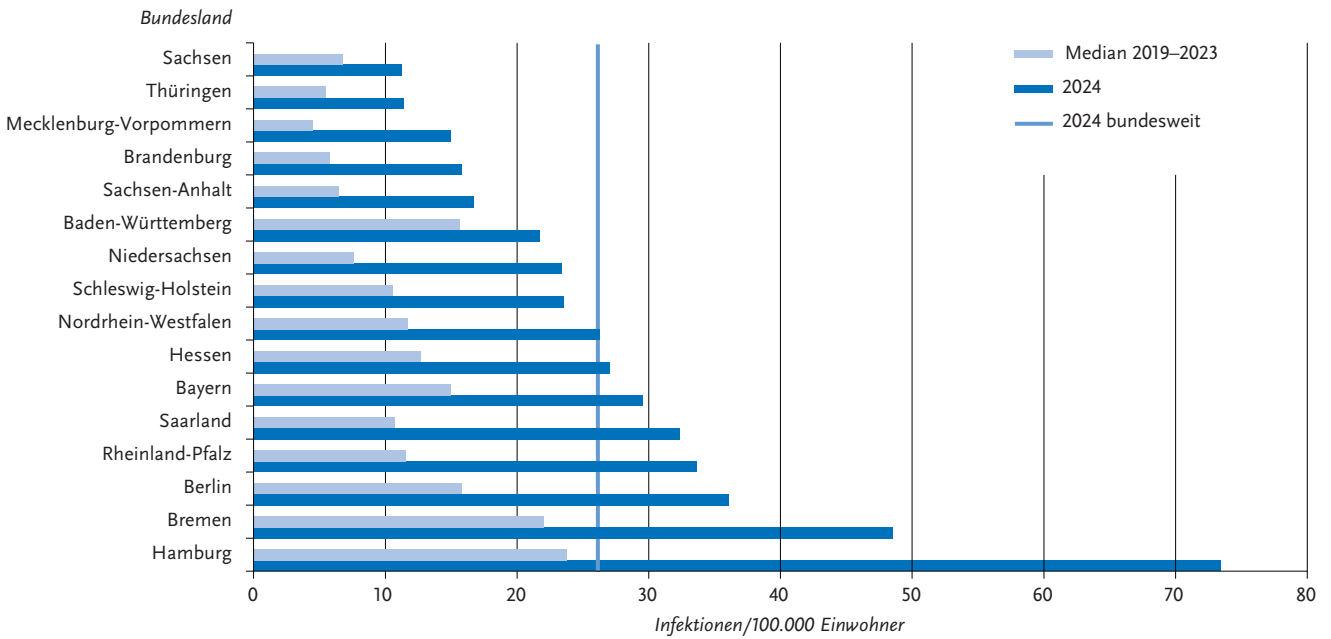
Von diesen Infektionen wurden 7.649 (92 %) als ungeimpft übermittelte. Bei 738 Infektionen mit Angaben zum Impfstatus wurde eine HBV-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 738 fehlten bei 370 Infektionen ausreichende Angaben zur Bewertung des anzunehmenden Impfschutzes.

Für 368 (50 %) der 738 geimpften Fälle lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letzten Impfung sowie zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung vor. Bei insgesamt 261 Personen wird angenommen, dass sie zum Zeitpunkt der Infektion unvollständig geimpft waren. Bei diesen Infektionen waren lediglich eine oder 2 Impfdosen angegeben. Insgesamt 107 Fälle (0,5 % aller gemeldeten 22.126 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 Einschätzung nur unzureichend sind: so werden in der Regel keine Angaben zu einem Ausschluss einer bereits bestehenden HBV-Infektion vor Impfung, keine Angaben zur Kontrolle des Impferfolges nach 4 bis 8 Wochen und keine Angaben zum Abstand zwischen den einzelnen Impfungen übermittelte. Des Weiteren werden nur Angaben zum zuletzt verwendeten Impfstoff übermittelte. Vorherige Impfungen mit einem abweichenden Impfstoff werden nicht erhoben.

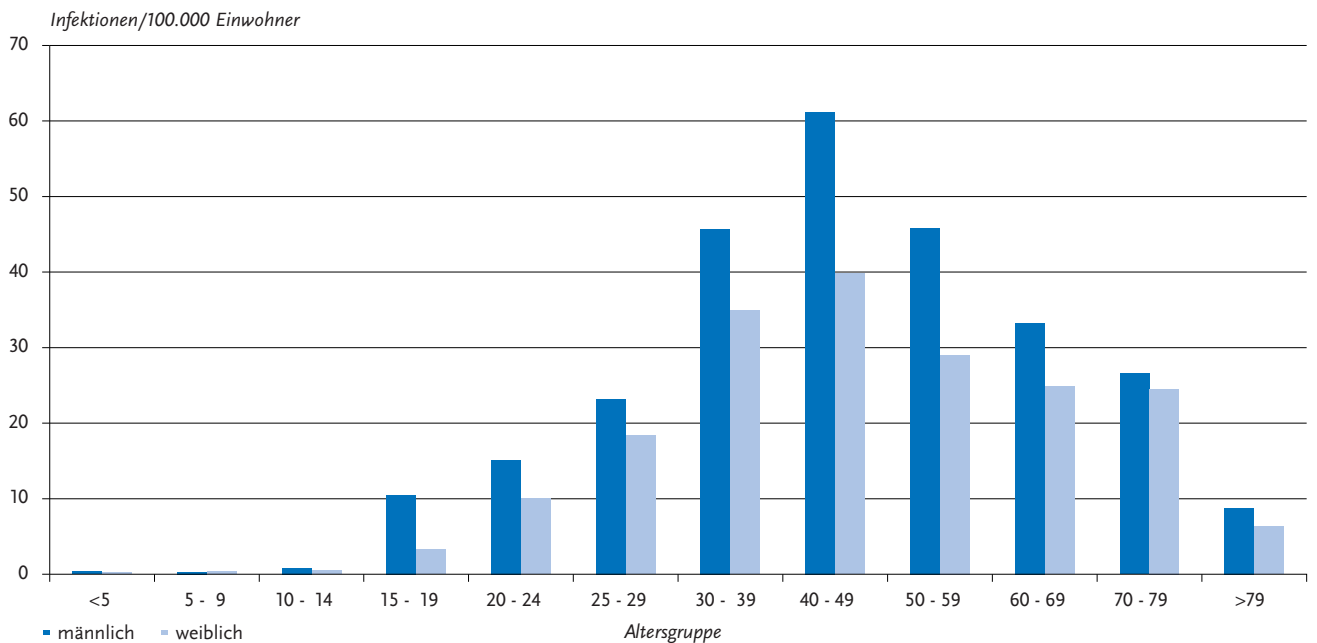
### Infektionsrisiken

Nur bei 701 (3,2 %) der 22.126 übermittelten Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg

**Abb. 6.26.2:** Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, 2024 (n = 22.126) im Vergleich zu den Vorjahren



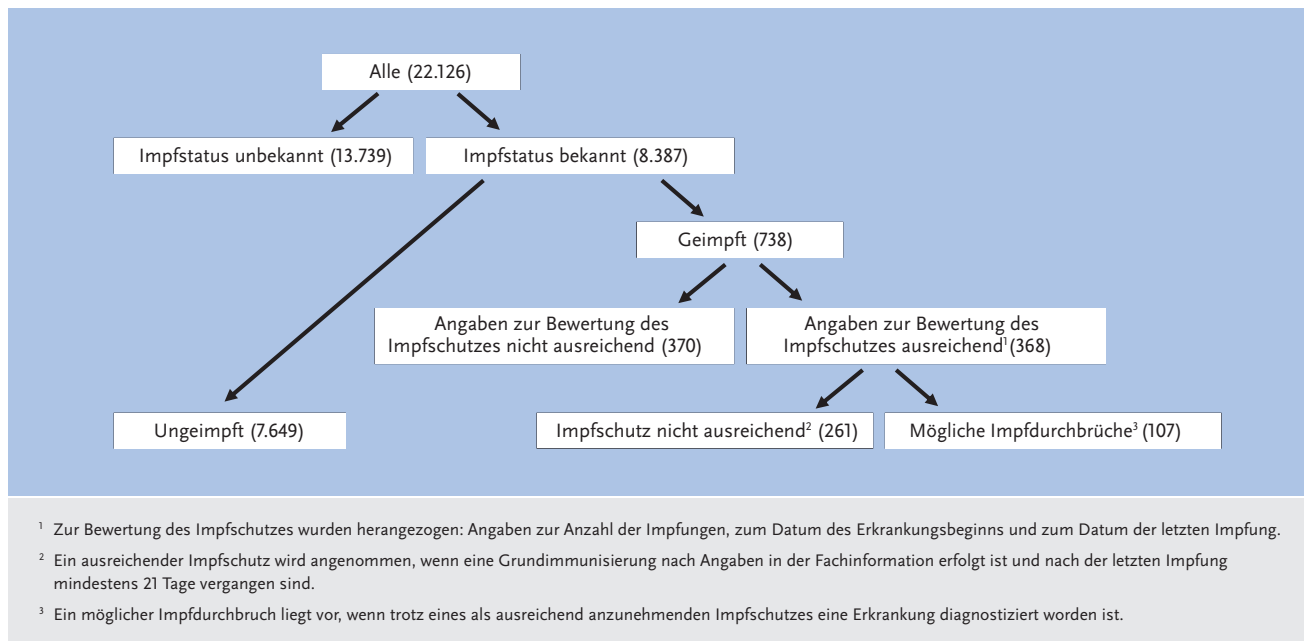
**Abb. 6.26.3:** Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 22.050)



gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert. Der am häufigste übermittelte wahrscheinliche Übertragungsweg im Jahr 2024 war die Wohngemeinschaft mit einem HBV-Träger (n = 323 Fälle, 46%). Als zweithäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde intravenöser Drogenkonsum bei 164 Infektionen (23 %) angegeben, darunter 8 Infektionen während eines Haftaufenthaltes. Als dritthäufigster wahrscheinlicher Übertragungsweg wurde

sexuelle Transmission bei 155 Infektionen (22 %) genannt, darunter 102 Infektionen durch heterosexuellen Kontakt mit einem oder einer mit Hepatitis-B-Virus infizierten Partner oder Partnerin und 53 Infektionen durch gleichgeschlechtliche sexuelle Kontakte. Des Weiteren wurde bei 44 Infektionen (6 %) der Erhalt von Blutprodukten, bei 7 Infektionen (1 %) Dialyse und bei 5 Infektionen (1 %) perinatale Übertragung als wahrscheinlicher Übertragungsweg genannt.

**Abb. 6.26.4:**  
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2024 (n = 22.126)



**Ausbrüche**

Im Jahr 2024 wurde eine Häufung mit 3 Infektionen übermittelt. Bei dieser Häufung war der private Haushalt als Infektionsumfeld angegeben.

**Datenqualität**

Seit Änderung des IfSG im Juli 2017 sind alle labordiagnostischen Nachweise von Hepatitis-B-Virus meldepflichtig, wodurch seitdem alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Zusätzlich konnten Angaben über das Stadium der Infektion erhoben werden. Seit 2019 erfüllen übermittelte Fälle mit chronischem Infektionsstadium die Referenzdefinition. Es ist möglich, dass chronische Fälle vor 2019 nicht im System erfasst wurden, weil sie zu diesem Zeitpunkt die Referenzdefinition nicht erfüllten und nun bei wiederholter Testung erneut gemeldet und übermittelt werden. Nicht erkannte chronische Infektionen könnten sich auch weiterhin in dem hohen Anteil der übermittelten Fälle mit unbekanntem Infektionsstadium verbergen. Doppelmeldungen bereits bekannter Hepatitis-B-Fälle können nicht komplett ausgeschlossen werden und könnten ebenfalls einen Einfluss auf die Anzahl neu übermittelter Infektionen haben. Insbesondere kann eine Löschung des Personenbezugs bei wiederholter Testung dazu führen, dass Fälle mehrfach angelegt und übermittelt werden. Personenbezogene 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-Novellie-

rung 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 und Staatsangehörigkeit hatte sich 2023 im Vergleich zum Vorjahr 2022 deutlich verschlechtert, von 81 % auf 59 % beim Geburtsland und von 71 % auf 59 % bei der Staatsangehörigkeit. Im Jahr 2024 sank die Vollständigkeit der Daten hier weiter auf jeweils 56 % und 50 %. Die Datenvollständigkeit zum vermutlichen Übertragungsweg ist mit 3,24 % ebenfalls sehr niedrig, ähnlich wie im Vorjahr.

**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 bis 6 % lag.

Mehrere Faktoren könnten einen Einfluss auf die seit Ende 2021 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 und 2023 und 2024 aus beiden Städten weiterhin hohe Inzidenzen übermittelt wurden. 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 differenzierte Übermittlung und Auswertung der HBV-Infektionen nach Infektionsstadium ist für eine besse-

re Beschreibung und Eingrenzung von Bevölkerungsgruppen mit erhöhtem Risiko für Neuinfektionen (meist akute Infektionen) oder erhöhter Prävalenz (z. B. unerkannte chronischen Infektionen) von entscheidender Bedeutung. Eine höhere Datenvollständigkeit zum vermutlichen Übertragungsweg, sowie zu Infektionsland und Staatsbürgerschaft ist ebenfalls wichtig, um das Infektionsgeschehen in Deutschland differenzierter einzuschätzen und entsprechende Gesundheitsmaßnahmen zu treffen.

Studien deuten darauf hin, dass Hepatitis B sich in Deutschland in bestimmten Bevölkerungsgruppen konzentriert, u. a. Menschen mit Migrationshintergrund, Menschen die Drogen injizieren und Menschen deren Sexualverhalten mit hoher Infektionsgefährdung einhergeht. Die Meldedaten sind damit konsistent und zeigen darüber hinaus, dass Ungeimpfte und Menschen mit unvollständigem Impfschutz besonders gefährdet sind. Deutschland hat sich, gemeinsam mit anderen WHO-Mitgliedsstaaten, das Ziel gesetzt, virale Hepatitis bis 2030 zu eliminieren. Um dieses übergeordnete Ziel sowie seine Unterziele (u. a. Reduzierung neuer Fälle und Inzidenz auf < 1% bei Kindern unter 5% ) zu erreichen, besteht insbesondere bei Hochrisikogruppen weiterer Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und dem Zugang zur Behandlung. Säuglinge, Kinder und Jugendliche sollten, gemäß STIKO-Empfehlung, konsequent geimpft werden, einerseits um einen Impfschutz in der Bevölkerung sicherzustellen und außerdem, weil sie ein besonders hohes Risiko haben, chronische Hepatitis B zu entwickeln.

## 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 Virushepatitiden A bis E in Deutschland*. *Bundesgesundheitsbl* 2022; 65(2). <https://doi.org/10.1007/s00103-021-03478-8>.
- Kremer-Flach K, Zimmermann R, an der Heiden M, Dudareva S: *Estimated number of people infected with hepatitis B and C virus in Germany in 2013: a baseline prevalence estimate using the workbook method*. *Frontiers in Public Health* 2025; 13. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1471256>.
- 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/10.25646/9355.3>
- 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>
- 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>
- 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>
- 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/10.25646/11201.4>
- 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>

## 6.27 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **9.624**
- ▶ Anzahl der Fälle um 8 % im Vergleich zum Vorjahr gesunken
- ▶ Unter 10 % sind akute Hepatitis-C-Infektionen
- ▶ Großteil der Infektionen vermutlich in Deutschland erworben
- ▶ Mehr als ein Fünftel der Fälle im Jahr 2024 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, Häufigkeitsspitze 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 unbekanntes Infektionszeitpunktes ist die Identifizierung von Übertragungswegen oft schwierig. Es existiert kein Impfstoff gegen Hepatitis C, jedoch eine hochwirksame antivirale orale Therapie, die genotypübergreifend eingesetzt wird. Die meisten Infektionen können so geheilt und damit auch Übertragungen verhindert werden. 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 direktem Erregernachweis, unabhängig vom klinischen Bild (s. Tab. 6.27.1). Daher beinhaltet die Gesamtheit der Fälle einen erheblichen Anteil bereits chronischer Hepatitis-C-Fälle (im Sinne einer Virusreplikation von mehr als 6 Monaten).

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 erfüllen nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Im Juli 2017 trat die Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von HCV meldepflichtig ist. Dadurch werden nicht nur akute Infektionen, sondern auch Infektionen, wenn sie sich schon im chronischen Stadium befinden, im Meldesystem erfasst. Erfolgen im Verlauf der Infektion mehrere Erregernachweise, werden diese zu einem Fall zusammengeführt. Wenn akute oder chronische Infektionen an das zuständige Gesundheitsamt gemeldet werden, wird dort geprüft, ob der Fall bereits erfasst wurde. Nur neue Fälle werden weiter an zuständige Landesbehörden und RKI übermittelt. Im folgenden Text wird daher von Inzidenzen gesprochen.

### Zeitlicher Verlauf

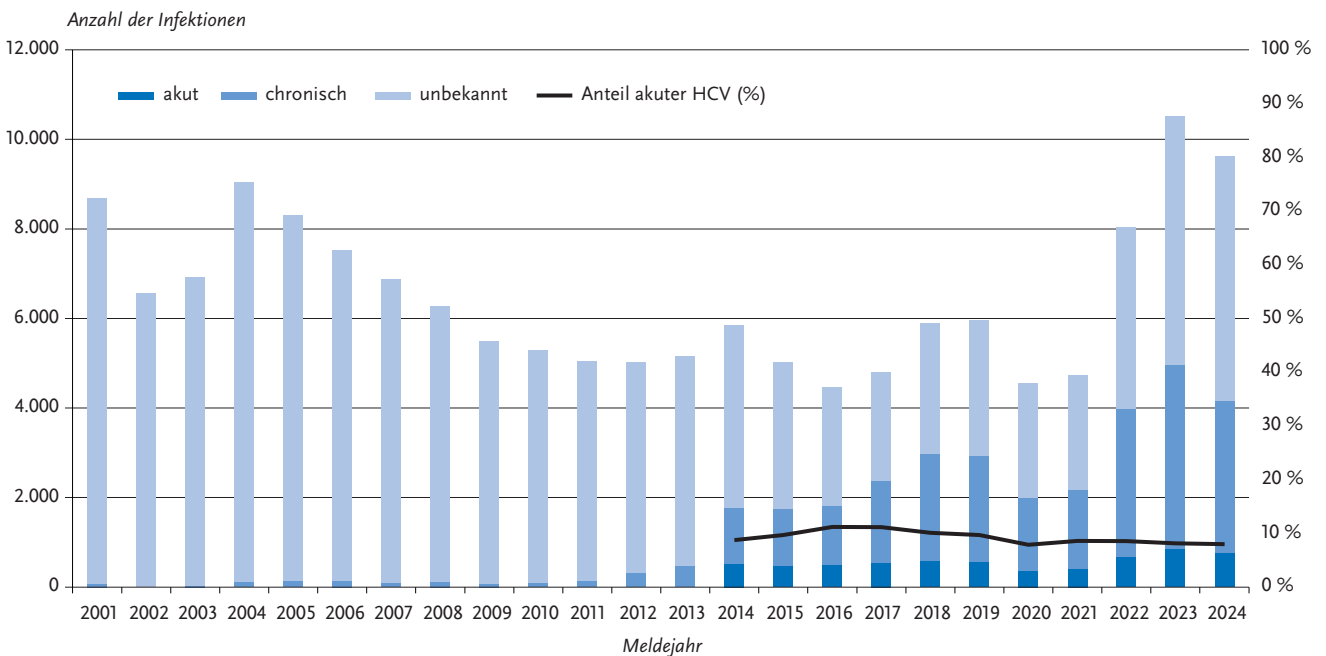
Für das Jahr 2024 wurden insgesamt 9.624 Hepatitis-C-Virus-Infektionen übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 11 übermittelten Infektionen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner. Damit ist die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr (12) gesunken. Die Anzahl der Fälle ist im Vergleich zum Vorjahr ( $n = 10.515$ ) um 8 % gesunken.

Von 2005 bis 2012 war ein abnehmender Trend der übermittelten Fallzahlen von Hepatitis C zu verzeichnen. In den Folgejahren kam es zu Schwankungen der Fallzahlen, u. a. nach Änderungen gemäß IfSG. In den Jahren 2020 und 2021, während der COVID-19-Pandemie, fielen die Fallzahlen deutlich ab. Ein starker Anstieg wurde in den Jahren 2022 und 2023 verzeichnet, im Jahr 2023 wurden erstmalig mehr als 10.000 Hepatitis-C-Infektionen übermittelt (s. Abb. 6.27.1).

**Tab. 6.27.1:**  
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.682	16 %	1.543	16 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4.374	42 %	3.720	39 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4.459	42 %	4.361	45 %
alle	10.515	100 %	9.624	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>10.515</b>	<b>100 %</b>	<b>9.624</b>	<b>100 %</b>

**Abb. 6.27.1:**  
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024 und Infektionsstadium (akut, chronisch, unbekannt) 2014 bis 2024



**Geografische Verteilung**

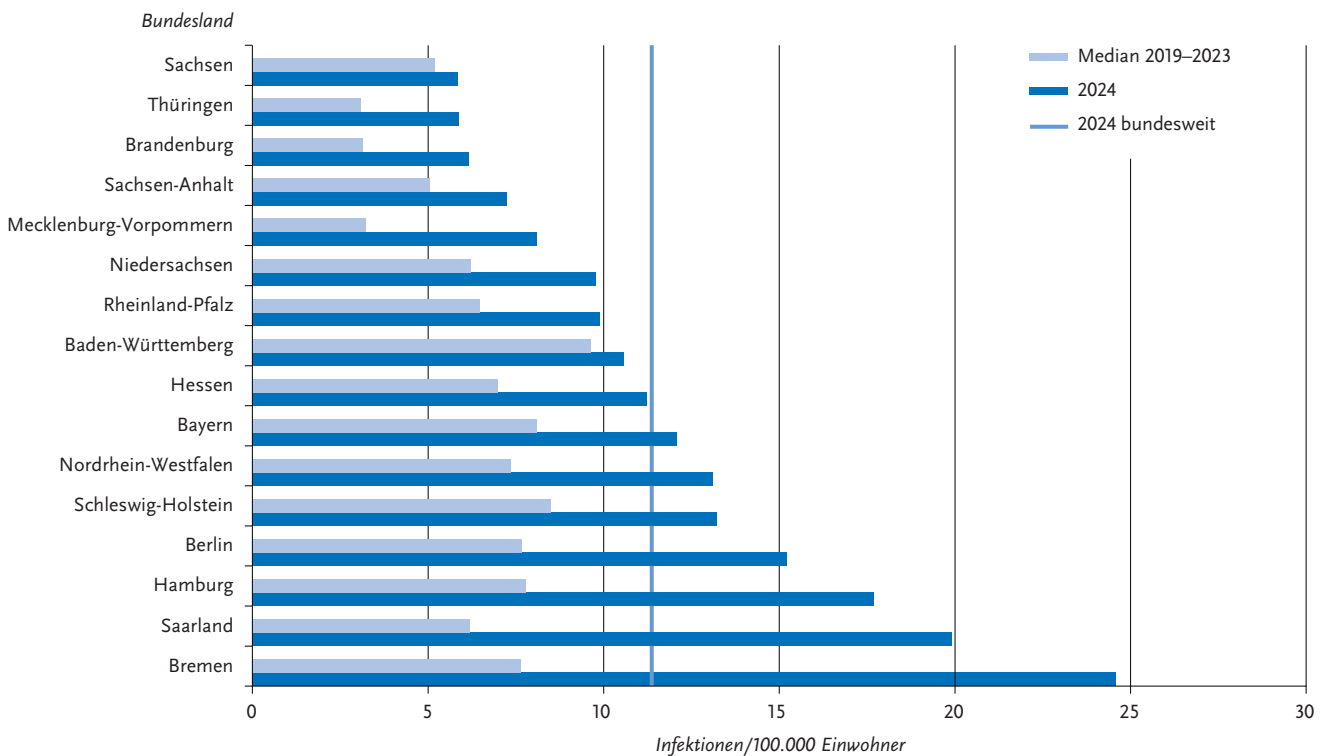
Im Jahr 2024 variierte die Zahl der übermittelten Fälle pro 100.000 Einw. (Inzidenz) in den Bundesländern zwischen 5,8 Inf./100.000 Einw. in Sachsen und 25 in Bremen (s. Abb. 6.27.2). Über der bundesweiten Inzidenz von 11 lagen neben Bremen auch das Saarland (20), Hamburg (18), Berlin (15), Schleswig-Holstein (13), Nordrhein-Westfalen (13) und Bayern (12). In allen Bundesländern außer Bremen, Berlin, Schleswig-Holstein, Hessen und Mecklenburg-Vorpommern sank die Inzidenz im Vergleich zum Vorjahr.

Bei 2.219 (23 %) der übermittelten HCV-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde am häufigsten genannt (n = 1.550; 68 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsland) gefolgt von der Ukraine (n = 390; 17 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsland). Kein anderes Land trug zu mehr als 2 % der Fälle mit Angabe zum Infek-

tionsland bei. In absteigender Reihenfolge waren die Russische Föderation (n = 35), Georgien (n = 35), Polen (n = 28) und Kasachstan (n = 23) 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 = 5.103; 53 %) bzw. zur Staatsangehörigkeit (n = 4.677; 49 %) übermittelt. Von diesen war bei 40 % Deutschland als Geburtsland angegeben (n = 2.051) und bei 51 % die deutsche Staatsangehörigkeit (n = 2.365). Bei mehr als einem Fünftel der Fälle mit vorhandenen Angaben zu Geburtsland/Nationalität war als Geburtsland die Ukraine (n = 1.121; 22 %) beziehungsweise die ukrainische Staatsangehörigkeit (n = 1.063; 23 %) angegeben.

**Abb. 6.27.2:** Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 9.624) im Vergleich mit den Vorjahren



**Demografische Verteilung**

Bei 9.596 (99,7 %) der übermittelten HCV-Infektionen wurden Angaben zum Alter und Geschlecht gemacht. Die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung war mit 15 Inf./100.000 Einw. fast doppelt so hoch wie in der weiblichen (8,2 Inf./100.000 Einw.). Männer haben in fast allen Altersgruppen unter 69 Jahren eine höhere Inzidenz als Frauen (s. Abb. 6.27.3). In der Altersgruppe 15–19 und 70–79 Jahre war die Inzidenz bei Frauen geringfügig höher und in der Altersgruppe >79 Jahre fast doppelt so hoch wie bei Männern. In der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen hatten Männer eine Inzidenz von 39 Inf./100.000 Einw., mit einer erheblichen Differenz zur Inzidenz bei Frauen (16 Inf./100.000 Einw.). In der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen hatten Männer eine Inzidenz von 21 Inf./100.000 Einw., mehr als doppelt so hoch wie in der weiblichen Bevölkerung (8,4 Inf./100.000 Einw.). Die am stärksten betroffene Altersgruppe bei beiden Geschlechtern waren die 40- bis 49-Jährigen. Ähnlich wie in den vergangenen Jahren machten die 30- bis 59-jährigen Männer mit 47 % (n = 4.552; 27 Inf./100.000 Einw.) fast 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 wie im Vorjahr mit 0,3 Inf./100.000 Einw. (entsprechend 26 übermittelten Infektionen) niedrig. Mit 51 Fällen in der Alters-

gruppe 15–19 Jahre wurden deutlich mehr Fälle als im Vorjahr (n = 33) übermittelt, entsprechend einer Inzidenz von 1,3 Inf./100.000 Einw.

**Klinische Aspekte**

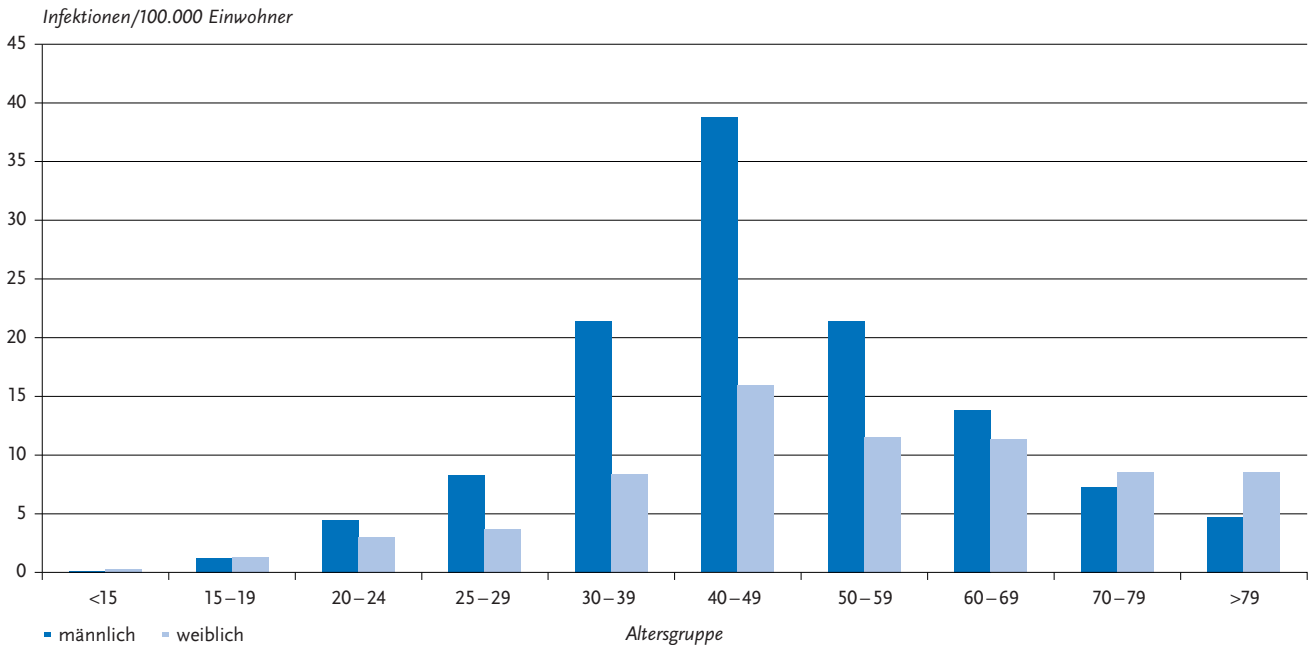
Von den übermittelten Fällen im Jahr 2024 wurden bei 43 % (n = 4.106) Angaben zum vermutlichen Infektionsstadium bei der Diagnose gemacht, bei den anderen Fällen wurde das Stadium nicht erhoben oder war nicht ermittelbar. Von den Infektionen mit Angaben wurden 19 % als akut (n = 768) und 81 % als chronisch (n = 3.338) eingestuft. Zwischen 2014 und 2024 lag der jährliche Anteil akuter Infektionen an allen übermittelten Fällen zwischen 8 % und 11 % (s. Abb. 6.27.1).

Bei insgesamt 1.539 Fällen wurden Angaben zu klinischen Symptomen übermittelt. Erhöhte Serumtransaminasen wurden bei 65 % (n = 1.221) der Fälle angegeben, in 28 % (n = 514) Oberbauchbeschwerden und in 7 % (n = 134) ein ikterischer Verlauf. Im Jahr 2024 war für 6 Fälle angegeben, dass sie an der Hepatitis C verstorben seien. Bei 24 Fällen war angegeben, dass sie aufgrund anderer Ursache verstorben seien und bei 3 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 1.781 übermittelten Infekti-

**Abb. 6.27.3:**  
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 9.624)



onen (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 = 1.087 Infektionen; 61 %). Von diesen lag bei 47 (3 % Fälle mit Angaben zur Übertragung) Infektionen die nähere Spezifizierung „i. v.-Drogenkonsum in Haft“ vor. Nosokomiale Übertragungen wurden bei 382 HCV-Infektionen (21 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) angegeben. Diese verteilten sich auf den Erhalt von Blut und Blutprodukten (n = 184; 10 %, Erhalt im Ausland oder vor 1992), operativ-diagnostische Eingriffe (n = 108; 6 %), medizinische Injektionen im Ausland (n = 83; 5 %), Organtransplantation (n = 5; 0,3 %) und Dialyse (n = 2; 0,1 %). Bei 97 Fällen (5 %) war als wahrscheinlichster Übertragungsweg Piercing oder Tattoo, bei 44 Fällen (2 %) Wohngemeinschaft mit Virusträger, und bei 30 Fällen (2 %) berufliche Exposition angegeben. Sexuelle Übertragung zwischen Männern wurde in 62 Fällen (3 % aller Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg und 5 % derjenigen bei Männern) als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben. Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner wurde bei 73 Infektionen (4 %) angegeben. Eine perinatale Übertragung bei Kindern unter 2 Jahren wurde bei 6 Infektionen (0,3 %) übermittelt.

#### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 2 epidemiologisch zusammenhängende Verknüpfungen von jeweils 2 Fällen übermittelt. In einem Fall handelte es sich um eine Übertragung im Privathaushalt ohne weitere Spezifizierung des Transmissionsweges. Bei der zweiten Verknüpfung handelte es sich um eine Über-

tragung durch Dialyse in einer ambulanten Behandlungseinrichtung bzw. einer Praxis.

#### Datenqualität

Die Bestimmung der Hepatitis-C-Inzidenz (im Sinne der Anzahl von HCV-Neuinfektionen pro Zeiteinheit) ist methodisch schwierig. HCV-Infektionen verlaufen häufig un bemerkt 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. 6.27.1 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, an das RKI 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.

### Fazit

Der Anstieg der übermittelten Hepatitis-C-Infektionen seit dem Jahr 2022 hat sich im Jahr 2024 nicht weiter fortgesetzt, die Fallzahlen sanken im Vergleich zum Vorjahr um 8 %. Im Vergleich zum Durchschnitt der letzten 5 Jahre war die Hepatitis-C-Inzidenz von 2024 allerdings in allen Bundesländern höher, besonders in Bremen und dem Saarland, wo sich die Inzidenzen seit 2019 mehr als verdreifachten, sowie in Hamburg und Mecklenburg-Vorpommern, wo sich die Inzidenzen mehr als verdoppelten. 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 zwischen 2021 und 2023 - 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 vermehrt dazu geführt, dass nicht nur neue Infektionen, sondern auch länger bestehende, teilweise bereits bekannte Infektionen gemeldet werden.

Der verzeichnete Rückgang der Fallzahlen in 2024 könnte darauf hinweisen, dass sich nun eine Sättigung des Screening-Effekts einstellt, da ein Großteil der bisher unentdeckten Infektionen inzwischen diagnostiziert wurde.

Möglicherweise führt die aufgrund datenschutzrechtlicher Vorgaben durchgeführte Löschung des Personenbezugs bei Fällen in den Gesundheitsämtern dazu, dass Fälle mehrfach erfasst und übermittelt werden. Ein erheblicher und steigender Anteil der Fallzahlen seit 2022 ist auf die Fluchtmigration aus der Ukraine zurückzuführen, wo HCV stärker verbreitet ist als in Deutschland.

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.

Männer sind häufiger von Hepatitis C betroffen als Frauen, was vor allem auf den Drogenkonsum zurückzuführen ist, der als häufigster Übertragungsweg für HCV gilt. Ab 69 Jahren ist die Inzidenz jedoch bei Frauen höher als bei Männern, was möglicherweise auf frühere nosokomiale Infektionen, 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 Set 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: *Hepatitis C prevalence database*. 2023 Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/all-topics-z/hepatitis-c/tools/hepatitis-c-prevalence-database>
- 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: ECDC; 2024. Abrufbar unter: [https://www.bundesgesundheitsministerium.de/fileadmin/Dateien/5\\_Publikationen/Praevention/Broschueren/ECDC\\_midterm\\_review\\_of\\_German\\_BIS\\_Strategy.pdf](https://www.bundesgesundheitsministerium.de/fileadmin/Dateien/5_Publikationen/Praevention/Broschueren/ECDC_midterm_review_of_German_BIS_Strategy.pdf)
- 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: *Mehrfach erfassungen von Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Meldungen in den Gesundheitsämtern – Identifikation und statistische Schätzung*; *Epid Bull* 2023; 30. <https://doi.org/10.25646/11657>
- Steffen G, Krings A, Guttman S, et al. *Progress and challenges in the elimination of hepatitis C among people who inject drugs in Germany: results of a pilot study for a national monitoring system, 10 years after the first data collection*. *Harm Reduction Journal*. 2024;21(1). <https://doi.org/10.1186/s12954-024-01119-2>
- 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. Abrufbar unter: <https://www.who.int/europe/publications/i/item/9789289058957>

Zimmermann R, Krings A, Steffen G: *DRUCK 2.0-Pilot - Pilotierung eines Surveillancesystems zu durch Blut und sexuell übertragenen Infektionen bei Drogengebrauchenden. Abschlussbericht*. Berlin; 2023. <https://doi.org/10.25646/11930>

## 6.28 Hepatitis D



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 116
- ▶ Hepatitis D tritt nur gemeinsam mit Hepatitis B auf
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern 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 Superinfektion 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 Falldefiniationskategorien D und E erweitert (s. Tab. 6.28.1). 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 chronischen) Infektionen erfasst werden. Somit werden auch chronische Infektionen übermittelt, d. h. in der Statistik werden akute und chronische Infektionen nicht unterschieden.

### Situation in Deutschland

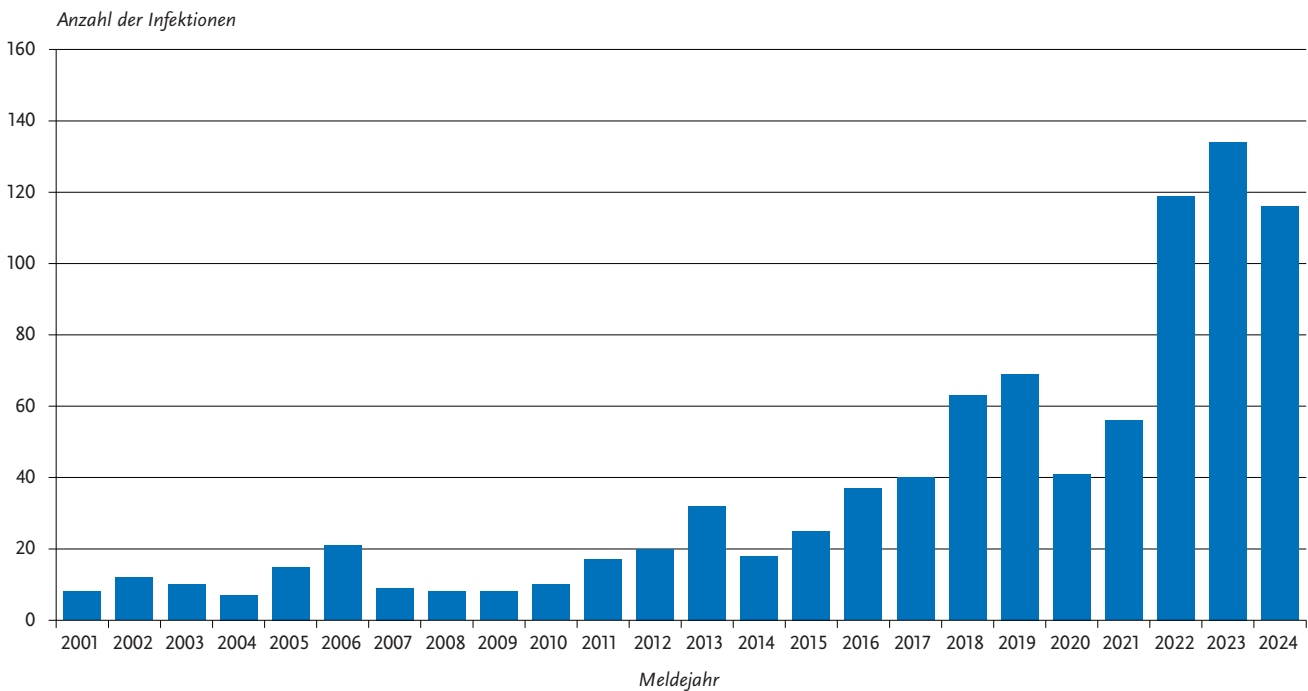
Im Jahr 2024 wurden 116 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.28.1). Die 116 Infektionen wurden aus 13 Bundesländern übermittelt (je eine bis 39 Infektionen). Bei 29 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Als wahrscheinliches Infektionsland wurde 15-mal Deutschland genannt, 3-mal Ukraine, 2-mal Rumänien sowie jeweils einmal acht weitere Länder. Von den 116 Hepatitis-D-Virus-Infektionen betrafen 64 (55 %) Männer und 52 (45 %) Frauen. Insgesamt 41 % der Fälle (47) traten in der Altersgruppe der 30- bis 59-Jährigen auf, in dieser Altersgruppe war mit 0,2 bis 0,3 Infektionen/100.000 Einwohner auch die Inzidenz am höchsten.

Nach der Falldefinitionsänderung im Jahr 2015 und Änderung der Meldepflicht im Jahr 2017 ist ein Anstieg der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.28.1). Im Jahr 2024 zeigte sich gegenüber dem Vorjahr ein leichter Rückgang. 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 Falldefiniationskategorien 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. Die seit Oktober 2021 eingeführte einmalige Erstattung der Labordiagnostik auf HBV im Rahmen der Gesundheitsuntersuchung (ehemals Check-up 35) könnte zu einer erhöhten Detektion von Hepatitis-B-Fällen sowie in diesem Zusammenhang auch zu einer verbesserten Erfassung von Hepatitis-D-Fällen geführt haben.

Tab. 6.28.1: Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	41	31 %	28	24 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	52	39 %	48	41 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	41	31 %	40	34 %
alle	134	100 %	116	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	134	100 %	116	100 %

**Abb. 6.28.1:**  
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Referenzdefinition nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Fazit**

Trotz leichten Rückgangs der Fallzahlen im Jahr 2024 im Vergleich zu 2023, sind die Fallzahlen weiterhin sehr hoch. Der Anstieg der Fallzahlen seit 2015 ist 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>

RKI: *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zum Infektionsschutzgesetz (IfSG) und Meldewesen*. 2018. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Meldewesen/FAQ/faq.html>

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>

**6.29 Hepatitis E**



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 4.734
- ▶ Leichte Zunahme der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Die meisten symptomatischen Infektionen wurden in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern in der Altersgruppe 60-69 Jahre

**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 Tierarten nachgewiesen werden. Inwiefern diese für die Epidemiologie der Hepatitis E in Deutschland eine Rolle spielen ist nicht abschließend geklärt.

**Tab. 6.29.1:**  
Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	4.657	41 %	4.733	41 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.147	28 %	3.318	29 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.515	31 %	3.506	30 %
alle	11.320	100 %	11.558	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>4.658</b>	<b>41 %</b>	<b>4.734</b>	<b>41 %</b>

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.29.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden dem RKI insgesamt 4.734 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (4.658 Erkrankungen) entspricht dies einer Zunahme um 1,6 %. Mit Ausnahme der Pandemiejahre ist dies die geringst jährliche Zunahme seit mehr als 15 Jahren (s. Abb. 6.29.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 2024 5,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner. Eine gering ausgeprägte Saisonalität mit einem Inzidenzmaximum im zweiten und einem Minimum im vierten Quartal 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 (12,6 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt (11,4), Thüringen (11,1), Sachsen (9,9), Brandenburg (9,5), dem Saarland (8,4) und Rheinland-Pfalz (5,8) erfasst.

Bei 2.517 Erkrankten (53 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.29.2). Von den 2.612 Nennungen entfielen 86 % auf Deutschland. Dieser Anteil liegt im Bereich, der vor der COVID-19-Pandemie registriert wurde (2019: 85 %) und des Vorjahres (87%).

### Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 3.487 der übermittelten Erkrankungen (74 %) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen. Mit 2.578 Erkrankungen waren Männer (54 %) insgesamt häufiger betroffen als Frauen. Der Altersgipfel lag für beide Geschlechter in der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre. Die höchste Inzidenz (11,2 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.29.2).

**Tab. 6.29.2:**

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2024 (Mehrfachnennungen möglich, 2.517 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	2.242	86 %
Spanien	53	2 %
Italien	30	1 %
Türkei	25	1 %
Niederlande	18	1 %
Griechenland	17	1 %
Kroatien	16	1 %
Ägypten	16	1 %
Frankreich	16	1 %
Portugal	13	0 %
Andere	166	6 %
<b>Summe</b>	<b>2.612</b>	<b>100 %</b>

### Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 1.162 (25 %, Anteil so groß wie im Vorjahr) der Erkrankungen mit Angaben zu Symptomen angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 13 Todesfälle (Vorjahr: 10) übermittelt. Betroffen waren 11 Männer und 2 Frauen im Alter von 57 bis 88 Jahren ohne bekannte Reiseanamnese.

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 6 Häufungen mit insgesamt 12 Erkrankungen übermittelt.

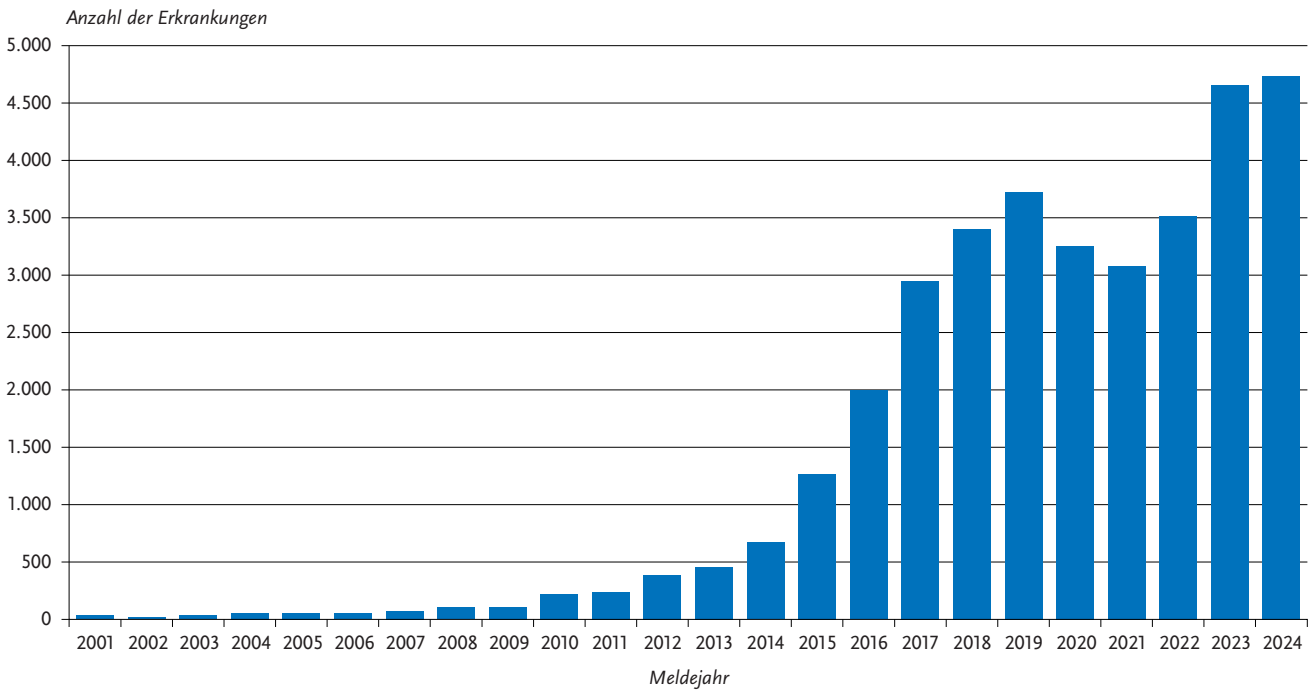
### Datenqualität

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

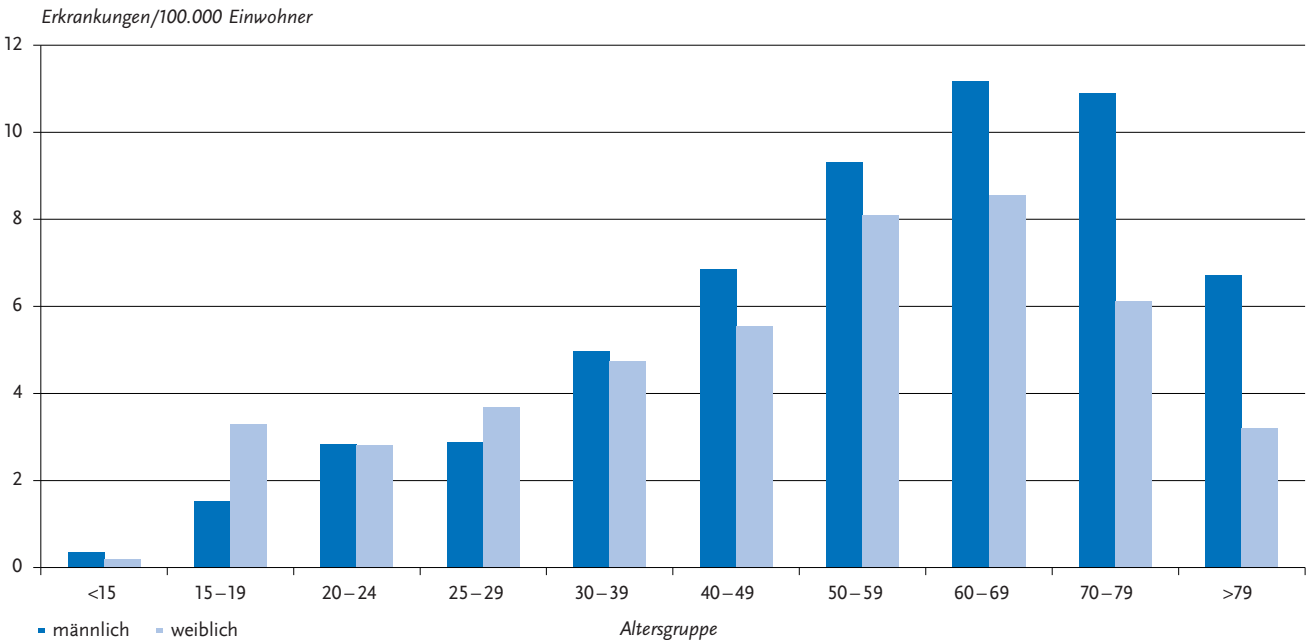
### Fazit

Die Hepatitis E wird in Deutschland weiterhin häufig diagnostiziert und gemeldet. Aufgrund der variablen und teilweise milden Symptomatik ist von einer starken Untererfassung auszugehen.

**Abb. 6.29.1:**  
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.29.2:**  
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2024 (n = 4.734)



**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 Hepatitis E*. 2023. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

Schemmerer M, J. WJ, Klaus S, and Faber M. *Molecular epidemiology and genotype-specific disease severity of hepatitis E virus infections in Germany, 2010–2019*. Emerging Microbes & Infections. 2022;11(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2091479>

## 6.30 HIV-Infektion



- ▶ Fälle 2024: **3.259**
- ▶ Keine Zunahme der Neudiagnosen gegenüber dem Vorjahr
- ▶ 73 % der Neudiagnosen bei Männern
- ▶ Höchste Inzidenzen in der Altersgruppe 30–39 Jahre bei den Männern, als auch bei den Frauen
- ▶ Bei 64 % der Neudiagnosen wahrscheinlich sexuelle Übertragung, davon 35% bei Männern, die Sex mit Männern haben, und 29% durch heterosexuelle Übertragung

### 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 Menschen ohne antiretrovirale Therapiebehandlung 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 erregerehaltigem 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, wodurch die Virusvermehrung wirksam blockiert wird. Darüber hinaus wird auch das HIV-Übertragungsrisiko durch eine wirksame antiretrovirale Therapie (messbare Viruslast < 50 Kopien/ml) so drastisch reduziert, dass bei sexuellen Kontakten,

Nadelstichverletzungen und unter der Geburt eine Nichtübertragbarkeit erreicht werden kann.

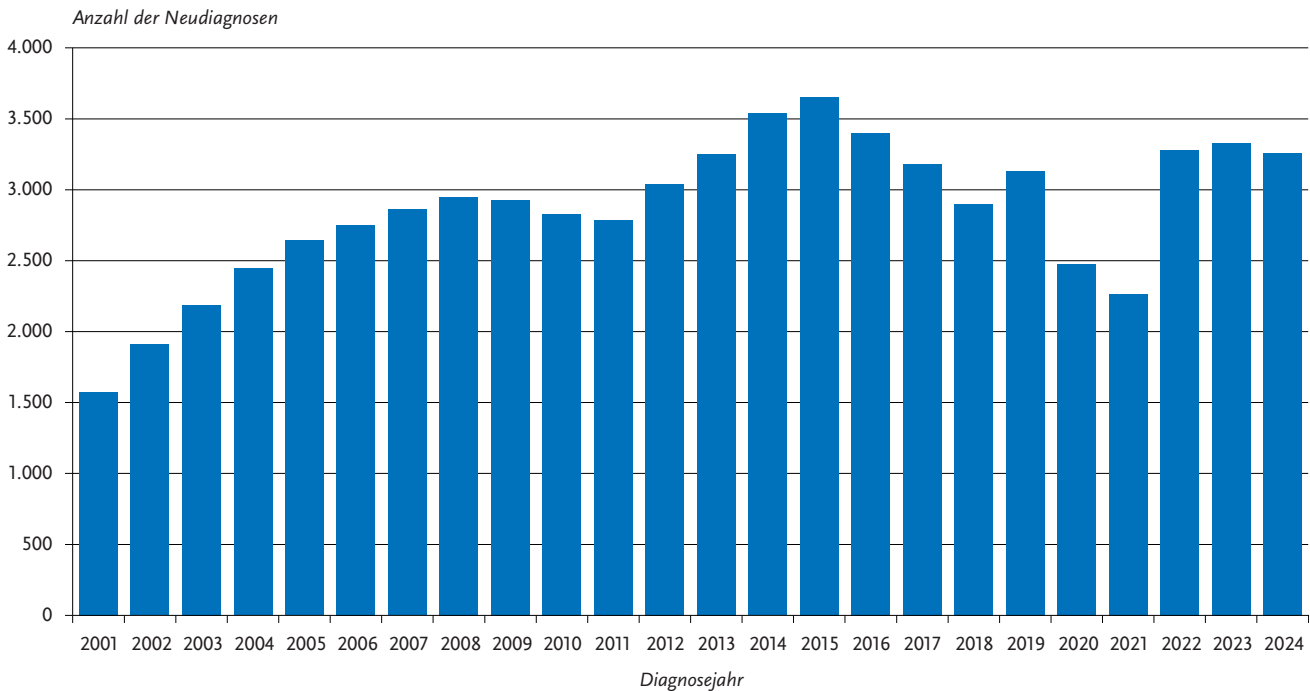
Seit September 2019 kann in Deutschland für Menschen mit erhöhtem HIV-Infektionsrisiko eine HIV-Präexpositionsprophylaxe (HIV-PrEP) auf Kosten der gesetzlichen Krankenversicherung verschrieben werden. Unter korrekter Einnahme einer PrEP reduziert sich die Infektionswahrscheinlichkeit drastisch. Bislang wird die HIV-PrEP fast ausschließlich von Männern, die Sex mit Männern haben, als Präventionsmethode verwendet. Es besteht noch ein erheblicher Informationsbedarf zur PrEP bei anderen Risikogruppen, die ebenfalls ein erhöhtes Risiko für eine HIV-Infektion haben.

Die HIV-Meldezahlen in Deutschland wurden bereits in den Jahren 2022 und 2023 in erheblichem Umfang durch die Aufnahme von Flüchtlingen aus der Ukraine beeinflusst. Auch im Meldejahr 2024 ist zu berücksichtigen, dass weiterhin in erheblichem Umfang HIV-Meldungen von aus der Ukraine nach Deutschland geflüchteten Personen erfolgten (2024: 468). Es ist anzunehmen, dass bei den meisten dieser Geflüchteten die HIV-Diagnose und der Behandlungsbeginn bereits in der Ukraine erfolgten. Folglich handelt es sich bei den meisten dieser Fälle nicht um tatsächliche Neudiagnosen, sondern um einen erstmaligen Nachweis der HIV-Infektion in Deutschland. Das RKI geht davon aus, dass eine vollständige Erfassung von aus der Ukraine nach Deutschland geflüchteten Menschen mit HIV-Diagnose über die Meldungen nicht erfolgen kann. Dies liegt daran, dass bei einem unbekanntem Anteil der mit HIV diagnostizierten Geflüchteten zwar eine Weiterbehandlung ihrer HIV-Infektion in Deutschland erfolgt, aber keine erneute umfassende HIV-Basisdiagnostik veranlasst wurde, die einen Meldevorgang auslöst.

### 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 laboridiagnostisch 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 Erstdiagnose handelte. Seit 2005 wurden zusätzlich – auch retrospektiv – solche Fälle aufgenommen, bei denen diese Angabe fehlte, dafür aber ein negativer HIV-AK-Test im Jahr 2001 oder später angegeben wurde und bei einem Abgleich mit den gemeldeten Fällen keine frühere Meldung identifizierbar war (seit 2001 besteht die Möglichkeit, anhand der fallbezogenen Verschlüsselung und weiterer Parameter Mehrfachmeldungen zu erkennen; s. Datenqualität). Seit Veröffentlichung einer neuen HIV-Diagnostikleitlinie im Juli 2015 gelten Fälle auch dann als bestätigt, wenn anstelle eines Antikörper-basierenden Bestätigungstestes eine Viruslast von mindestens

**Abb. 6.30.1:**  
Gemeldete HIV-Neudiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2024



1.000 Kopien/ml mit einem NAT-basierten Verfahren nachgewiesen worden ist.

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden dem RKI 3.259 HIV-Infektionen gemeldet, die den Fallkriterien entsprachen und als in Deutschland erfolgte Neudiagnosen identifiziert werden konnten (s.Abb.6.30.1). Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 3,9 Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner. Die Zahl der gemeldeten HIV-Neudiagnosen sank von 2015 bis 2018, stieg im Jahr 2019 erneut leicht an, um in den COVID-19-Pandemiejahren 2020 und 2021 auf den niedrigsten Stand seit 2004 zurückzugehen. Die Zahl der HIV Neudiagnosen sank in 2024 um 73 HIV Neudiagnosen im Vergleich zum Vorjahr (2023: 3.332).

**Geografische Verteilung**

Insgesamt fielen die Diagnosezahlen 2024 gegenüber 2023 leicht ab. Bei 916 Fällen konnte der Infektionsort nicht ermittelt werden (2023: 919). Die Zahl der in Deutschland erworbenen Infektionen stieg an (2024:1.238; 2023:1.159). Die Zahl der im Ausland erworbenen Infektionen (2024:1.778; 2023:1.936) ist dagegen gesunken.

Bundesweit blieb die Inzidenz von HIV-Neudiagnosen im Jahr 2024 konstant bei 3,9 Fällen pro 100.000 Einwohner gegenüber 2023. Die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen fanden sich in den Stadtstaaten Hamburg, Bremen und Berlin (11,8, 9,9 und 7,6 Neudiagnosen/100.000 Einw.) (s. Abb.6.30.2 und Abb. 6.30.3).

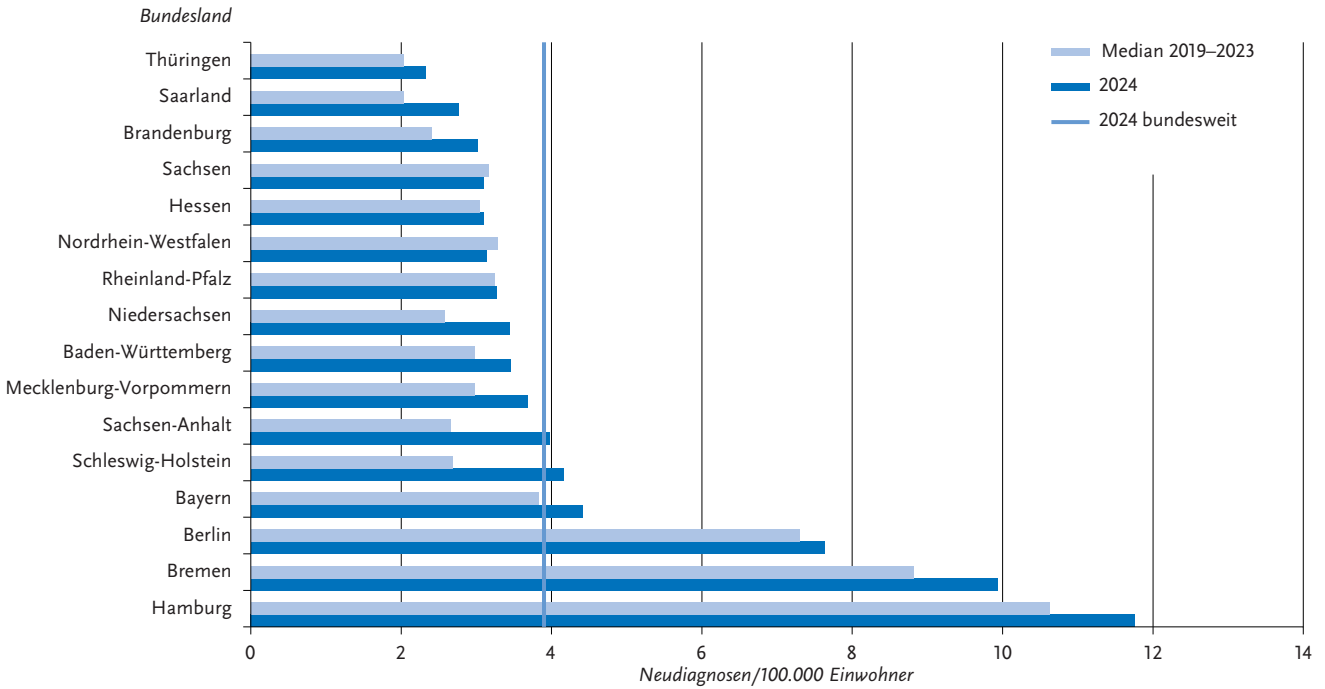
Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der fünf Vorjahre stieg die Inzidenz in allen Bundesländern ausser

in Sachsen und in Nordrhein-Westfalen geringfügig an. Berlin stieg leicht an von 7,3 in 2023 auf 7,6 Neudiagnosen/100.000 Einw. in 2024 an.

**Verteilung nach Herkunftsland**

Von den 3.259 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2024 lagen für 3.016 Meldungen (93 %) Angaben zum Herkunftsland vor. Bei 243 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2024 wurden keine Angaben gemacht und die Herkunft konnte nicht ermittelt werden. Die Anzahl der Neudiagnosen mit ausreichenden Angaben zum Herkunftsland bezogen sich 2024 zu 41 % auf Neudiagnosen bei Personen deutscher Herkunft, zu 20 % auf Neudiagnosen bei Personen mit Herkunft aus Osteuropa/Zentralasien, zu 13 % auf Neudiagnosen bei Personen aus Subsahara-Afrika, zu 12 % bei Personen aus West- und Zentraleuropa, zu 6 % bei Personen aus der Karibik und Lateinamerika und zu jeweils 4 % aus Nordafrika und dem Nahen Osten sowie Süd-/Südost- und Ostasien. Die Zahl der HIV-Neudiagnosen stieg im Jahr 2024 gegenüber dem Vorjahr 2023 für die Herkunft aus Deutschland, Süd-/Südost- und Ostasien sowie Nordafrika/Naher Osten an, für die Regionen West-/Zentraleuropa, Osteuropa/Zentralasien, Subsahara-Afrika, Nordamerika und Karibik/Lateinamerika sank sie. Die Anzahl der HIV-Neudiagnosen mit Herkunftsangabe Deutschland ist von 2023 bis 2024 um 79 gestiegen (+7 %). Demgegenüber ist die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei Personen mit nicht deutscher Herkunft von 2023 bis 2024 gesunken (-158, -8 %). Die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei Personen, bei denen das Herkunftsland nicht ermittelt werden konnte, hat sich von 2023 auf 2024 leicht erhöht (+6).

**Abb. 6.30.2:** Gemeldete HIV-Neudiagnosen inklusive Personen mit Herkunft Ukraine pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 3.259) im Vergleich mit den Vorjahren



**Verteilung nach Herkunfts- und Infektionsregionen und nach wahrscheinlichem Transmissionsweg**

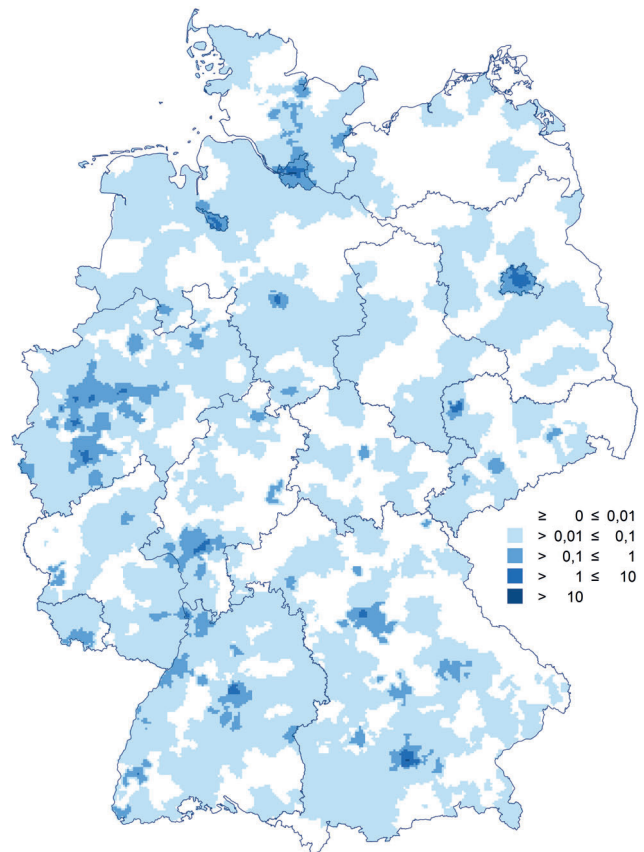
Von den 3.259 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2024 lagen für 2338 Meldungen (72 %) Angaben zum Infektionsland vor. Bei 921 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2024 wurden keine Angaben zum Infektionsland gemacht.

Personen mit HIV-Neudiagnosen weisen teilweise beträchtliche Unterschiede hinsichtlich der Transmissionswege und Infektionsregionen auf. Im Jahr 2024 lagen zu 3.016 HIV-Neudiagnosen Angaben zum Herkunftsland vor. Bei diesen fehlten von 745 (25 %) Angaben zum Transmissionsweg und von 722 (24 %) Angaben zum Infektionsland.

Von den 3.259 HIV-Neudiagnosen im Jahr 2024 entfielen 1.134 (35 %) auf Männer, die Sex mit Männern haben (MSM), 958 (29 %) auf Menschen mit heterosexueller Übertragung (HET), 248 (8 %) auf Übertragungen im Rahmen von injizierendem Drogenkonsum (people who inject drugs – PWID) und 23 (1 %) auf von Mutter zu Kind übertragene Infektionen (prä-/perinatale Infektionen – PPI). Zu 896 (27 %) Neudiagnosen war der wahrscheinliche Übertragungsweg nicht ermittelbar.

Im Vergleich zum Vorjahr sind die Neudiagnosen bei MSM um 94 (9 %) angestiegen. Von den 1.134 Neudiagnosen im Jahr 2024 kamen 596 (53 %) aus Deutschland, 480 (42 %) aus dem Ausland und zu 58 (5 %) wurden zur Herkunft keine Angaben gemacht. Von den 958 HIV-Neudiagnosen bei Menschen mit HET waren 129 (13 %) mit Herkunft aus Deutschland, 804 (84 %) aus dem Ausland und 25 (3 %) ohne Herkunftsangabe. Von den HIV-Neudiagnosen

**Abb. 6.30.3:** Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Postleitzahlbereich (geglättet) inklusive Personen mit Herkunft Ukraine, Deutschland, 2024 (n = 3.259)



bei Menschen mit HET entfielen 660 (69 %) auf Frauen und 297 (31 %) auf Männer.

In der Gruppe der PWID stiegen diejenigen mit deutscher Herkunft von 55 im Jahr 2023 auf 80 an (+45 %), wohingegen die Fälle mit ausländischer Herkunft von 197 auf 159 sanken (-19 %). Die Zahl der Fälle ohne Herkunftsangabe sank von 24 im Jahr 2023 auf 9 im Jahr 2024.

Über den zeitlichen Verlauf wurden bis 2021 die meisten Neudiagnosen bei MSM deutscher Herkunft gemeldet, gefolgt von Fällen mit HET und MSM mit jeweils nicht-deutscher Herkunft. Seit 2022 werden in allen Transmissionsgruppen häufiger Fälle nicht-deutscher Herkunft gemeldet, was unter anderem auch mit der erhöhten Zahl geflüchteter Menschen aus der Ukraine zusammenhängt. Im Vergleich zum Vorjahr steigen die Fälle bei MSM deutscher Herkunft an (2023: 542, 2024: 596, +10 %), sowie bei MSM nicht-deutscher Herkunft (2023: 459, 2024: 480, +5 %), Personen mit PWID deutscher Herkunft (2023: 55, 2024: 80, +45 %) und Personen mit HET deutscher Herkunft (2023: 124, 2024: 129, +4 %). Bei Personen mit PWID nicht-deutscher Herkunft (2023: 197, 2024: 159, -19 %) und Personen mit HET nicht-deutscher Herkunft (2023: 897, 2024: 804, -10 %) wurde ein Rückgang der gemeldeten Neudiagnosen beobachtet.

### Demografische Verteilung

Die Inzidenz der HIV-Neudiagnosen war gegenüber den Vorjahren bei der männlichen Bevölkerung mit 5,8 Fällen/100.000 Einw. höher als bei Frauen (2,1). Der Anteil der Frauen unter den HIV-Neudiagnosen lag bei 27 % und sank leicht gegenüber dem Vorjahr (2023: 29 %). Bei Männern und Frauen wies die Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen die höchsten Inzidenzen von HIV-Neudiagnosen auf (12,6 Neudiagnosen pro 100.000 Männer, 5,6 Neudiagnosen pro 100.000 Frauen). In der Altersgruppe 25 bis 29 Jahre lag die Inzidenz bei Männern bei 12,2, bei Frauen bei 3,8. In der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen lag die Inzidenz bei den Männern bei 11,1 und bei den Frauen bei 4,8. Bei den 20- bis 24-Jährigen war die Inzidenz 7,8 bei den Männern und 2,2 bei den Frauen (s. Abb. 6.30.4).

### Nachgewiesene Erreger

Im Jahr 2024 wurden zwei Infektionen mit HIV-2 (0,1 %) diagnostiziert und keine Doppelinfektionen mit HIV-1 und HIV-2.

### Infektionsrisiken nach Infektionsregion

Die Anzahl der Neudiagnosen mit ausreichenden Angaben zum Infektionsland bezogen sich 2024 zu 51 % auf in Deutschland erworbene Neudiagnosen, während 19 % in Osteuropa/Zentralasien, zu 12 % in Subsahara-Afrika, 7 % in West- und Zentraleuropa, jeweils 4 % in der Karibik/Lateinamerika sowie in Süd-/Südost- und Ostasien und 2 % in Nordafrika und dem Nahen Osten erworben wurden. Die Zahl der in Deutschland erworbenen HIV-Neudiagnosen

stieg im Jahr 2024 gegenüber dem Vorjahr 2023 um 98 von 1.114 auf 1.212 (+9 %) an. Dabei ist zu beachten, dass über den Zeitpunkt der Transmission aus den vorliegenden Daten keine Ableitungen getroffen werden können. Die Zahl der im Ausland erworbenen Neudiagnosen sank um 173 von 1299 auf 1126 (-13 %). Die Zahl der Neudiagnosen ohne Angaben des Infektionslands blieb auf vergleichbarem Niveau (2023:919, 2024: 921, +2 %).

### Mutter-Kind-Transmissionen

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 23 prä- oder perinatale Mutter zu Kind Übertragungen, PPI, gemeldet. Zehn der Übertragungen wurden bei Kindern bis zum Alter von 14 Jahren diagnostiziert. Zwei dieser diagnostizierten Kinder wurden in Deutschland geboren, die übrigen im Ausland. Bei den acht im Ausland geborenen Kindern ist unklar, ob die Infektion vor der Erstdiagnostik in Deutschland bereits bekannt war, da diese Informationen im Rahmen der Meldung nicht erhoben werden. Die Kinder waren bei der Erstdiagnose in Deutschland zwischen ein und acht Jahre alt. Vier der im Ausland geborenen Kinder stammen aus der Ukraine. Die Diagnosen der beiden in Deutschland geborenen Kinder wurden im jeweils ersten Lebensjahr des Kindes gestellt.

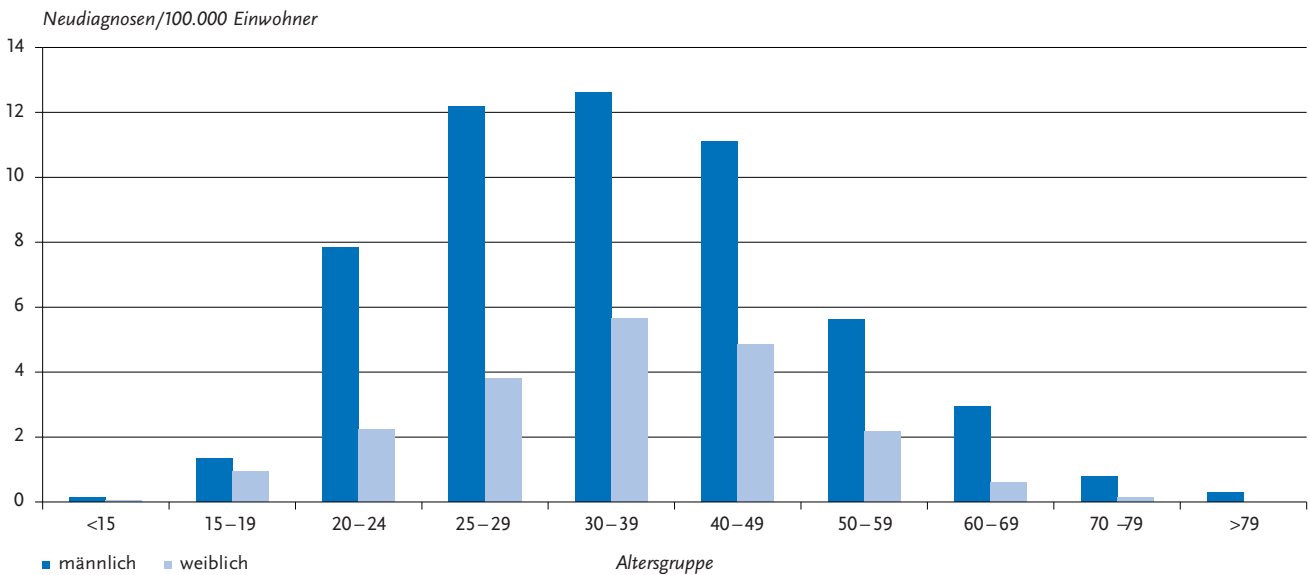
### Datenqualität

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 Mehrfachmeldung gekennzeichnet sind, muss noch ein unbekannter Anteil von Neudiagnosen vermutet werden. Deshalb stellt die Angabe von 3.259 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

**Abb. 6.30.4:**  
**Gemeldete HIV-Neudiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 3.259)**



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 bis 2024 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 1.040 Neudiagnosen in 2023 gesunken, stieg im Jahr 2024 wieder auf 1.134 Neudiagnosen an. Dieser Rückgang könnte neben einer frühzeitigen Diagnosestellung und der effektiven Behandlung von Menschen mit HIV-Diagnose auch durch pandemiebedingte Verhaltensanpassungen und die Nutzung der HIV-Präexpositionsprophylaxe (PrEP) hervorgerufen worden sein. Ein Zusammenhang mit der Nutzung einer HIV-PrEP ist wahrscheinlich, lässt sich aber angesichts weiterer Einflussfaktoren nicht anhand dieser Daten alleine quantifizieren. Die Ursachen für den Anstieg der Neudiagnosen 2024 könnten entweder auf eine verbesserte Diagnoserate durch vermehrte Testung unter MSM zurückzuführen sein oder auf einen tatsächlichen Anstieg von Transmissionen. Hier sind weitere Untersuchungen notwendig, die die Dauer der HIV-Infektion und damit das Transmissionsgeschehen abschätzen.

Die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei Personen, die die HIV-Infektion durch heterosexuelle Übertragung erworben haben ist bundesweit von 2015 bis 2021 um 54 %

zurückgegangen, in den Jahren 2022 und 2023 dann aber durch die Meldungen der aus der Ukraine Geflüchteten auf jeweils über 1.000 Fälle angestiegen. Im Jahr 2024 sank die Zahl der Neudiagnosen in dieser Gruppe wieder unter 1.000 Fälle. Auf Grund des hohen Anteils von Personen nicht deutscher Herkunft unter den Personen mit heterosexuell erworbener HIV-Infektion muss die Entwicklung der Zahl der HIV-Neudiagnosen in dieser Transmissionsgruppe immer auch im Kontext von politischer Lage und möglicher Migrationsbewegungen gesehen werden. Ein erster Höhepunkt der HIV-Neudiagnosen in dieser Transmissionsgruppe lag im Jahr 2015, als die Zuwanderung und damit auch die Anzahl der HIV-Tests unter Asylsuchenden einen Höhepunkt erreichte.

Der Hauptgrund für den Rückgang von HIV-Neudiagnosen bei Personen mit heterosexuell erworbener HIV-Infektion bis zum Jahr 2021 war wahrscheinlich der deutliche Rückgang der Zuwanderung im Vergleich zum Jahr 2015 sowie – in den Jahren 2020 und 2021 – verringerte internationale Mobilität und verminderte Inanspruchnahme von HIV-Testungen durch die Pandemie.

Die Zahl der HIV-Neudiagnosen bei Menschen mit injizierendem Drogengebrauch 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. Abrufbar unter: <https://daignet.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 Bestätigungsdiagnostik 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 HIV-Infektion/AIDS*. 2022. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

## 6.31 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 59
- ▶ 14 Fälle weniger im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren

### Kurzbeschreibung

Das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) umfasst schwere, unter Umständen tödliche Komplikationen, die bei bakteriellen Darminfektionen mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC; s. Kap. 6.17) auftreten können. In sehr seltenen Fällen kommt enteropathisches HUS auch bei Infektionen mit Shigellen (s. Kap. 6.61) oder anderen Erregern vor. Das Vollbild des HUS ist durch eine akute Nierenfunktionsstörung, Blutarut 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 (ohne labor-diagnostischen Nachweis und ohne epidemiologische Bestätigung). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.31.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 59 HUS-Erkrankungen übermittelt. Dies sind 14 HUS-Erkrankungen weniger als im Jahr 2023, und auch 14 weniger im Vergleich zum Median der Jahre 2019 bis 2023 (n = 73). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen (n = 31; 53 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.31.1).

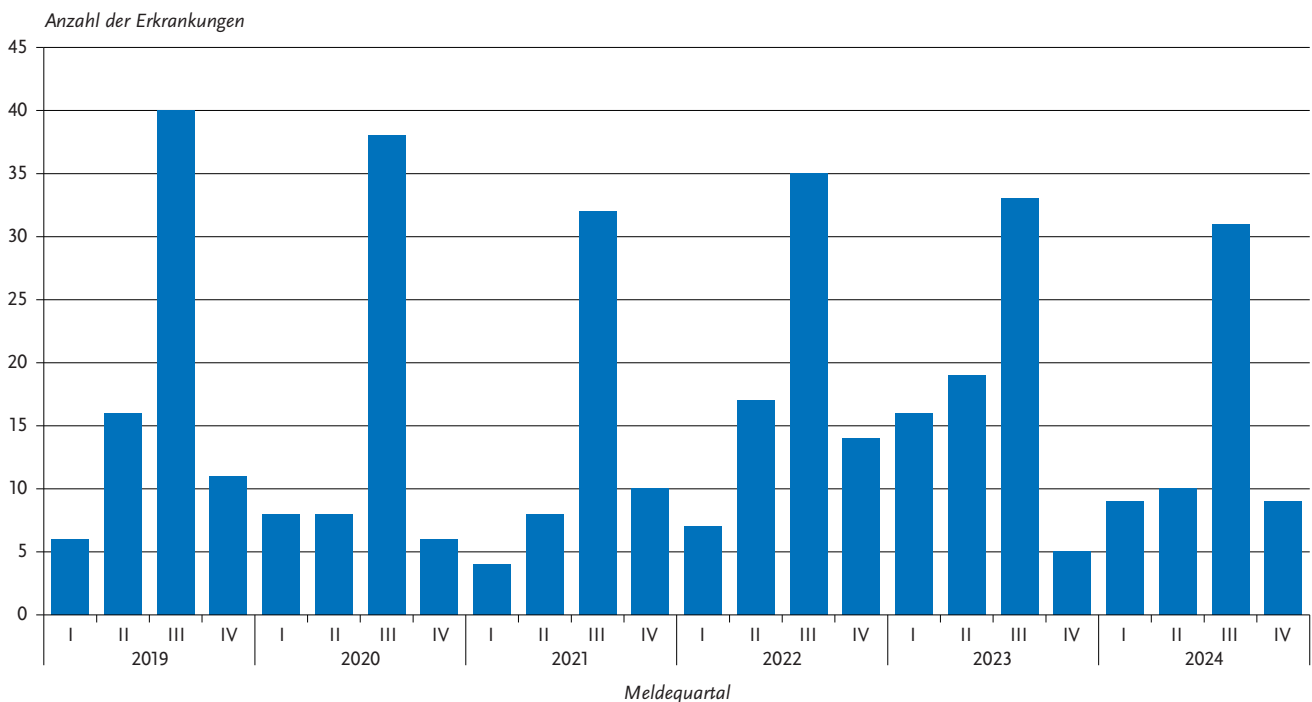
### Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,07 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (2023: 0,09). Die höchsten Inzidenzen wurden in Bremen (2 Fälle; 0,29 Erkr./100.000 Einw.), Hamburg (4 Fälle; 0,21) und Schleswig-Holstein (4 Fälle; 0,13) verzeichnet. Aus zwei Bundesländern (Saarland und Thüringen) wurden keine Fälle übermittelt. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen bereits einzelne

**Tab. 6.31.1:**  
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	7	10 %	8	14 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	66	90 %	51	86 %
alle	73	100 %	59	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	73	100 %	59	100 %

**Abb. 6.31.1:**  
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



Fälle vergleichsweise stark auf die berechnete Inzidenz auswirken.

Für 37 Fälle (63 %; 2023: 62 Fälle, 85 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 25-mal genannt (68 % der Nennungen; 2023: 76 %). Viermal wurde Ägypten genannt, dreimal Rumänien, je zweimal Tansania und Österreich und einmal Albanien.

#### Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 0,8 Erkr./100.000 Einw. deutlich höher als in den anderen Altersgruppen; 31 (53 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Zusätzlich wurden 15 HUS-Erkrankungen (25 %) bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 13 HUS-Erkrankungen (22 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren

und Erwachsenen übermittelt. Insgesamt waren 35 Fälle (59 %) weiblich und 24 (41 %) männlich. In fast allen Altersgruppen, mit Ausnahme der 10-14-, der 60-69- und der >79-jährigen, waren mehr weibliche als männliche Personen betroffen. (s. Abb. 6.31.2).

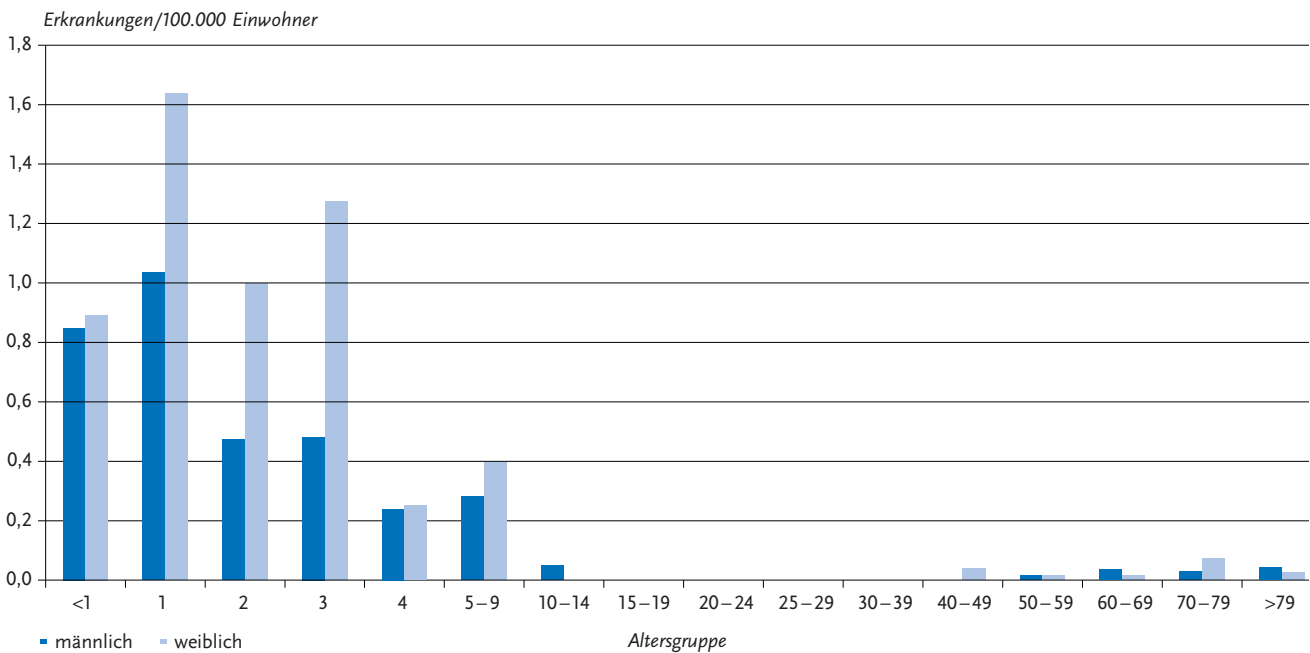
#### Klinische Aspekte

Es wurden 3 HUS-bedingte Todesfälle übermittelt (2023: 6). Es handelte sich um ein < 3-jähriges Kind sowie 2 Erwachsene in der Altersgruppe 70 bis 79 Jahre. Bei 2 der 3 Fälle wurde EHEC nachgewiesen. Die Serogruppe war bei diesen beiden Fällen angegeben (O100 bzw. O165).

#### Nachgewiesene Erreger

Bei 53 Erkrankungen (90 %; 2023: 88 %) lag ein labordiagnostischer Nachweis einer EHEC-Infektion vor. Bei 22 Erkrankungen (37 %; 2023: 44 %) wurden spezifische Angaben

**Abb. 6.31.2:**  
Übermittelte HUS-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 59)



zur Serogruppe übermittelt. Die mit Abstand am häufigsten genannten Serogruppen waren O157 mit 11 Fällen (2023: 18) und O26 mit 6 Fällen (2023: 9 Fälle). Zweimal genannt wurde O121, je einmal O100, O145 und O165.

### Ausbrüche

Durch EHEC bedingte Ausbrüche werden hier berichtet, wenn mindestens eine erkrankte Person HUS entwickelt hat, andernfalls im Kapitel EHEC-Gastroenteritis (Kap. 6.17). Im Jahr 2024 wurden keine EHEC-bedingten Ausbrüche mit mindestens einem HUS-Fall übermittelt (2023: 3).

### 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 2024 wurden mit 59 HUS-Erkrankungen 14 Fälle weniger als im Vorjahr übermittelt. Die Zahl der Fälle mit Angabe eines Infektionslandes ist auf 63 % (2023: 85 %) gesunken. Bei den meisten Fällen mit entsprechenden Angaben wurde Deutschland als Infektionsland genannt (68 %).

Der Anteil der Fälle mit Angabe eines labordiagnostischen Nachweises einer EHEC-Infektion ist mit 90 % im Vergleich zum Vorjahr (88 %) etwa gleichgeblieben. Der Anteil der Fälle mit Angabe der Serogruppe lag mit 37 % leicht unter dem des Vorjahres (2023: 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

Gesellschaft für pädiatrische Nephrologie und Deutsche Gesellschaft für Nephrologie. S3 living guideline: Hämolytisch-urämisches Syndrom im Kindes- und Erwachsenenalter. Update 2026, Version 3.0. <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](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.32 Influenza



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **218.513**
- ▶ Das Jahr 2024 begann mit einer ausgeprägten Influenzawelle, die bereits im Jahr 2023 startete. Die Grippewelle der Saison 2023/24 verlief von KW 50/2023 bis KW 12/2024 (15 Wochen). Der Höhepunkt der für diese Welle übermittelten Fälle lag in MW 6. Ende des Jahres 2024 stieg die Influenza-Aktivität erneut an und setzte sich als Influenzawelle der Saison 2024/25 mit Start in KW 51/2024 im Jahr 2025 fort.
- ▶ Dominantes Virus: überlappende Zirkulation von Influenza A(H1N1)pdm09 und zeitlich verzögert B/Victoria.
- ▶ Höchste Inzidenz bei den 0- bis 4-Jährigen
- ▶ Impfpräventabel (Impfpflicht für bestimmte Personengruppen)
- ▶ 2.112 Ausbrüche mit 10.589 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 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 Influenzawellen bzw. Grippewellen auf, die in Deutschland meist im Januar oder Februar beginnen und

typischerweise innerhalb von 8 bis 12 Wochen ablaufen. Die Grippewellen können in einzelnen Jahren aber auch deutlich länger andauern. Die Stärke der Grippewellen schwankt von Jahr zu Jahr erheblich. Die nachfolgende Auswertung für das Jahr 2024 bezieht sich auf humane saisonale Fälle.

#### Falldefinition

Im Jahr 2024 wurden von den Gesundheitsämtern 218.513 Influenzafälle übermittelt, welche der Referenzdefinition entsprachen (s. Tab. 6.32.1). Die Fallzahl im Jahr 2024 liegt damit deutlich über dem Niveau des Vorjahres (77.350). Für Auswertungen bzw. Vergleiche ist zu beachten, dass seit dem 01.01.2019 eine neue Fall- und Referenzdefinition für Influenza gilt. Zum einen wurde die Referenzdefinition auf die Falldefinitions-kategorien D und E (und damit auf alle labordiagnostisch bestätigten Fälle) erweitert (zuvor ausschließlich B und C), zum anderen wurden die klinischen Kriterien akuter Krankheitsbeginn, Fieber, Muskel-, Glieder-, Rücken- oder Kopfschmerzen und Husten zu einem Kriterium »grippetypische Symptome« zusammengefasst.

#### Zeitlicher Verlauf

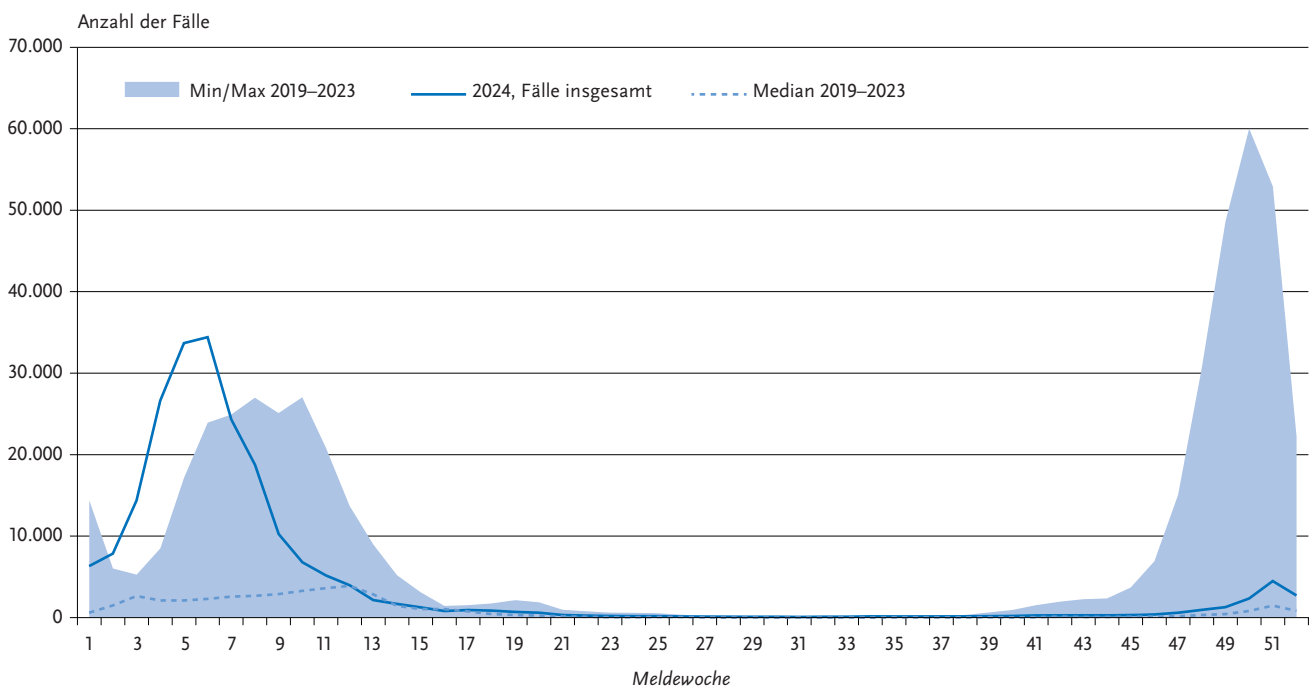
Für die Beschreibung des zeitlichen Verlaufs der Influenza wird die Influenzasaison von einer Grippewelle unterschieden. Die Influenzasaison 2023/24 begann mit der 40. Meldewoche (MW) 2023 und endete mit der 39. MW 2024. Die zeitlichen Angaben zu übermittelten Fällen gemäß IfSG werden in MW angegeben. Die Saison 2024/25 begann mit der 40. MW 2024. Der Start und das Ende der Grippewelle werden anhand der Positivrate der virologischen Sentinel-surveillance im ambulanten Bereich (ARE-Praxis-Sentinel) festgelegt und in Kalenderwochen (KW) angegeben.

Das Jahr 2024 begann mit einer vergleichsweise starken Grippewelle, die bereits in KW 50 des Vorjahres (2023) begonnen hat. Nach einem Höhepunkt der übermittelten Fallzahlen in der 6. MW folgte ein rascher Rückgang. Mit dem Abklingen der Welle in der 12. KW schloss sich eine Phase niedriger Influenzaaktivität an. Die Grippewelle der Wintersaison 2024/25 startete in KW 51 und setzte sich bis ins Jahr 2025 fort (s. Abb. 6.32.1). Nähere Informationen können dem ARE-Wochenbericht entnommen werden.

Tab. 6.32.1: Übermittelte Influenzafälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1.738	2 %	4.283	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	48.955	63 %	127.736	58 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4.096	5 %	11.556	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	22.561	29 %	74.938	34 %
alle	77.350	100 %	218.513	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C+D+E)</b>	<b>77.350</b>	<b>100 %</b>	<b>218.513</b>	<b>100 %</b>

**Abb. 6.32.1:**  
Übermittelte Influenzafälle nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 218.513) im Vergleich mit den Vorjahren



Im Jahresverlauf 2024 wurden in den MW 1 bis 22 wöchentlich zwischen 245 (MW 22) und 34.422 (MW 6) Fälle übermittelt. In den darauffolgenden Wochen bis einschließlich MW 39 sank die Zahl der gemeldeten Fälle auf unter 170 Fälle pro Woche, mit einem Minimum von 85 Fällen in MW 31. Im Jahr 2023 (Vorjahr) schwankte die Zahl der wöchentlich übermittelten Influenzafälle zwischen einem Minimum von 40 Fällen (MW 31) und einem Maximum von 14.395 Fällen (MW 1).

**Geografische Verteilung**

Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenzafälle lag im Jahr 2024 bei 258 Fällen pro 100.000 Einw. und damit deutlich über dem Wert der Vorjahre (Vorjahr: 91 Fälle pro 100.000 Einw.). Dabei lag die Inzidenz in sechs Bundesländern über dem bundesweiten Wert, insbesondere in Sachsen-Anhalt (582), Sachsen (540) und in Thüringen (432). Die niedrigste Inzidenz wurde in Bremen (120) und Niedersachsen (161) beobachtet (s. Abb. 6.32.2).

Für 86.052 der übermittelten Fälle (39 %) war ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. In nahezu allen dieser Fälle wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Für 0,8 % der Fälle wurde eine Exposition im Ausland angegeben. Damit spielten importierte Influenzafälle für das Infektionsgeschehen in Deutschland im Jahr 2024 nur eine untergeordnete Rolle.

**Demografische Verteilung**

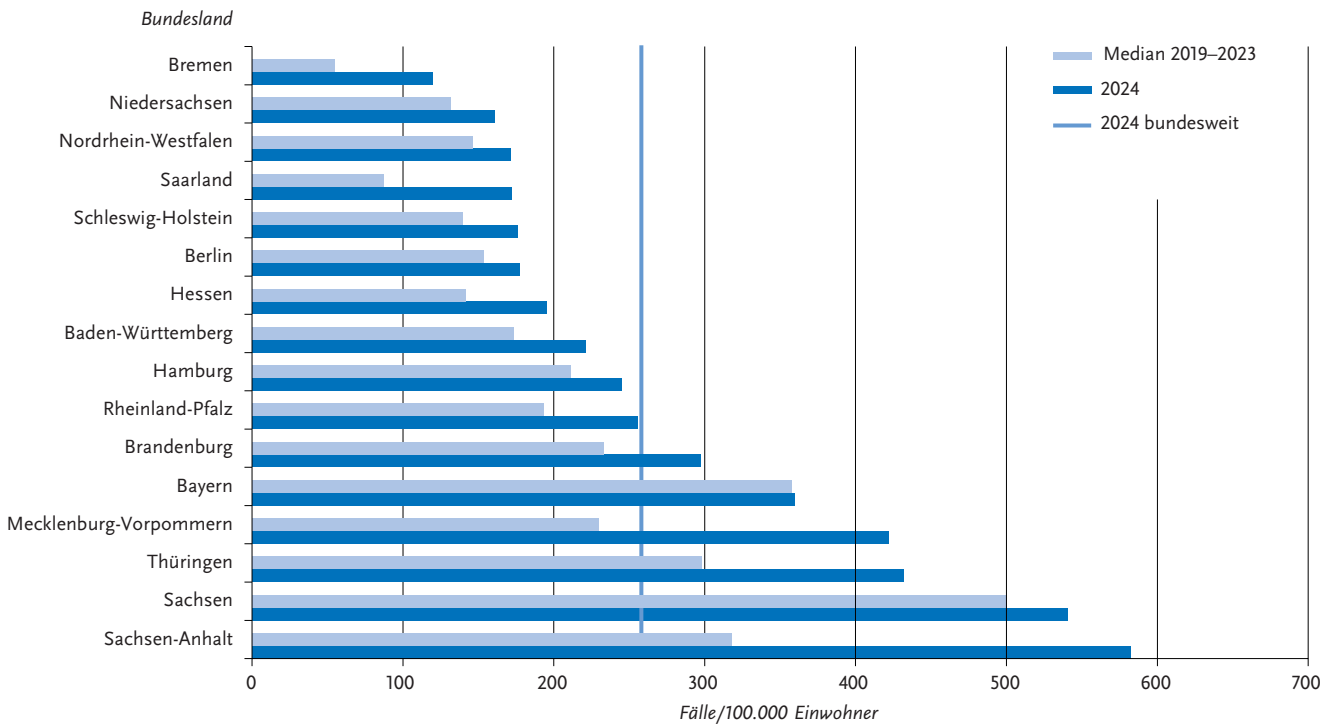
Der Altersmedian aller übermittelten Influenzafälle des Jahres 2024 beträgt 42 Jahre und lag damit über dem des Vorjahres (34 Jahre). Über die Gesamtbevölkerung hinweg war die Inzidenz in allen Altersgruppen für weibliche (gesamt 259/100.000) und männliche (gesamt 256/100.000) Fälle auf einem vergleichbaren Niveau (vgl. Abb. 6.32.3).

Die altersgruppenspezifische Inzidenz übermittelter Influenzainfektionen im Jahr 2024 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahren, mit 710 Erkrankungen pro 100.000 Kinder dieser Altersgruppe (s. Abb. 6.32.3). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel sowohl bei Jungen (737/100.000) als auch bei Mädchen (672/100.000) ebenfalls in der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen. Während saisonaler Grippewellen sind Kinder durch die fehlende bzw. geringere Grundimmunität sowie hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit, z. B. durch den Besuch von Gemeinschaftseinrichtungen, häufig von Influenzainfektionen betroffen.

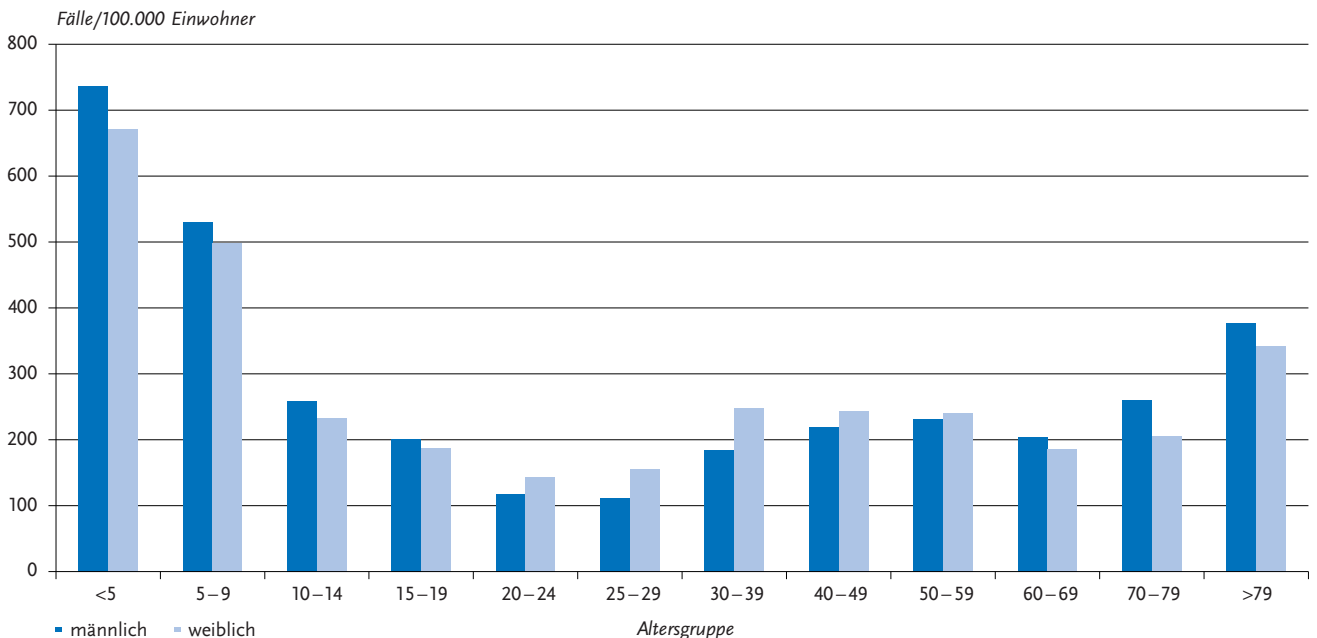
**Klinische Aspekte**

Im Jahr 2024 lag der Anteil der Hospitalisierten (44.260) unter allen Influenzafällen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus und Alter (126.349) bei 35 %, was vergleichbar war mit dem Vorjahr (33 %). Besonders hohe Anteile an Hospitalisierungen wurden, wie bereits im Vorjahr, bei Kindern unter 5 Jahren (35 %), bei Erwachsenen im Alter zwischen 60 und 69 Jahren (47 %) und insbesondere bei Erwachsenen ab 70 Jahren (69 %) beobachtet. Grundsätzlich überschätzen diese Angaben jedoch die tatsächlichen Anteile der Krankenhauseinweisungen unter allen

**Abb. 6.32.2:** Übermittelte Influenzafälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 218.513) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2019 bis 2023)



**Abb. 6.32.3:** Übermittelte Influenzafälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 217.731)



Influenzafällen, 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. Auch kann wie bereits in den Vorjahren nicht ausgeschlossen werden, dass die häufig kombinierte Testung auf SARS-CoV-2, Influenzaviren und anderer Atem-

wegserreger mittels Multiplex-PCR – insbesondere im stationären Bereich – einen Einfluss auf die Höhe des Hospitalisierungsanteils hatte. Auf diese Weise werden insbesondere stationäre Fälle erkannt und übermittelt (s. a. Abschnitt Datenqualität).

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 1.155 influenza-assoziierte Todesfälle übermittelt. Dies entspricht 0,5 % aller übermittelten Influenzafälle und damit wesentlich mehr als im Vorjahr (369 Fälle in 2023). Der prozentuale Anteil blieb jedoch nahezu unverändert gegenüber dem Jahr 2023 (0,5 % im 2023). Von den Todesfällen entfielen 1.082 (94 %) auf den Zeitraum zwischen der 1. bis 39. MW (Saison 2023/24), während 73 Fälle (6,3 %) im Zeitraum MW 40 bis 53 (Saison 2024/25) übermittelt wurden. Unter den insgesamt 1.155 Todesfällen des Jahres 2024 wurde in 685 Fällen (59 %) angegeben, dass die Influenzainfektion ursächlich zum Tod beigetragen haben, in 15 % der Fälle war die Todesursache unbekannt. Der Altersmedian der 685 Influenza-Todesfälle lag bei 81 Jahren. Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenzainfektion und Tod jedoch nicht immer eindeutig.

### 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 Jahren, 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 der Influenzaimpfung beträgt etwa 10 bis 14 Tage. 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.

Bis zur Saison 2023/24 wurde von der STIKO noch die Verwendung von quadrivalenten Influenza-Impfstoffen empfohlen, 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. Aufgrund der seit 2020 ausbleibenden Zirkulation der Influenza-B-Viren der Yamagata-Linie hat die WHO die Empfehlungen zur Zusammensetzung der saisonalen Influenza-Impfstoffe seit September 2023 angepasst. Infolgedessen empfiehlt die STIKO seit 2024 einen trivalenten Impfstoff (Dreifach-Impfstoff) als Standardimpfung für alle Personen ab 60 Jahren bzw. mit entsprechender Indikation. Adjuvantierte Impfstoffe gegen die saisonale Influenza sind nur für Personen zugelassen, die 65 Jahre oder älter sind. Bei Kindern mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung infolge eines Grundleidens, die das erste Mal gegen Influenza

geimpft werden, wird laut Herstellerangaben bis zu einem gewissen Alter (meist 9 Jahre) eine 2-fache Impfung im Abstand von 4 Wochen empfohlen.

Für die Saison 2023/2024, die durch eine A(H1N1)pdm09-Welle mit steilen Anstieg und frühem Gipfel Ende Januar 2024 charakterisiert war, gefolgt von einer schwachen Zirkulation von B/Victoria-Viren, wurden in der nördlichen Hemisphäre folgende Impfstoffkomponenten gegen saisonale Influenza empfohlen:

- ▶ A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für ei-basierte und A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09-ähnliches für zellbasierte Impfstoffe
- ▶ A/Darwin/9/2021 (H3N2)-ähnliches Virus für ei-basierte und A/Darwin/6/2021 (H3N2)-ähnliches Virus für zellbasierte Impfstoffe
- ▶ B/Austria/1359417/2021-ähnliches Virus (B/Victoria-Linie) für ei-basierte und zellbasierte Impfstoffe B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus, das die B/Yamagata/16/1988-Linie repräsentiert für tetravalente Impfstoffe

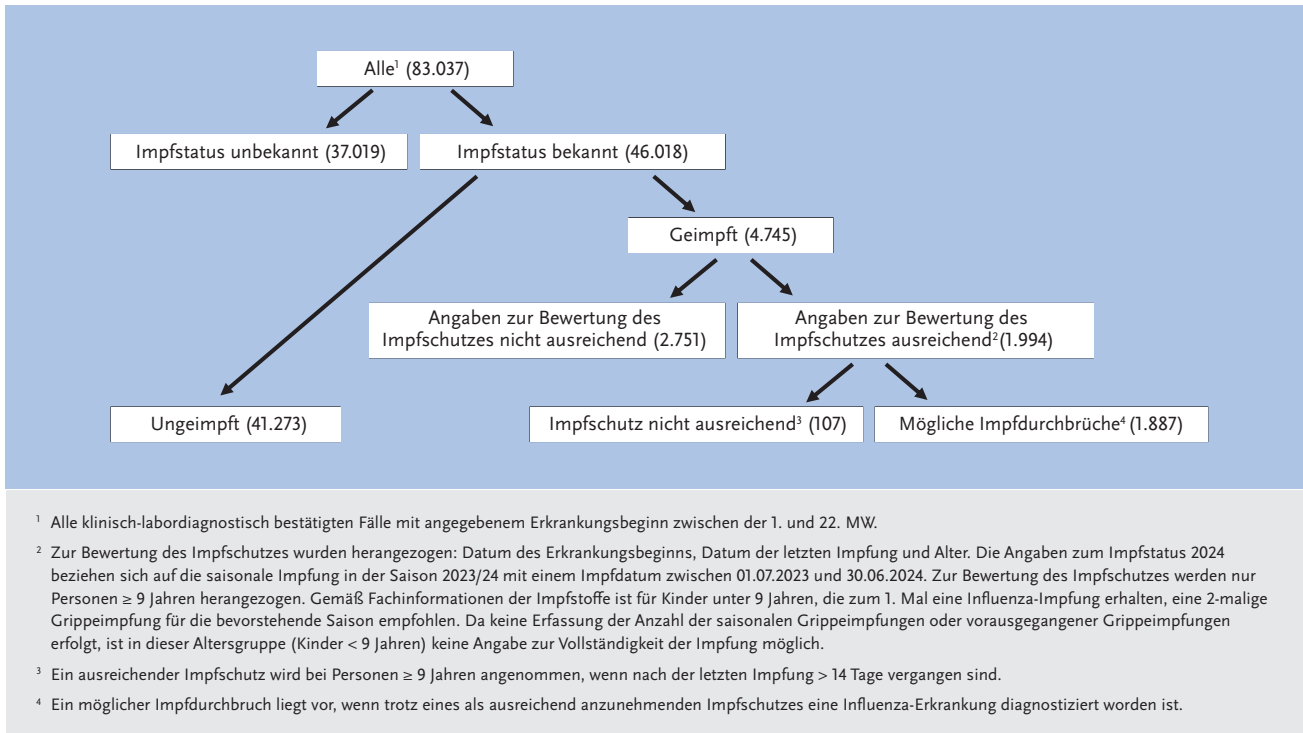
Für die Saison 2024/25 wurden folgende Zusammensetzungen empfohlen:

- ▶ A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für ei-basierte und A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus für zellbasierte Impfstoffe
- ▶ A/Thailand/8/2022 (H3N2)-ähnliches Virus für ei-basierte und A/Massachusetts/18/2022 (H3N2)-ähnliches Virus für zellbasierte Impfstoffe
- ▶ B/Austria/1359417/2021-ähnliches Virus der B/Victoria-Linie

Im Folgenden werden mögliche Impfdurchbrüche anhand des in den Meldedaten erfassten Impfstatus sowie des berechneten Impfschutzes in Bezug auf die Fälle betrachtet. Von den insgesamt 218.513 für das Jahr 2024 übermittelten Influenzafällen fielen 204.198 in die 1. bis 39. MW, davon 201.995 bis zur 22. MW, und 14.315 in den Zeitraum der 40. bis 52. MW. Da der Großteil der Fälle zwischen der 1. und 22. MW übermittelt wurde und hierin auch eine in das Jahr 2024 nahezu vollständig fallende Influenzawelle zu verzeichnen war, wird über die Informationen zum Impfstatus ausschließlich für diesen Zeitraum berichtet.

Von den 83.037 labordiagnostisch bestätigten Influenzafällen, die im Jahr 2024 zwischen der MW 1 und 22 gemeldet wurden, lagen für 46.018 Fällen (55 %) Angaben zum Impfstatus vor. Davon waren 90 % als ungeimpft und 10 % als geimpft dokumentiert. Für 1.994 dieser Fälle waren die Angaben zur Bewertung des Impfschutzes ausreichend. Nach dieser Bewertung war bei 107 Fällen kein ausreichender Impfschutz vorhanden. In den verbleibenden 1.887 Fällen kann von einem möglichen Impfdurchbruch ausgegangen werden (s. Abb. 6.32.4).

Abb. 6.32.4:  
Labordiagnostisch bestätigte Influenzafälle nach Impfstatus, Deutschland, 2024



### Nachgewiesene Erreger

Die beim Menschen relevanten Influenzavirustypen 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 weltweit nicht mehr nachgewiesen wurde. Die saisonalen Influenzaviren verändern ihre antigenen Eigenschaften über Jahre hinweg durch Punktmutationen ihres Genoms (Antigendrift), weshalb eine jährliche Überprüfung und gegebenenfalls eine Anpassung der Impfstoffkomponenten notwendig sind.

Von den 218.513 übermittelten Fällen des Jahres 2024 wurde der Erreger bei 212.224 Fällen näher charakterisiert. Darunter fielen 198.391 (93 %) Fälle in die Saison 2023/24 und 13.833 Fälle (6,5 %) in die Saison 2024/25. Für den Zeitraum der Saison 2023/24 von MW 1 bis 39 wurde für 174.036 Fälle eine Influenza-A-Virus-Infektion und 19.658 Fälle eine Influenza-B-Virus-Infektion angegeben. Ein geringer Anteil der Fälle ( $n = 4.605$  Fälle; 2,3 %) wurden in diesem Zeitraum als »Influenza A/B, nicht näher differenziert« übermittelt. Für den Zeitraum der Saison 2024/25 (MW 40 bis 52) wurden 10.027 Fälle mit Influenza A, 3.356 Fälle mit Influenza B und 448 Fälle nicht differenziert nach Influenza A/B übermittelt.

Bei 6.019 (3,4 %) der übermittelten Influenza-A-Virus-Infektionen des Jahres 2024 war der Subtyp bekannt. Davon

wurden 5.805 Fälle dem Subtyp Influenza A(H1N1)pdm09 (96,4 %) und 164 Fälle dem Subtyp Influenza A(H3N2) zugeordnet (2,7 %). Der Altersmedian bei Fällen, bei denen der Subtyp nachgewiesen wurde, lag im Jahr 2024 bei 30 Jahren für Influenza A(H1N1)pdm09, bei 25 Jahren für Fälle mit Influenza A(H3N2) und 18 Jahren für Influenza B.

Laut Sentinel der virologischen Surveillance für den ambulanten Bereich (ARE-Praxis-Sentinel) wurde die Influenzawelle der Saison 2023/24, welche in Kalenderwoche (KW) 50/2023 startete und in KW 12/2024 endete, durch Influenza A(H1N1)pdm09 dominiert. Dieser schloss sich eine schwache Influenza-B-dominierte Welle an. Für die weitere Welle, beginnend ab KW 51 im Jahr 2024 (Saison 2024/25), wurde erneut Influenza A(H1N1)pdm09 als dominierender Subtyp berichtet mit einem auch frühzeitig hohen Anteil an Influenza B.

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 2.112 Influenzaausbrüche mit insgesamt 10.589 (4,8 % aller Influenzafälle) zugehörigen Fällen übermittelt (zum Vergleich: 782 Ausbrüche mit 2.484 Fällen im Jahr 2023). Damit haben sowohl die Anzahl der übermittelten Ausbrüche als auch die Ausbruchsfälle im Vergleich zum Vorjahr deutlich zugenommen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (1.881, 89 %) fallen in den Zeitraum MW 1 bis 12, mit einem Höhepunkt in MW 5 (s. Abb. 6.32.5). Von den insgesamt 2.112 übermittelten Ausbrüche umfassten 553 Ausbrüche (26 %) 5 oder mehr Fälle.

Von den übermittelten Fällen, die einem Ausbruch zugeordnet wurden, war für 10.268 Fälle das Alter der Fallpersonen bekannt; die Altersspanne reichte von 0 bis 103 Jahre. Der Altersmedian lag bei 40 Jahren und somit etwas unter dem Altersmedian aller übermittelten Fälle (42 Jahre). Bei der Altersverteilung der Ausbruchsfälle im Jahr 2024 zeigten sich zwei Altersgipfel. Der deutlichste Peak lag im Alter von 4 Jahren, mit 537 übermittelten Fällen (Zum Vergleich: Im Jahr 2023 lag der höchste Altersgipfel mit 135 Fällen ebenfalls bei Kindern im Alter von 4 Jahren). Ein zweiter Altersgipfel war bei Personen im Alter von 83 Jahren zu beobachten (Vorjahr: 88 Jahre).

Es fielen 35 % der übermittelten Ausbruchsfälle (3.739 Fälle) auf die Altersgruppe 0 bis 14 Jahre. Diese Fälle wurden überwiegend Ausbrüchen in Kitas und Schulen zugeordnet. Ursächlich hierfür könnte die große Anzahl von Infektionen bei Kindern sein, die zum ersten Mal mit Influenzaviren in Kontakt kommen und aufgrund fehlender Immunität besonders anfällig für Erkrankungen sind.

Auch in Einrichtungen für ältere Menschen wurden Influenzaausbrüche identifiziert. Insgesamt entfielen 2.543 (25 %) der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle auf Personen über 69 Jahre. Davon wurden 1.587 (75 %) hospitalisiert (422 Fälle ohne entsprechende Angaben) und 91 (3,6 %) verstarben. Damit liegt der Anteil der Todesfälle unter den Ausbruchsfällen bei Personen über 69 Jahre deutlich über dem Anteil der Todesfälle an allen Fällen (0,5 %).

### Datenqualität

Da die Meldepflicht von Influenzainfektionen an den labor diagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippewelle aber rein klinisch diagnostiziert werden, liegt eine erhebliche Unterfassung von Influenza im Meldesystem vor – insbesondere für Fälle im ambulanten Bereich. Die dargestellten Daten werden zusätzlich davon beeinflusst, wie viele Ärztinnen und Ärzte sich im Rahmen ihrer Mitarbeit im Rahmen von Sentinel-Erfassungen auf Bundesebene oder bei Initiativen der Bundesländer an labor diagnostisch unterstützten Surveillanceaktivitäten 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 daher 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 lokal abweichen lassen. Zudem 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 labor diagnostisch bestätigten Fälle unabhängig vom klinischen Bild erweitert, sodass sich Unterschiede in den Fallzahlen zum Teil dadurch erklären lassen.

Für die Bewertung der Krankheitslast und eine geografische Auswertung sind die Daten, die im Rahmen der Sentinelsurveillance im ambulanten Bereich auf Bundesebene (ARE-Praxis-Sentinel) erhoben werden, besser geeignet. Das Meldesystem gibt hingegen den zeitlichen Verlauf der jeweiligen Erkrankungswellen und die Betroffenheit der einzelnen Altersgruppen durch Influenza gut wieder. Zusätzlich werden Informationen zu Ausbrüchen und Todesfällen im Meldesystem zeitnah erfasst.

### Fazit

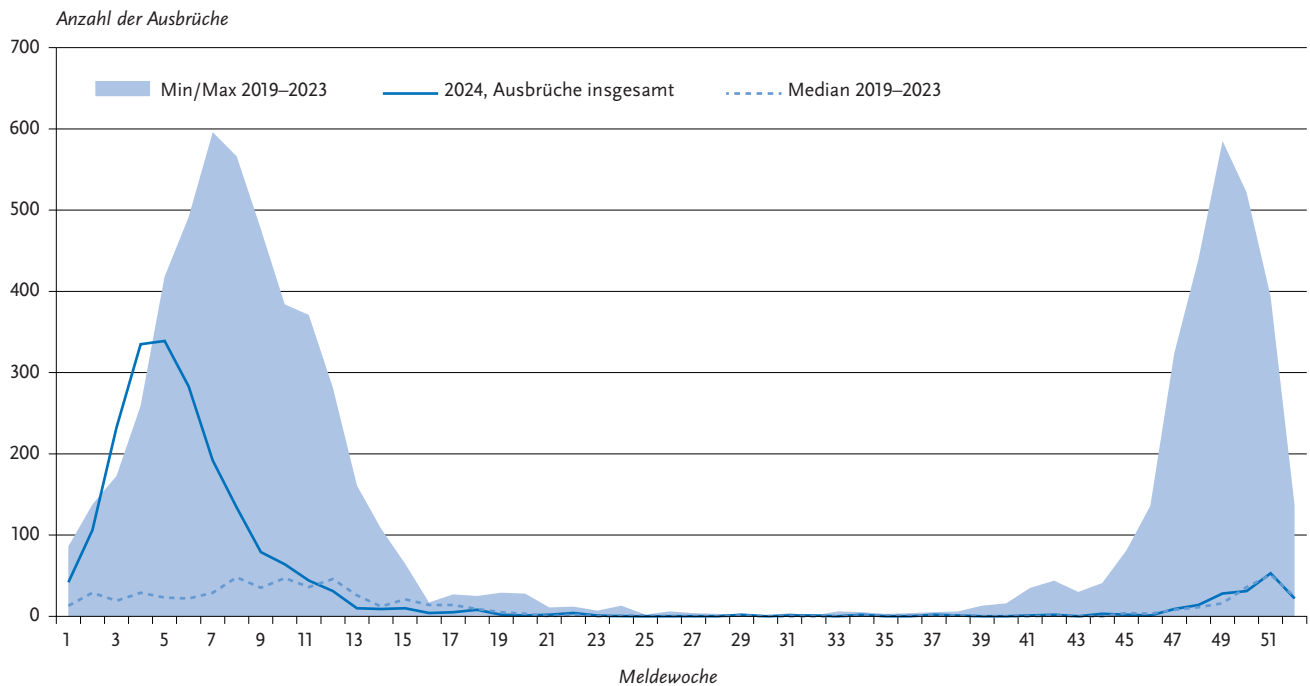
Nach dem weitgehenden Ausbleiben von Influenzawellen im Jahr 2021 und einem auffälligen Schwankungsmuster in den Folgejahren stieg die Influenzaaktivität im Jahr 2024 erneut deutlich an. Im Gegensatz zum Vorjahr (2023), das eine vergleichsweise geringe Influenzaaktivität aufwies, zeigte sich 2024 wieder eine erhöhte Zirkulation – ähnlich wie im Jahr 2022 und in vorpandemischen Jahren. Vergleichbare Schwankungsmuster wurden auch in anderen europäischen Staaten beobachtet.

Die übermittelten Influenzafälle sowie die Daten aus dem ARE-Praxis-Sentinel verzeichnen in der Saison 2023/24 eine ausgeprägte Influenza-A(H1N1)pdm09-Welle, die von KW 50/2023 bis KW 12/2024 andauerte. Es wurden neben Influenza-A-Viren auch Influenza-B-Viren nachgewiesen, sodass die Winterwelle nach anfänglicher Dominanz von Influenza A(H1N1)pdm09 fließend in eine schwache Influenza-B/Victoria-Welle überging. Zum Jahresende 2024 zeichnete sich der Beginn der Grippewelle der Saison 2024/25 ab, die sich bis ins Jahr 2025 fortsetzte.

Der Erkrankungsgipfel lag im Jahr 2024 bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter von 0 bis 4 Jahren. Über die Gesamtbevölkerung hinweg lagen die Inzidenzen in allen Altersgruppen mit Blick auf Männer und Frauen auf einem ähnlichen Niveau. Zu Ausbruchsgeschehen können 4,8 % aller Fälle zugeordnet werden.

Im Vergleich zum Vorjahr wurde ein leicht höherer Anteil an Hospitalisierungen unter den übermittelten Influenzaerkrankungen verzeichnet (35 % in 2024 vs. 33 % in 2023). 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. Es wurden 1.155 Todesfälle gemäß Referenzdefinition im Jahr 2024 übermittelt. Der Altersmedian der Sterbefälle, bei denen angegeben wurde, dass die Influenzainfektion ursächlich zum Tod beigetragen hat, betrug 81 Jahre.

**Abb. 6.32.5:**  
Anzahl der übermittelten Influenzaausbrüche nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 2.112 Ausbrüche)



## Literaturhinweise

ECDC: *The European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVISS)*. 2024. Abrufbar unter: <https://erviss.org/>.

RKI: *Dashboard zur aktuellen Situation akuter respiratorischer Erkrankungen in Deutschland*. 2025. Abrufbar unter: <https://public.data.rki.de/t/public/views/ARE-Dashboard/Ueberblick>

RKI: *Empfehlungen zur Impfstoffkomposition für die nördliche Hemisphäre in der Influenzasaison 2025/26*. 2025. Abrufbar unter: [https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Nationale-Referenzzentren-und-Konsiliarlabore/Influenza/zirkulierende/Impfstoffzusammensetzung\\_2025\\_26.html](https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Nationale-Referenzzentren-und-Konsiliarlabore/Influenza/zirkulierende/Impfstoffzusammensetzung_2025_26.html)

RKI: *RKI-Ratgeber Influenza (Teil 1): Erkrankungen durch saisonale Influenzaviren*. 2025. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

RKI: *ARE Berichte*. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Akute-respiratorische-Erkrankungen/ARE-Bericht/are-bericht-node.html>

STIKO und Schlaberg J, Harder T, Brockmann S, Buda S, Dürrwald R, et al.: *Beschluss der STIKO zur Erweiterung der Indikations und beruflichen Indikationsempfehlung für die saisonale Influenza-Impfung*. *Epid Bull* 2025; 29. <https://doi.org/10.25646/13291>

STIKO und Schlaberg J, Buda S, Dürrwald R, Kwetkat A, Müller B, et al.: *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° 535*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.who.int/publications/m/item/influenza-update-n--535>

WHO: *Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024 southern hemisphere influenza season*. 2024. Abrufbar unter: <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 2024-2025 northern hemisphere influenza season*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2024-2025-northern-hemisphere-influenza-season>

## Zoonotische Influenza

### Kurzbeschreibung

Die bislang einzigen Influenzaviren, für die ein zoonotisches Potential anerkannt wird, sind Influenza-A-Viren. In Tieren zirkulieren spezies-spezifische Influenza-A-Viren weltweit in Populationen von Vögeln, Schweinen und Pferden, wobei (Wasser-)Vögel das Hauptreservoir bilden. Speziesübergreifende Transmissionsereignisse ohne weitere Verbreitung über den infizierten Wirt hinaus (Spill-over) werden v. a. für wildlebende, fleischfressende Säugetiere wie z. B. Füchse berichtet. Weltweit sind bisher humane symptomatische Infektionen meist durch Virusübertragungen von Vögeln und Schweinen auf den Menschen bekannt geworden. Seit dem Jahr 2024 wurden erstmals auch Übertragungen von Milchkühen auf den Menschen, via Produkte und Ausscheidungen, berichtet. Bei zoonotischen Infektionen besteht potenziell die Gefahr, dass sich diese für das humane Immunsystem in der Regel unbekanntes 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) und A(H9N2) ist im Jahr 2024 auch ein humaner Fall in China mit einer Koinfektion von humaner saisonaler Influenza A(H3N2) und aviärer Influenza A(H10N5) identifiziert worden. Die betroffene Person hatte Kontakt zu mit H10N5 infiziertem Geflügel. Außerdem gab es einen tödlichen Fall von A(H5N2) in Mexiko bei einem 59-jährigen Mann mit starken Vorerkrankungen. Hierbei handelte es sich um den weltweit ersten Fall von A(H5N2) in einem Menschen und den ersten Fall einer A(H5)-Infektion bei einem Menschen in Mexiko. Im selben als auch angrenzenden Bundesstaaten gab es im Monat vor der Fallmeldung A(H5N2)-Ausbrüche in Geflügel und genomische Analysen bestätigten die 99%-ige Übereinstimmung der Proben dieser Ausbrüche zu dem menschlichen Fall. Allerdings konnte die konkrete Expositionquelle nicht abschließend geklärt werden (Stand Juli 2025). Der Mann war aufgrund seines schlechten Gesundheitszustandes die letzten drei Wochen vor Beginn der (A)H5N2-assoziierten Symptome bettlägerig gewesen und war nicht in direkten Kontakt zu Vögeln oder Geflügel(haltungen) gekommen. Zuletzt gab es einen Einzelfall von A(H10N3) bei einem Mann aus China mit schwerem Verlauf. Alle drei dieser Subtypen werden im Kontext der Krankheitsverläufe, die sie bei Vögeln hervorrufen, als niedrigpathogen („low path“) eingestuft.

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 Jahr 2024 wurden erstmals Influenza-A-Viren bei Milchkühen in den USA nachgewiesen, die höchstwahrscheinlich im Rahmen der Melkvorgänge auch auf Menschen übertragen wurden. Im Laufe des Jahres wurden insgesamt 67 zoonotische Übertragungen auf Menschen in den USA berichtet, von denen für die meisten ein Zusammenhang mit Ausbrüchen unter Milchkühen oder Geflügelfarmen ermittelt wurde. Für zwei der Fälle (ein Kleinkind und ein erwachsener Mann) konnten bisher keine Expositionen ermittelt werden. Die meisten dieser humanen Infektionen verliefen mild, mit häufigen Berichten über Konjunktivitis und grippeähnlichen Symptomen. Eine männliche Person mit Vorerkrankungen infizierte sich im Rahmen eines Geflügelausbruchs und verstarb. Eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde bisher nicht beobachtet.

Im November 2024 wurde in Kanada eine jugendliche Person mit einer Influenza-A(H5N1)-Infektion und schwerem Krankheitsverlauf hospitalisiert. Eine klare Exposition konnte nicht ermittelt werden. Ein Zusammenhang mit der Zirkulation unter dort lebenden Wildvögeln wird vermutet.

Finnland berichtete seit Sommer 2023 bis Sommer 2024 über Ausbrüche in Pelztierfarmen. In der Folge wurden in Finnland weitere Biosicherheitsbestimmungen auf den Farmen und eine Impfung gegen A(H5) für das Personal auf den Farmen empfohlen. Damit war Finnland das erste Land, in dem Personen gegen Influenza A(H5N1) geimpft wurden.

Übertragungen auf den Menschen blieben weiterhin ein seltenes Ereignis. Das Risiko für eine zoonotische Infektion mit aviärer Influenza wird weiterhin als niedrig für die Allgemeinbevölkerung und als gering bis moderat für beruflich exponierte Personen eingestuft. Zu Erkrankungen von Menschen kam es bisher vorwiegend durch engen, direkten Kontakt mit erkranktem oder totem Geflügel.

Im Jahr 2024 wurden weltweit insgesamt 81 humane Fälle mit A(H5N1) aus Australien (1), Kambodscha (10), Kanada (1), China (1), USA (67) und Vietnam (1) berichtet.

Laut WHO wurde seit dem Jahr 2003 bis Ende 2023 bei insgesamt 963 Personen aus 23 Ländern aviäre Influenza-A(H5N1) nachgewiesen, von denen 48 % (465) verstarben. In Europa wurden bislang keine humanen Fälle berichtet.

### Aviäre Influenza A(H5N6)

Seit dem Jahr 2014 wurden weltweit 93 humane Fälle mit einer Influenza-A(H5N6)-Virus-Infektion berichtet (92 in China, ein Fall in Laos), darunter 38 (41 %) Todesfälle (Datenstand 07.03.2025). 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 2024 wurden insgesamt 4 humane Influenza A(H5N6)-Fälle berichtet, diese stammten ausschließlich aus China, hierbei verliefen drei der vier Erkrankungen tödlich. Alle Personen hatten entweder Kontakt zu Geflügel in der eigenen Privathaltung oder auf Lebendgeflügelmärkten.

### Aviäre Influenza A(H9N2)

Aviäre Influenzaviren des Subtyps A(H9N2) haben in den letzten Jahren vereinzelt zu humanen Erkrankungen geführt, in den allermeisten Fällen bei Kindern in Asien. Die meisten Krankheitsverläufe waren mild und selbstlimitierend. Im Jahr 2024 gab es insgesamt 24 Meldungen von humanen Infektionen mit A(H9N2) aus Indien (1), Vietnam (1), Ghana (1) und China (21), darunter zwei Berichte von schweren Verläufen. Bei dem ersten dieser zwei Fälle handelte es sich um ein Kleinkind in Indien, bei dem zweiten handelte es sich um einen Mann in Vietnam mit Vorerkrankungen, der verstarb. Das Kind hatte Kontakt zu Geflügel in seinem häuslichen Umfeld. Der Mann in Vietnam hatte mehrere schwere Vorerkrankungen, die wahrscheinliche Exposition war ein Lebendgeflügelmarkt, der regelmäßig vor seinem Wohnhaus stattfand. Seit 1998 und bis zum 31.12.2024 sind insgesamt

151 Fälle bei Menschen gemeldet worden, die meisten davon stammten aus China.

### Porzine 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 porziner Influenza bei Menschen registriert, der Großteil davon seit 2005 in den USA. Viele der betroffenen Personen hatten Kontakt zu Schweinen.

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 7 Fälle mit porziner Influenza berichtet, davon 4 Fälle mit A(H1N1)v (je einer in Brasilien, Spanien, USA und Vietnam), 4 Fälle mit A(H1N2)v (USA) und 5 Fälle mit A(H3N2)v (einer davon in Kanada und 4 in den USA).

### 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 die Falldefinition zur Fallfindung, Meldung und Übermittlung aktualisiert und veröffentlicht.

Es wurden bisher und auch im Jahr 2024 keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza-A-Viren für Deutschland übermittelt. Im Jahr 2024 wurden auch keine humanen Fälle mit porziner 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

- CDC: *Avian Influenza A(H5N1) U.S. Situation Update and CDC Activities*. Stand 20.05.2025. Abrufbar unter: <https://www.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/index.html>
- CDC: *Confirmed Novel Influenza A Virus Infections*. 2025 Abrufbar unter: [https://gis.cdc.gov/grasp/fluview/Novel\\_Influenza.html](https://gis.cdc.gov/grasp/fluview/Novel_Influenza.html)
- ECDC: *Factsheet on swine influenza in humans and pigs*. 2023. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/swine-influenza/factsheet>
- ECDC: *Risk assessment H5 clade 2.3.4.4b viruses* Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/infectious-disease-topics/z-disease-list/avian-influenza/threats-and-outbreaks/risk-assessment-h5>
- EFSA, ECDC, EURL, Alexakis L, Buczkowski H, et al.: *Avian influenza overview December 2024–March 2025*. EFSA Journal. 2025;23(4). <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2025.9352>
- Friedrich-Löffler-Institut: *FAQ Hochpathogene Aviäre Influenza (HPAI, Geflügelpest, „Vogelgrippe“)*. 2024. Abrufbar unter: [https://www.openagr.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagr\\_derivate\\_00060753/FLI-Information-FAQ-Gefluegelpest-2024-08-02\\_bf.pdf](https://www.openagr.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagr_derivate_00060753/FLI-Information-FAQ-Gefluegelpest-2024-08-02_bf.pdf)
- Friedrich-Löffler-Institut: *Risikoeinschätzung zur Hochpathogenen Aviären Influenza H5 (HPAI H5) Klade 2.3.4.4b : Aktualisierung für den Januar auf Basis des Zeitraums 01.–31.12.2024*. 2025. Abrufbar unter: [https://www.openagr.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagr\\_derivate\\_00063604/FLI-Risikoeinschaetzung\\_HPAI\\_H5\\_2025-01-13.pdf](https://www.openagr.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagr_derivate_00063604/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAI_H5_2025-01-13.pdf)
- RKI: *Zoonotische Influenza*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/Z/ZoonotischeInfluenza/ZoonotischeInfluenza.html>
- WHO: *Summary and risk assessment issues published between February 2024 and January 2025*. Abrufbar unter: <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, 1 November 2024*. 2024 Abrufbar unter: [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)

### 6.33 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 25.255
- ▶ Fallzahlen auf das 7-Fache des Vorjahres gestiegen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen
- ▶ Erkrankungen vorwiegend durch *B. pertussis* (98 %)
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung
- ▶ 67 % der Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ 6 Todesfälle aufgrund *B. pertussis*: davon 4 Säuglinge ohne Impfschutz

#### 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 (kollabierte oder nicht belüftete Lungenabschnitte), 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 55.501 im Jahr 2024 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten nur 25.255 (46 %) die Referenzdefinition, da bei den restlichen Fällen Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren (Vorjahr: 38 %). Die

nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 25.255 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.33.1).

#### Zeitlicher Verlauf

Der auf die niedrigen Fallzahlen während der COVID-19-Pandemie folgende Anstieg der Fallzahlen setzte sich im Jahr 2024 weiter fort. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen auf mehr als das 7-fache stark zu (2023: 3.433), und übertraf damit deutlich die jährlichen Fallzahlen, wie sie vor der COVID-19-Pandemie beobachtet wurden. Keuchhusten trat in den vergangenen Jahren ohne erkennbare Saisonalität im gesamten Jahresverlauf auf. Für das Jahr 2024 konnte ein erhöhtes Niveau an Fällen in den Sommermonaten beobachtet werden (s. Abb. 6.33.1).

#### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 29,8 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (im Vorjahr 4,1 Erkr./100.000 Einw.). Die höchsten Inzidenzen wurden wie im Vorjahr in Thüringen (71 Erkr./100.000 Einw.), Brandenburg (54 Erkr./100.000 Einw.) und Sachsen-Anhalt (51 Erkr./100.000 Einw.) beobachtet (s. Abb. 6.33.2). In allen Bundesländern lag die Inzidenz 2024 um ein Mehrfaches höher als der jeweilige Median der jährlichen Inzidenz der 5 Vorjahre. Zu bedenken ist jedoch, dass im Zuge der COVID-19-Pandemie in den Jahren 2020-2023 ungewöhnlich wenige Fälle beobachtet wurden.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 14.725 von 25.255 Erkrankungen (58 %) vor. Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (96 % der 14.888 Nennungen).

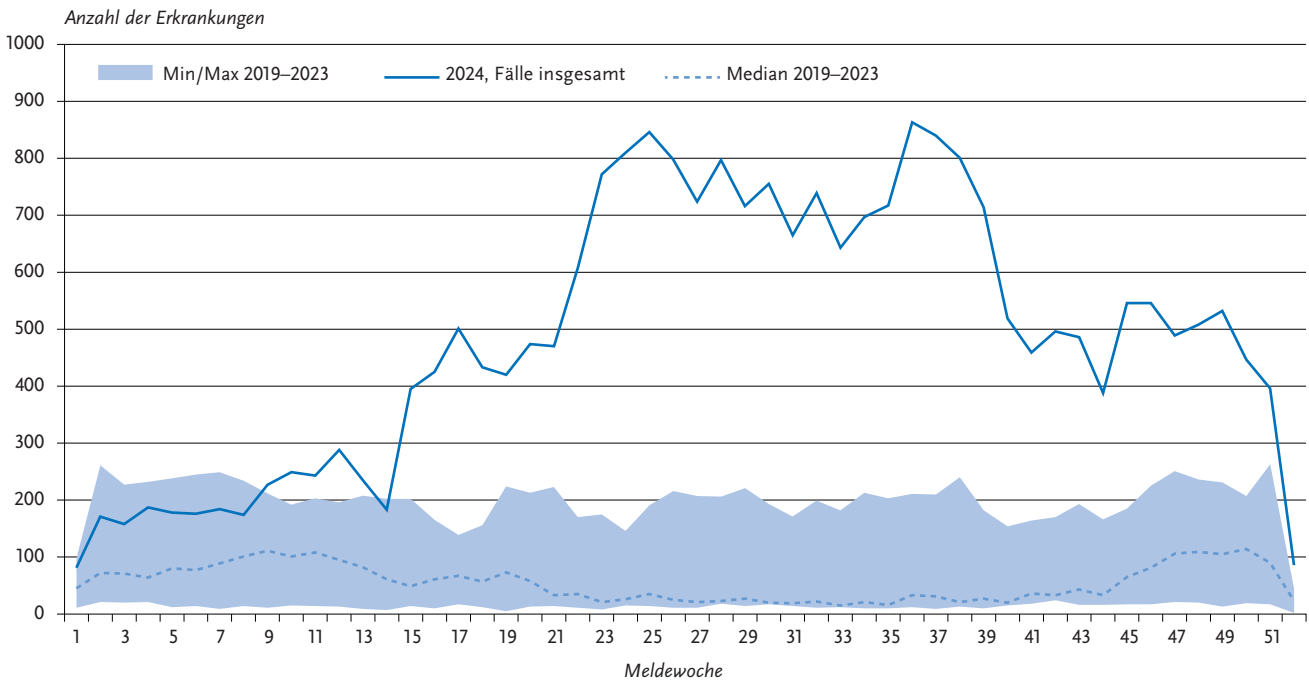
#### Demografische Verteilung

Säuglinge unter 1 Jahr waren mit einer Inzidenz von 151 Erkr./100.000 Einw. wie in den Vorjahren am stärksten von Keuchhusten betroffen. Es folgten Kinder und Jugendliche bzw. junge Erwachsene in den Altersgruppen 10 bis 14 Jahre (117 Erkr./100.000 Einw.) sowie 15 bis 19 Jahre (104 Erkr./100.000 Einw.). Die Inzidenzen bei Erwachsenen (≥ 20 Jahre) waren in allen Altersgruppen deutlich niedriger als bei Kleinkindern, Kindern und Jugendlichen. Insgesamt

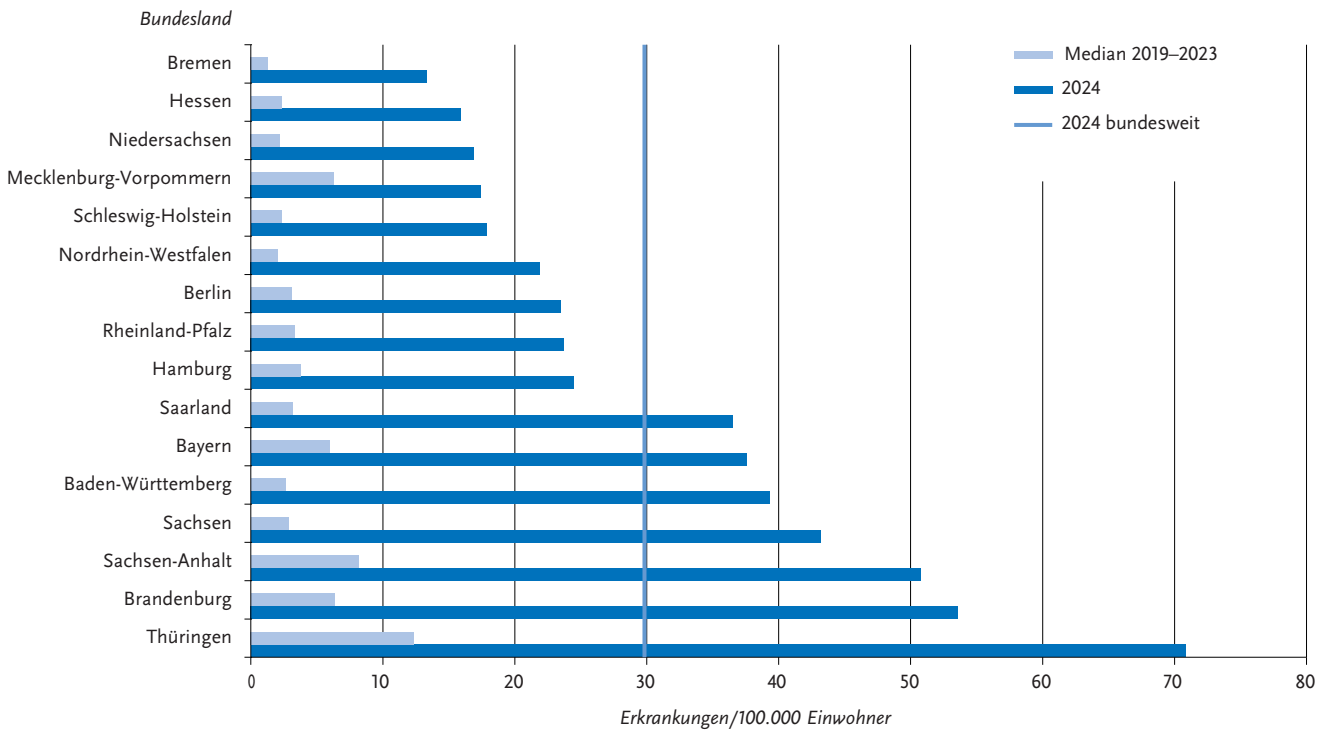
Tab. 6.33.1: Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	74	1 %	716	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.359	37 %	24.539	44 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4.295	48 %	22.832	41 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.244	14 %	7.414	13 %
alle	8.972	100 %	55.501	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>3.433</b>	<b>38 %</b>	<b>25.255</b>	<b>46 %</b>

**Abb. 6.33.1:** Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 25.255) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.33.2:** Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n= 25.255) im Vergleich zu den Vorjahren



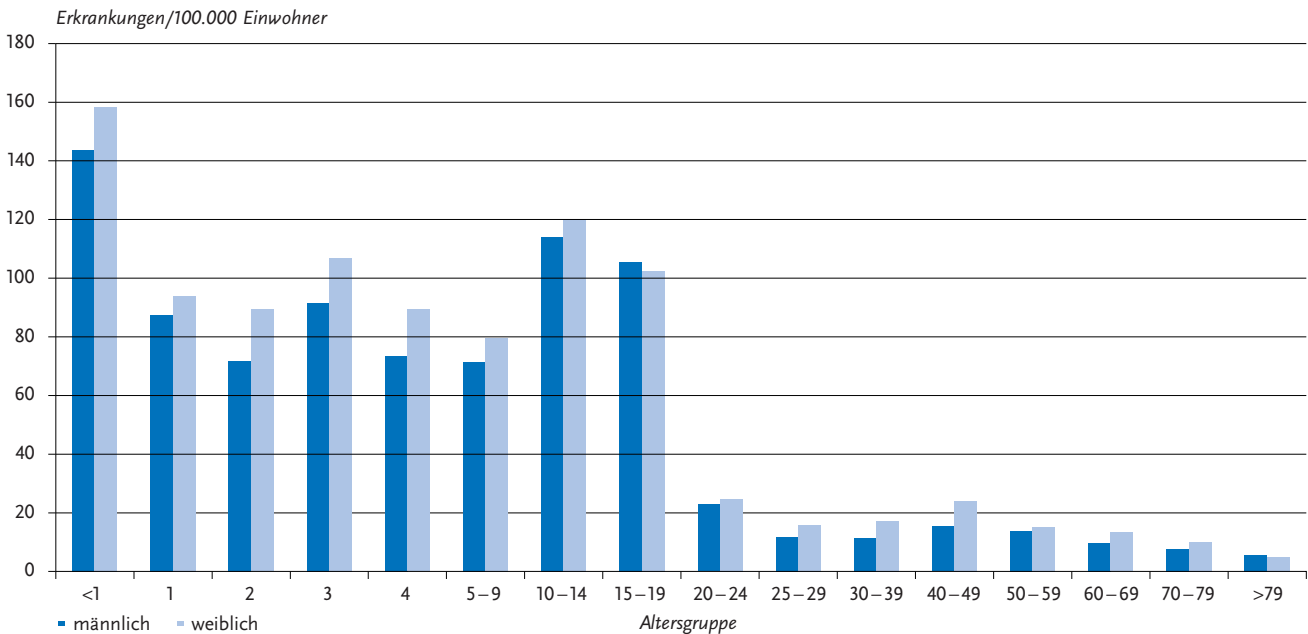
lag die Inzidenz bei Erwachsenen  $\geq 20$  Jahren zwischen 5,1 bis 24 Erkr./100.000 Einwohnerinnen und Einwohner.

Die Inzidenz bei Mädchen und Frauen lag mit 31 Erkr./100.000 Einw. etwas höher als bei Jungen und Männern (29 Erkr./100.000 Einw.). Nur bei Personen im Alter von 15 bis 19 Jahren sowie über 79-Jährigen waren männliche Personen etwas stärker betroffen (s. Abb. 6.33.3).

**Klinische Aspekte**

Für 21.158 Erkrankte (84 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 1.254 (6 %) im Zusammenhang mit ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei Säuglingen mit 49 % (499 von 1.011) am höchsten, gefolgt von 1-Jährigen mit 12 % (67 von 581), Personen im Alter von 80 Jahren und älter mit 12 % (32 von

**Abb. 6.33.3:**  
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 25.255)



278), und 70- bis 79-Jährigen mit 8 % (49 von 588). Apnoen wurden bei 202 (19 %) der 1.044 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Unter den 25.520 Fällen mit Angaben hierzu wurden 6 Todesfälle aufgrund von Keuchhusten übermittelt: 4 ungeimpfte Säuglinge unter 1 Jahr, ein nicht altersgerecht geimpftes Kind mit schweren Vorerkrankungen und eine Person  $\geq 70$  Jahre mit schweren Vorerkrankungen und altersentsprechendem Impfstatus. Damit ist die Letalität zwar mit dem Vorjahr vergleichbar (0,2 %; 2023: 1 von 3.430 bzw. 0,3 ‰), bedeutet jedoch die höchste Todesfallzahl seit langem (Mittelwert der jährlichen Todesfälle 2014-2023: 0,4).

**Impfstatus**

Die STIKO empfiehlt eine Grundimmunisierung gegen Keuchhusten bestehend aus 3 Impfstoffdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) für alle reifgeborenen Kinder im Alter von 2, 4 und 11 Monaten (sogenanntes 2 + 1-Impfschema). Für Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene) gilt ein 3 + 1-Impfschema (4 Impfstoffdosen im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten). Zudem empfiehlt die STIKO Auffrischimpfungen im Vorschul-, im Jugendalter und einmalig für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung. Darüber hinaus wird Schwangeren eine Impfung in jeder Schwangerschaft empfohlen. Bei Personen im Alter von 6 Jahren und älter sollte ein niedrigdosierter azellulärer pertussishaltiger Impfstoff (ap) angewendet werden.

Die Bewertung, ob anhand der vorliegenden Angaben zum Impfstatus ein Immunschutz zu erwarten ist, basiert auf den Empfehlungen der STIKO sowie auf den Fachinfor-

mationen der verfügbaren Impfstoffe, die wiederum auf Studien zur Immunogenität und Impfeffektivität beruhen. Tab. 6.33.2 zeigt die Mindestanzahl erforderlicher Impfstoffdosen und die erwartete Dauer des Immunschutzes für verschiedene Altersgruppen, wobei der Impfschutz erst 3 Wochen nach der letzten Impfung als zuverlässig gewertet wurde. Aktuelle Daten deuten darauf hin, dass der Schutz nach der letzten Impfung bei einem Teil der Geimpften bereits vor der nächsten empfohlenen Auffrischimpfung nachlässt. Für diese Auswertung wird ein als ausreichend anzunehmender Impfschutz nach den Kriterien in Tabelle 6.33.2 definiert.

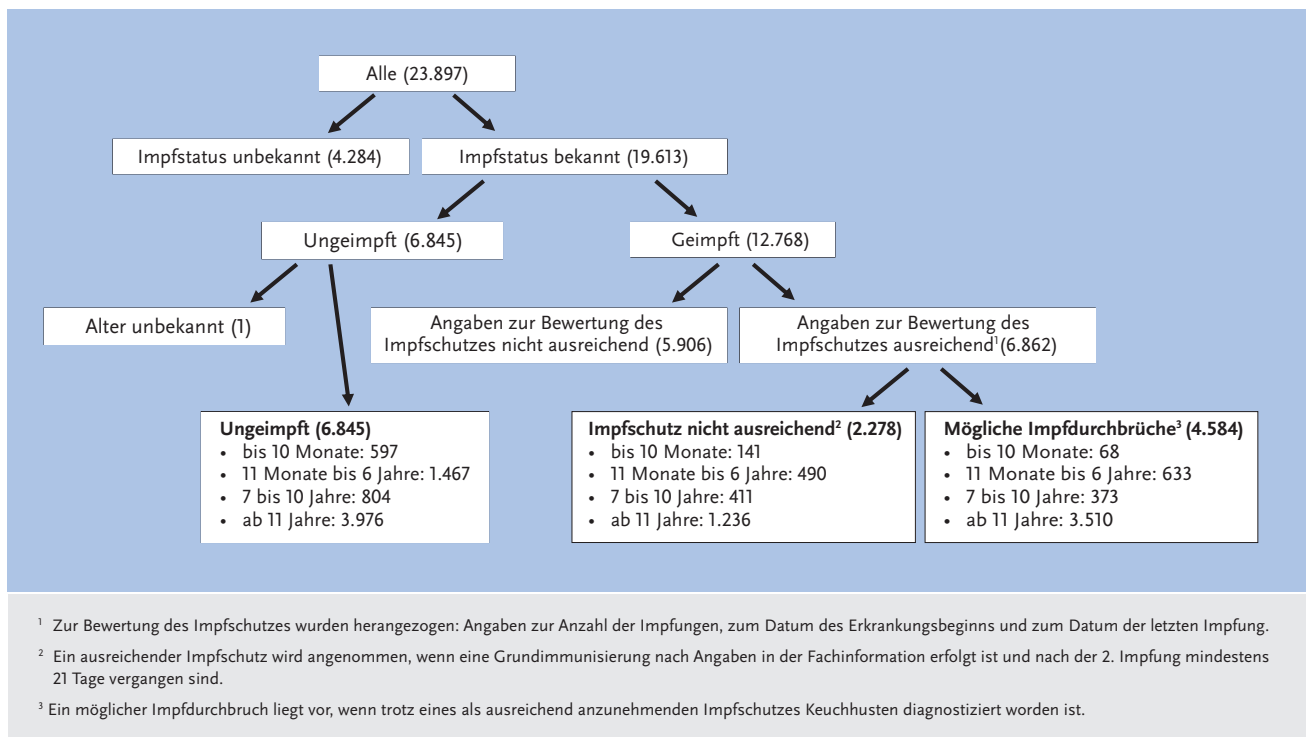
In die Bewertung der Impfdurchbrüche wurden nur Erkrankungen durch den impfpräventablen Erreger *B. pertussis* eingeschlossen (23.897 Erkrankungen): wenn eine Erregerangabe »*B. pertussis*« vorlag oder wenn die Erregerangabe fehlte, aber ein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern (spezifisch für *B. pertussis*) vorlag (s. Abb. 6.33.4). Von den eingeschlossenen Erkrankungen lag für 19.613 (82 %) Erkrankungen eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 6.845 (35 %) Erkrankte nicht geimpft und 12.768 (65 %) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Erkrankten waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl der Impfstoffdosen, das Datum der letzten Impfung oder das Datum des Erkrankungsbeginns bei 5.906 (46 %) unvollständig oder unplausibel, sodass der Impfstatus nur von 6.862 (54 %) der geimpften Erkrankten bewertet werden konnte.

Zusammengenommen war der Impfstatus bei insgesamt 13.707 Erkrankten bewertbar (6.845 Erkrankte mit Altersangabe und der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 6.862 Erkrankte mit bewertbaren Angaben zu

**Tab. 6.33.2:**  
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. 6.33.4:**  
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen durch *B. pertussis* nach Impfstatus, Deutschland, 2024 (n = 23.897)



Impfungen). Von diesen 13.707 Fällen hatten 4.584 (33 %) einen als ausreichend anzunehmenden Impfschutz; bei diesen Personen ist ein möglicher Impfdurchbruch anzunehmen (s. Abb. 6.33.4). Nicht ausreichend geimpft bzw. ungeimpft waren 2.278 bzw. 6.845 Fälle (17 % bzw. 50 %).

Die Impfung der werdenden Mutter in der Schwangerschaft soll das Neugeborene in den ersten Lebenswochen, in denen es noch nicht selbst geimpft werden kann, vor Keuchhusten schützen. Von 1.014 Säuglingen unter 1 Jahr, bei denen nicht *B. parapertussis* als Erreger angegeben war, lag für 708 eine Angabe zur mütterlichen Impfung vor. Demnach hatten 135 Mütter eine Pertussisimpfung in der Schwangerschaft erhalten, von diesen lag bei 91 eine Angabe zum Impfdatum vor, sodass bei 78 Fällen von einer mütterlichen Impfung in der Schwangerschaft ausgegangen werden kann. In 573 Fällen war keine mütterliche Pertussisimpfung in der Schwangerschaft erfolgt. Damit waren die Mütter von 12 % der 651 erkrankten Säuglinge in der Schwangerschaft gegen Pertussis geimpft.

### Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 24.064 (95 %) der 25.255 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 96 %). Davon waren 98 % *B. pertussis* (Vorjahr: 68 %) und 2 % *B. parapertussis* (Vorjahr: 34 %). Damit hat sich der ungewöhnlich hohe Anteil der durch *B. parapertussis* bedingten Erkrankungen der in den beiden Vorjahren beobachtet wurde, im Jahr 2024 nicht weiter fortgesetzt.

### Ausbrüche

Insgesamt wurden 3.151 der 25.255 (12 %) Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 1.048 Ausbrüchen übermittelt. 941 dieser Ausbrüche umfassten jeweils weniger als 5 Erkrankungen, bei 107 Ausbrüchen wurden 5 oder mehr Fälle pro Ausbruch übermittelt. Bei 96 Häufungen mit mindestens 5 Erkrankungen lag eine Angabe zum Umfeld vor: Diese traten überwiegend in Schulen (56 %), im privaten Haushalt (21 %) und Kindergärten/Horteinrichtungen (19 %) auf. Bei 902 Ausbrüchen mit jeweils weniger

als 5 Erkrankungen wurden Angaben zum Infektionsumfeld gemacht, diese betrafen vorwiegend Privathaushalte (66 %), Schulen (21 %) und Kindergärten/Horteinrichtungen (9 %).

### Datenqualität

Der Anteil von übermittelten Fällen, die die Kriterien für das klinische Bild und damit die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.33.1), ist mit 46 % (2023: 38 %) etwas höher als im Vorjahr, aber 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 13 % der Fälle ist zudem das klinische Bild nicht bekannt (2023: 14 %).

Die Angabe zum Erregernachweis fehlte bei 5 % aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; hier besteht weiterhin noch Verbesserungsbedarf.

Die Auswertungen zum Impfstatus unterliegen einigen wichtigen Limitationen. Bei 18 % der übermittelten Keuchhusten-Erkrankung durch *B. pertussis* fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 46 % 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. Auch bei Säuglingen werden die Angaben zur mütterlichen Impfung in der Schwangerschaft noch zu selten oder nicht vollständig übermittelt (in 64 % der Säuglingsfälle lagen ausreichende Angaben zur Beurteilung des mütterlichen Impfstatus vor).

Zusätzlich wurde bei 166 der 4.584 Fälle (3,6 %), 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 29,8 Erkr. pro 100.000 Einw. im Jahr 2024 hat die Keuchhusten-Inzidenz in Deutschland den höchsten Wert seit Einführung der bundesweiten Keuchhusten-Meldepflicht

im Jahr 2013 erreicht. Säuglinge (151 Erkr./100.000 Säuglinge) waren am stärksten betroffen und stellten mit 4 von insgesamt 6 die Mehrheit der krankheitsbedingten Todesfälle. Kinder in dieser Altersgruppe müssen zudem häufig hospitalisiert werden und haben ein hohes Risiko für Komplikationen.

Ein Großteil (41 %) der übermittelten Fälle waren 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.

Erkrankungen durch *B. pertussis* machten im Jahr 2024 mit 98 % die überwiegende Mehrheit aller Keuchhusten-Erkrankungen aus.

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 (33 %). Dies steht im Einklang mit Erkenntnissen zu einer relativ schnellen Abnahme der Impfeffektivität in den Jahren nach der Impfung. Dennoch war die Mehrzahl der Erkrankten – sofern die Angaben ausreichend waren – unzureichend oder gar nicht geimpft (67 %) 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>

RKI: *RKI-Ratgeber Keuchhusten (Pertussis)*. 2024. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

Schönfeld V, Heining U, Littmann M, Steinmetz I, Matysiak-Klose D: *Aktuelle Epidemiologie von Bordetella parapertussis-Infektionen in Deutschland*. Epid Bull. 2023(33). <https://doi.org/10.25646/11681>

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut 2025*. Epid Bull 2025; 4. <https://doi.org/10.25646/12971.4>

## 6.34 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **3.303**
- ▶ Zunahme der Inzidenz um 67 % im Vergleich zum Median der Jahre 2019 – 2023
- ▶ Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen (27 % der Nennungen) ist im Vergleich zum Vorjahr (32 %) gesunken
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen ein und 9 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-Jährigen
- ▶ 31 Ausbrüche mit 81 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. 6.34.1).

Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 gilt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) als labor-diagnostischer Nachweis einer Kryptosporidiose.

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 3.303 Kryptosporidiosen übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme um 24 %

gegenüber dem Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 3,9 Erkrankungen pro 100.000 Einw. und war damit um 67 % höher als der Median der 5 Vorjahre (2,3).

Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2024 trat die höchste Anzahl von Erkrankungen im Zeitraum Mitte August bis Mitte November (33. bis 46. Meldewoche; n = 1.624) auf (s. Abb. 6.34.1).

### Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich (s. Abb. 6.34.2). Während Bremen (0,4 Erkr./100.000 Einw.), Schleswig-Holstein (1,3) und Baden-Württemberg (1,8) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (15,1), Sachsen (9,1) und Thüringen (7,4) 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 (+ 421 %), in Bayern (+ 329 %), Rheinland-Pfalz (+ 257 %), Thüringen (+ 214 %) und Sachsen (+ 133 %) verzeichnet. In Bremen lag die Inzidenz unter dem Median der 5 Vorjahre (- 51 %). In 8 Bundesländern (Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Thüringen, Brandenburg, Berlin, Sachsen-Anhalt, Rheinland-Pfalz und Bayern) lag die Inzidenz im Jahr 2024 über der bundesweiten Inzidenz (3,9 Erkr./100.000 Einw.).

Bei 2.074 Erkrankungen (63 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 2.133 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 73 % der Nennungen auf Deutschland (1.562 Nennungen). Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren Italien (63), Türkei (59) und Spanien (35).

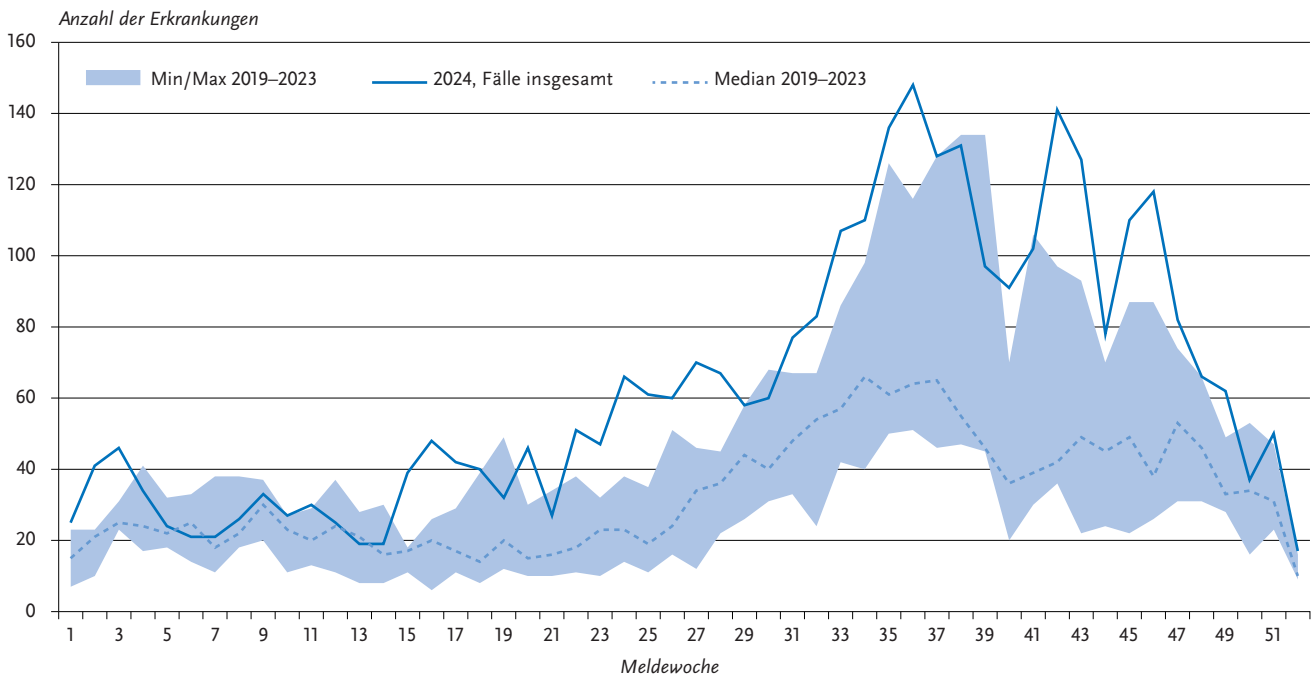
### Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern im Alter von ein bis 9 Jahren auf (s. Abb. 6.34.3). Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (10,6 bzw. 13,0 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 51 % der Erkrankten waren weiblich; dementsprechend war die Inzidenz bei weiblichen Personen höher als bei männlichen

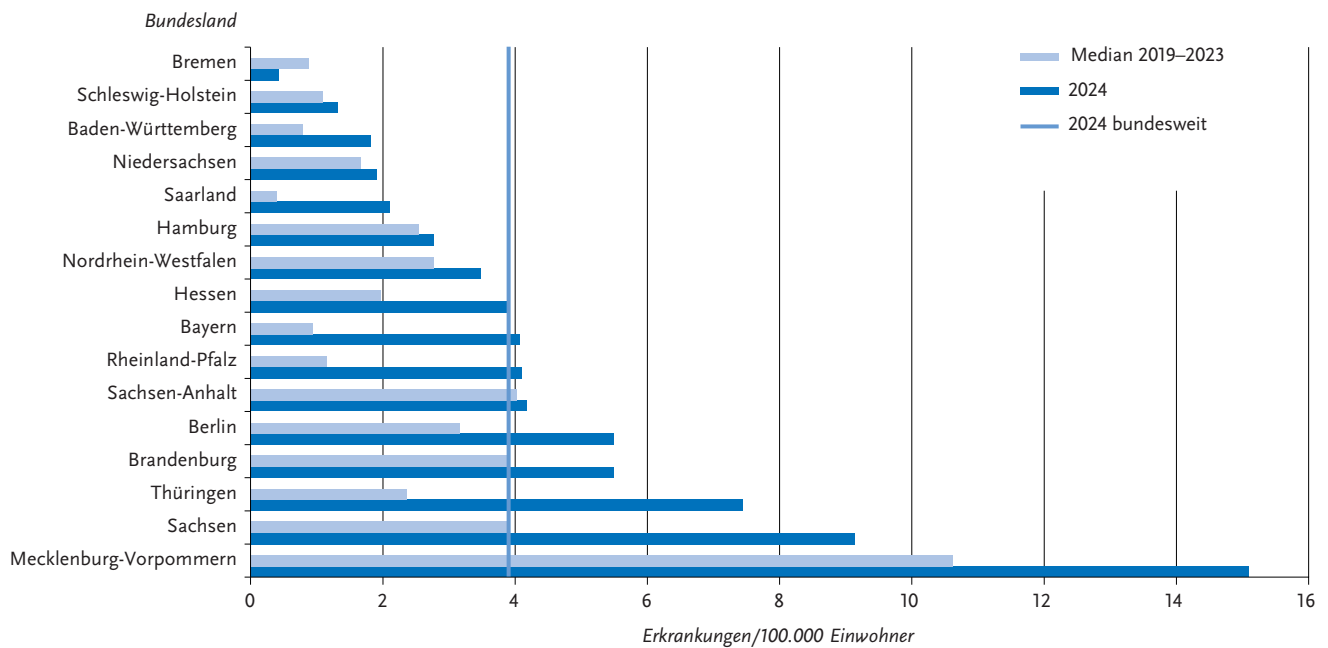
Tab. 6.34.1: Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	24	1 %	17	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.644	83 %	3.286	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	88	3 %	62	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	424	13 %	614	15 %
alle	3.180	100 %	3.979	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>2.668</b>	<b>84 %</b>	<b>3.303</b>	<b>83 %</b>

**Abb. 6.34.1:**  
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 3.303) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.34.2:**  
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 3.303) im Vergleich mit den Vorjahren



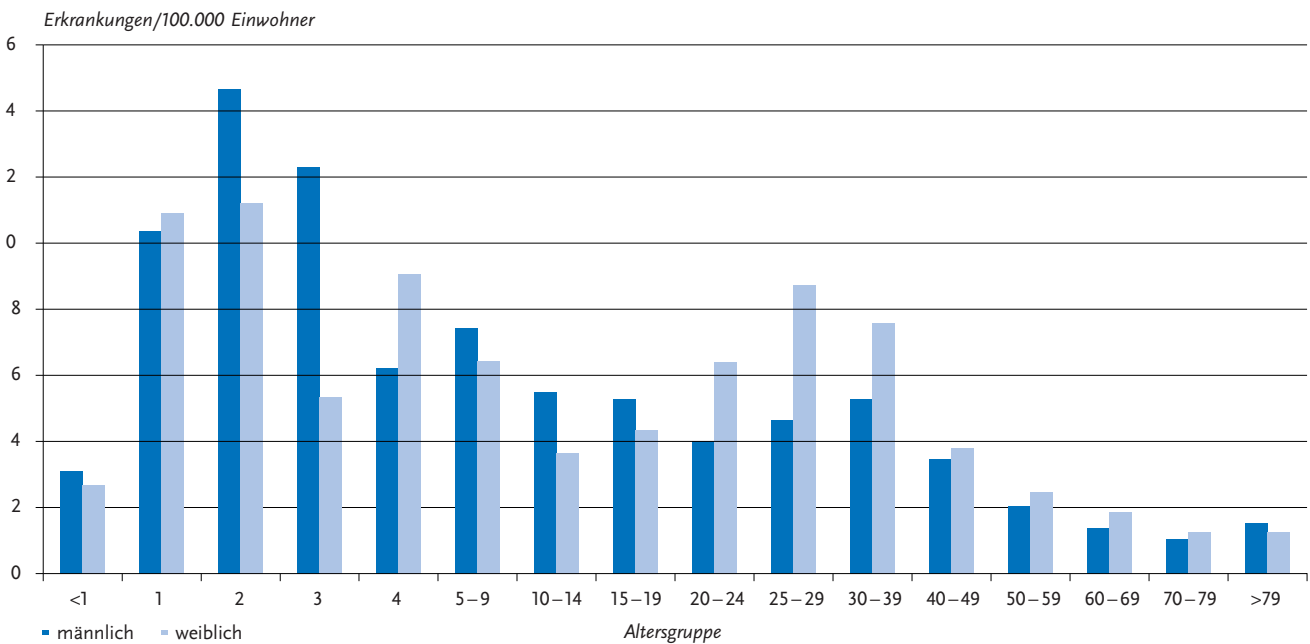
(4,1 bzw. 3,7). Außer bei den Ein- und 4-Jährigen war die Inzidenz bei Jungen unter 15 Jahren höher als bei Mädchen. In der Altersgruppe der 3-Jährigen war die Inzidenz bei den Jungen sogar mehr als doppelt so hoch wie bei den Mädchen (12,3 bzw. 5,4). In den älteren Altersgruppen, mit Ausnahme der Über-79-Jährigen, war die Inzidenz bei weiblichen Personen höher als bei männlichen. Bei den 25- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen (8,7) fast doppelt so hoch wie bei den Männern (4,7). In den Alters-

gruppen ab 40 Jahre sind die Inzidenzunterschiede zwischen Frauen und Männern gering.

**Klinische Aspekte**

Bei allen übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 94 % der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 75 % der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2024 wurde kein Kryptosporidiose-Fall als verstorben übermittelt.

**Abb. 6.34.3:**  
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 3.303)



### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 31 Ausbrüche mit insgesamt 81 Erkrankungen übermittelt (2023: 48 Ausbrüche mit 125 Erkrankungen). Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug knapp 2,5 %. Im Jahr 2024 wurde ein Ausbruch mit 5 Fällen übermittelt. Der Ausbruch ereignete sich in einem Privathaushalt. Vier Ausbrüche umfassten jeweils 4 Erkrankungen. Einer dieser Ausbrüche war mit einer Auslandsreise assoziiert. Zwei der Ausbrüche standen mit Ausflügen von Kindergruppen zu Milchviehbetrieben in Zusammenhang, bei denen die Kinder Kontakt mit Kälbern hatten. Bei einem Ausbruch wurde eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung als wahrscheinlich angesehen. Die übrigen 26 Ausbrüche wurden mit jeweils 3 Erkrankungen (8 Ausbrüche) oder 2 Erkrankungen (18 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 2024 könnte mit der Zunahme der Anwendung von sogenannten

Multiplex-PCR-Panels in der Primärdiagnostik von gastrointestinalen Infektionen in Zusammenhang stehen.

### 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 2023 wurde sowohl im Vergleich zum Vorjahr als auch zum Median des vorpandemischen Vergleichszeitraum 2015–2019 eine deutliche Zunahme der Fallzahlen beobachtet, die sich im Jahr 2024 weiter fortgesetzt hat. Die Zahl der übermittelten Erkrankungen war im Jahr 2024 (3.303) deutlich höher als in den vorpandemischen Jahren (Median: 1.810). Der Anteil der reiseassoziierten Erkrankungen ist im Jahr 2024 im Vergleich zum Vorjahr leicht gesunken.

### 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, Röhl 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 Kryptosporidiose*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.35 Läuserückfallfieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 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 2024 wurden keine Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt. Im Jahr 2016 waren es 5 Erkrankungen, im Jahr 2015 45; 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 übermittelt.

### 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>

## 6.36 Legionellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 2.237
- ▶ Leichter Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr (2023: 2.160 Fälle)
- ▶ 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 (72%)
- ▶ Anteil reiseassoziierten Erkrankungen mit 20 % wieder auf dem Niveau vorpandemischer Jahre

### Kurzbeschreibung

Die Legionellose ist eine Atemwegserkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Legionella* hervorgerufen wird. Mit Virulenz assoziiert 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, Menschen mit chronischen Erkrankungen der Lunge bzw. des Herzens sowie ältere Menschen; besonders gefährdet sind rauchende Personen. Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerehaltiger Aerosole (generiert durch häusliche oder öffentliche Wassersysteme wie z. B. Duschen, Whirlpools oder durch industrielle Anlagen wie z. B. Verdunstungskühlanlagen). Ein weiterer – wenngleich seltener – Infektionsweg ist die (Mikro-)Aspiration von kontaminiertem Wasser, welches versehentlich in die Luftröhre gelangt. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen spielen in der Praxis keine Rolle. 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. 6.36.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit der Referenzdefinition, das Pontiac-Fieber nicht.

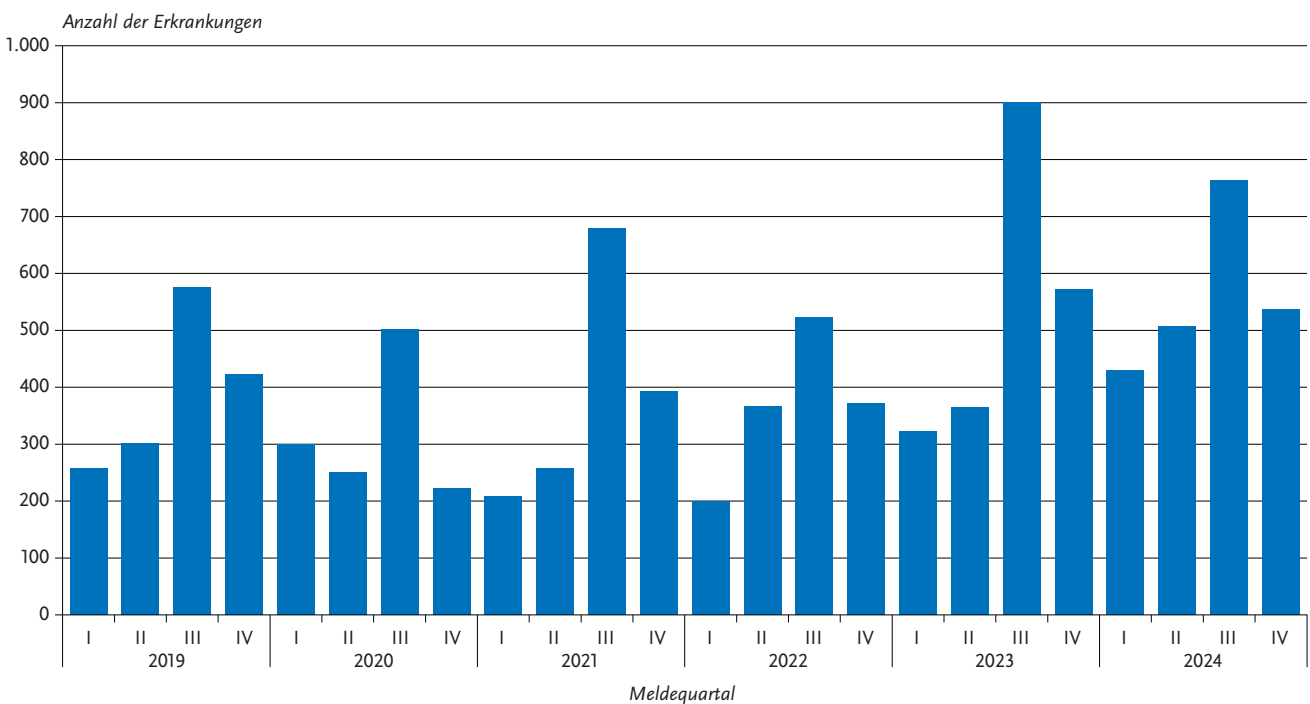
### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 2.237 Legionellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (2.160 Erkrankungen) wurden somit 77 Erkrankungen

**Tab. 6.36.1:**  
Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	3	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.158	83 %	2.234	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	296	11 %	387	14 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	132	5 %	121	4 %
alle	2.588	100 %	2.745	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>2.160</b>	<b>83 %</b>	<b>2.237</b>	<b>81 %</b>

**Abb. 6.36.1:**  
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



mehr registriert, was einer Erhöhung der Fallzahlen um knapp 4 % entspricht. Die Erkrankungszahlen sind in erster Linie auf im privaten/beruflichen Umfeld erworbene Fälle zurückzuführen. Aber auch die reiseassoziierten Fälle machen mit rund 20 % einen nennenswerten Anteil aus.

Wie in jedem Jahr weist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen einen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im III. Quartal auf (s. Abb. 6.36.1). Gegenüber dem vergangenen Jahr war der saisonale Höhepunkt im III. Quartal 2024 jedoch geringer ausgefallen.

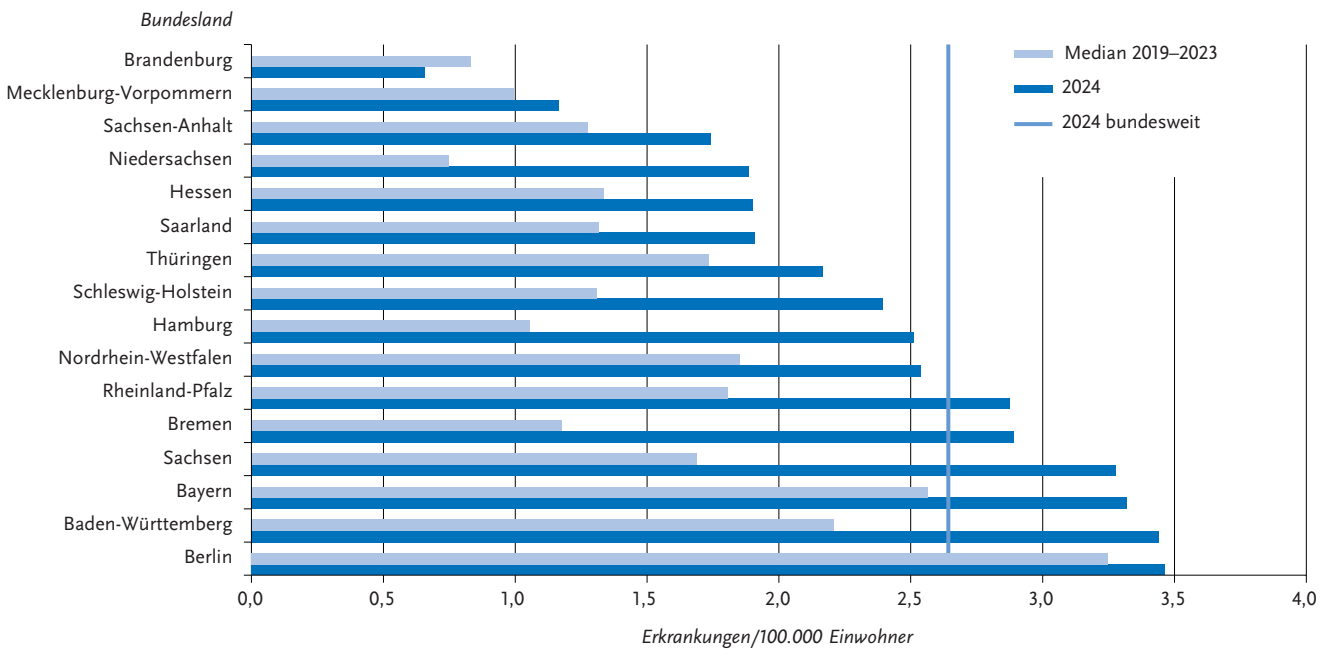
Die höheren Erkrankungszahlen in den Sommermonaten sind generell sowohl auf im privaten und beruflichen Umfeld erworbene als auch auf reiseassoziierte Legionellosen zurückzuführen. Bei ersteren spielen vermutlich höhere Wassertemperaturen sowie höhere Lufttemperaturen in Verbindung mit einem feuchten, niederschlagsreichen Klima eine Rolle, da diese Faktoren das Wachstum von

Legionellen in der Umwelt begünstigen. Bei reiseassoziierten Legionellosen sind dagegen eine vermehrte Reiseaktivität in 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 Einw. und ist damit gegenüber dem Vorjahr (Inzidenz ebenfalls 2,6) unverändert geblieben. Im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre ist die Inzidenz im Jahr 2024 – mit Ausnahme von Brandenburg – in allen Bundesländern zum Teil deutlich angestiegen. Die höchste Inzidenz wurde mit knapp 3,5 Erkr./100.000 Einw. in Berlin registriert (s. Abb. 6.36.2). Hohe Inzidenzen mit über 3 Erkr./100.000 Einw. wurden ferner aus den Bundesländern Baden-Württemberg (3,4), Bayern (3,3) und Sachsen (3,3) übermittelt.

**Abb. 6.36.2:**  
**Übermittelte Legionellose pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 2.237) im Vergleich mit den Vorjahren**



Vergleichsweise niedrige Inzidenzen wurden dagegen in Brandenburg (0,7) und in Mecklenburg-Vorpommern (1,2) registriert (s. Abb. 6.36.2).

Bei 1.584 (71 %) der 2.237 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland 75 % (1.311 von 1.752) der Nennungen entfielen. Das nach Deutschland mit Abstand am häufigsten angegebene Land war – wie in den vergangenen Jahren – Italien mit insgesamt 110 Nennungen, gefolgt von Spanien mit 39 Nennungen (s. Tab. 6.36.2).

**Tab. 6.36.2:**  
**Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellose, Deutschland, 2024 (Mehrfachnennungen möglich, n = 1.584 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)**

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.311	75 %
Italien	110	6 %
Spanien	39	2 %
Türkei	31	2 %
Österreich	23	1 %
Vereinigte Arabische Emirate	20	1 %
Griechenland	19	1 %
Frankreich	17	1 %
Kroatien	15	1 %
Thailand	11	1 %
Andere	156	9 %
<b>Summe</b>	<b>1.752</b>	<b>100 %</b>

**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. 6.36.3). Der Altersmedian aller Erkrankten lag bei 66 Jahren. Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern doppelt so hoch wie bei Frauen (Inzidenz 3,6 vs. 1,7 Erkr./100.000 Einw.).

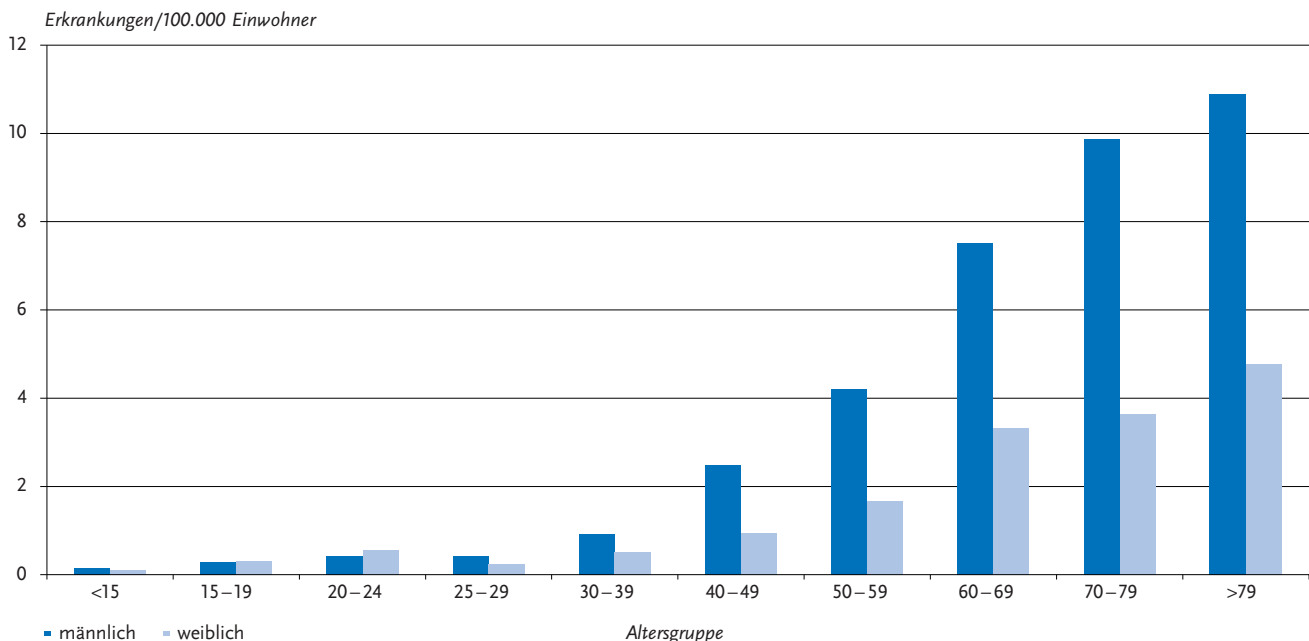
**Klinische Aspekte**

Von 2.237 übermittelten Erkrankungen mit Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 104 Patienten (70 Männer, 34 Frauen) an den Folgen der Legionärskrankheit. Dies entspricht einer Letalität von 4,6 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität somit gesunken (2023: Letalität 5,3 %; 115 Todesfälle unter 2.158 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

**Nachgewiesene Erreger**

Für 2.209 (99 %) der 2.237 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 410 (19 %) Erkrankungen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben (Vorjahr 16 %). Für 1.799 der 2.209 Erkrankungen (81 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon wurden 1.784 Erkrankungen (99 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet. Sechs Erkrankungen wurden von der Spezies *L. longbeachae* verursacht. Weitere Erkrankungen entfielen auf *L. micdadei* (2 Fälle), *L. anisa* und *L. dumoffi* (jeweils 1 Fall). Für 2 Erkran-

Abb. 6.36.3:  
Übermittelte Legionellose pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 2.237)



kungen wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt und in 3 weiteren Fällen wurde die allgemeine Angabe »andere/sonstige« übermittelt.

Von den 1.784 *L. pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 1.015 (57 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 978 Erkrankungen (96 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor: Die Serogruppe 2 wurde 5-mal, die Serogruppe 3 wurde 4-mal genannt. Die Serogruppen 5, 6, 7, 10 und 16 kamen jeweils einmal vor. Bei 22 Erkrankungen (2 %) wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (19 Fälle mit einem Serumpool inklusive Serogruppe 1 und 3 Fälle mit einem Serumpool exklusive Serogruppe 1). In einem Fall wurde lediglich die Angabe »*Legionella pneumophila*, andere Serogruppe« übermittelt.

Von den insgesamt 978 Fällen mit der Angabe *Legionella pneumophila* Serogruppe 1 wurden in 77 Fällen (8 %) auch weiterführende Ergebnisse zum vorliegenden MAb-Typ übermittelt: Mit 13 Fällen (17 %) wurde Knoxville am häufigsten registriert gefolgt von Allentown (10 Fälle; 13 %). Die MAb 3/1 positiven Typen Benidorm und Philadelphia wurden 6-mal (8 %) bzw. 5-mal (6 %) genannt und in 26 Fällen (34 %) lag nur die Angabe vor, dass der nachgewiesene Erreger MAb 3/1 positiv war jedoch ohne weitere Spezifizierung des konkreten MAb-Typen. MAb 3/1 negative Stämme wurden 8-mal (10 %) registriert: OLDA in 6 Fällen, Bellingham und Oxford mit jeweils einem Fall. In weiteren 9 Fällen (12 %) wurde nur die Angabe »andere/sonstige« übermittelt. Somit waren 60 (78 %) der 77 Fälle mit konkret benanntem MAb-Typ oder MAb-Subtyp mit einem MAb 3/1-positiven Stamm infiziert.

### Infektionsquellen

Von den insgesamt 2.237 Erkrankungen konnten 1.412 (63 %) anhand konkreter Angaben einer der möglichen Expositionskategorien (Krankenhaus oder andere medizinische Einrichtung; Pflegeeinrichtung; reiseassoziiert; privater/beruflicher Bereich), in deren Umfeld die Infektion möglicherweise erfolgt ist, zugeordnet werden. Für 825 (37 %) der 2.237 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 1.412 Fällen mit Angaben zur Expositionskategorie) weitere 773 Fälle (35 %) mit der expliziten Angabe »privates/berufliches Umfeld« übermittelt wurden, steht mit insgesamt 1.598 Fällen (72 %) die Exposition im privaten und beruflichen Umfeld an erster Stelle. An zweiter Stelle folgen reiseassoziierte Erkrankungen bei Personen, die sich im Zeitraum der wahrscheinlichen Infektion (Expositionsperiode) in einem Hotel oder einer ähnlichen Reiseunterkunft übernachtet hatten (456 Erkrankungen; 20 %). Bei 68 Erkrankungen (3 %) wurde ein Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben und bei 24 weiteren Erkrankten (1 %) der Aufenthalt in einer anderen medizinischen Einrichtung wie beispielsweise einer Reha- oder Kurklinik. Bei 75 Erkrankungen (3 %) lag ein Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung vor und in 16 Fällen (1 %) wurde zum möglichen Expositionsort die Angabe »andere/sonstige« übermittelt.

Mit 72 % ist der Anteil der Erkrankungen, die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, im Vergleich zum Vorjahr (74 %) weitgehend unverändert geblieben. Der Anteil der reiseassoziierten

Fälle, der sich während der COVID-19-Pandemie aufgrund der seinerzeit bestehenden Reisebeschränkungen praktisch halbiert hatte, liegt mit einem Anteil von 20 % (Vorjahr: 19 %) wieder auf dem Niveau vorpandemischer Jahre, wo der Anteil der reiseassoziierten Fälle jährlich bei etwa 20 % lag.

Der Anteil der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen liegt bei 3 % (68 Fälle) und ist damit gegenüber dem Vorjahr unverändert (3%; 61 Fälle), wengleich die absoluten Fallzahlen aktuell geringfügig höher sind. Gleiches gilt auch für Erkrankungen im Zusammenhang mit einem Aufenthalt in einer „anderen medizinischen Einrichtung“ – wie beispielsweise einer Reha-Klinik. Hier betrug der Anteil 1 % (24 Fälle; Vorjahr: 1%; 18 Fälle).

Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung wurden in 3,0 % der Fälle registriert. Der Anteil und auch die absoluten Fallzahlen sind damit im Vergleich zum Vorjahr (2 %) geringfügig höher (75 vs. 44 Fälle).

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurde dem RKI eine größere Häufung mit insgesamt 23 Fällen, von denen 19 klinisch-labordiagnostisch bestätigt waren, übermittelt. Es handelte es sich dabei um ein überregionales Geschehen aus 3 verschiedenen Landkreisen in Bayern und Baden-Württemberg, bei denen der Besuch in einer ambulanten Einrichtung zur medizinischen Fußpflege als gemeinsame Exposition der Erkrankten ausgemacht werden konnte. Bei den weiteren Geschehen handelte es sich um überwiegend kleinere – meist reiseassoziierte – Cluster mit jeweils 2 bis 4 Erkrankungen. Bei einem Cluster mit 3 Fällen aus verschiedenen Landkreisen wurde als Ursache ein nosokomiales Geschehen in einem Krankenhaus vermutet. Ferner wurden zwei Fälle mit einem möglichen Zusammenhang im beruflichen Umfeld registriert. Und bei zwei weiteren Fällen wurde eine gemeinsame Exposition im Privathaushalt vermutet.

### Datenqualität

Auch wenn die registrierten Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr weiterhin 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. So wurde in einer länger zurückliegenden Studie des deutschen Kompetenznetzwerks für ambulant erworbene Pneumonien (CAP-NETZ) aus den Jahren 2002-2008 die jährliche Zahl der Fälle von Legionärskrankheit auf etwa 15.000 bis 30.000 geschätzt. Das klinische Bild allein lässt keine Rückschlüsse auf den ursächlichen Erreger einer Lungenentzündung zu, dieser kann nur durch eine ganz spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden, die aber vermutlich in der Praxis zu selten veranlasst wird. Daher werden wahrscheinlich viele Pneumonien nicht als Legionärskrankheit erkannt. Aber mit Blick auf die Anwendung von sog. Multiplex-PCR-Verfahren, mit denen ein ganzes Spektrum von Erregern –

u. A. auch Legionellen – in einem Ansatz nachgewiesen werden können und die zunehmend in diagnostischen Laboren Verwendung finden, bleibt abzuwarten, wie sich die Situation in Zukunft entwickeln wird.

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 auf den Nachweis von *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1 ausgerichtet sind. Kritisch ist in diesem Zusammenhang aktuell die Tatsache zu sehen, dass es seit 2024 von der Firma Diasorin einen neuen Urin-Antigen-Test gibt, welcher im Gegensatz zu den bisherigen Urin-Antigen-Tests auch bei weiteren Serogruppen von *Legionella pneumophila* sowie ferner beim Vorhandensein von *Legionella longbeachae* ein positives Ergebnis liefert – jedoch ohne die genaue Unterscheidung, um welche Spezies (*pneumophila* oder *longbeachae*) oder Serogruppe es sich handelt. Dies wird mittelfristig zu einem Informationsverlust bei der Angabe der genauen Erregerspezies führen und ist vermutlich auch der Grund für den in 2024 gestiegenen Anteil der Fälle, bei denen nur die Angabe *Legionella* spp. übermittelt wurde, die von 16 % im Vorjahr auf 19 % in 2024 angestiegen ist.

Die häufigere Verwendung anderer diagnostischer Verfahren, z. B. einer PCR auf das Genus *Legionella* aus Sputum oder anderen tiefen Atemwegsproben, könnte möglicherweise zu einem vielschichtigeren epidemiologischen Erregerprofil von Legionellen resultieren, wenn dies weitere Tests zur Differenzierung nach sich zieht.

Nur eingeschränkt aussagekräftig sind die Angaben zu Expositionen während der Inkubationszeit, die als mögliche Infektionsursachen in Frage kommen. Hier wurden 2024 lediglich in 63 % der Fälle konkrete Angaben gemacht. Im Vergleich zum Vorjahr (61 %) hat sich hier nur eine geringfügige Verbesserung ergeben.

Seit 2019 besteht die Möglichkeit, in der Meldesoftware auch Informationen zur Trinkwasserinstallation sowie Ergebnisse früherer und aktueller (anlassbezogener) Wasseruntersuchungen bzgl. vermuteter Infektionsquellen zu erfassen und zu übermitteln. Auch hier sollten nach Möglichkeit die Informationen vom Gesundheitsamt eingegeben und übermittelt werden, einschließlich der Angaben zum nachgewiesenen Erreger.

Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle bei gleichzeitig nicht erfülltem bzw. unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorien D und E) lag 2024 bei 19 % (508 Fälle) und ist damit gegenüber dem Vorjahr (17 %; 428 Fälle) leicht gestiegen. In früheren Jahren (2017–2019) war dieser Anteil niedriger und lag zwischen 11 % und 13 %. Der in jüngster Zeit beobachtete höhere Anteil in diesen beiden Kategorien könnte u. a. 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. Ferner kann es durch veränderte Diagnoseverfahren (zunehmender Einsatz von sog. Multiplex-Verfahren, bei denen gleichzeitig eine Vielzahl verschiedener Erreger getestet werden können) zu vermehrten Legionellose-Diagnosen kommen, die es in früheren Zeiten nicht gegeben hätte, da nicht getestet worden wäre, wobei auch die Wahrscheinlichkeit falsch positiver Diagnosen zu nehmen könnte, insbesondere, wenn Material verwendet wird, wo typischerweise keine Legionellen nachgewiesen werden (können), wie z. B. die oberen Atemwege.

### 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. Auch 2024 wurde ein weiterer Anstieg der Fallzahlen beobachtet wengleich in deutlich abgeschwächerter Form. Im Zusammenhang mit dem kontinuierlichen Anstieg der Fallzahlen könnten verändernde mit dem Klima assoziierte Umwelt- und Wetterbedingungen zunehmend eine Rolle spielen aber auch veränderte Diagnostik-Verfahren (Multiplex-Testungen auf viele Erreger gleichzeitig) könnten zu höheren Fallzahlen beitragen.

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, Brodhun B, Leheld AS: *Incidence of Legionnaires' Disease among Travelers Visiting Hotels in Germany, 2015-2019*. *Emerg Infect Dis*. 2024;30(1). <https://doi.org/10.3201/eid3001.231064>
- 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, Leheld 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, Leheld 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>
- Leheld 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>
- Leheld 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>
- 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 Legionellose*. 2021. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- RKI: *Leitfaden für Gesundheitsämter zur Bearbeitung von Legionellose-Fällen. Allgemeine Hinweise und Hilfestellungen*. 2024. Abrufbar unter: [https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/L/Legionellose/OEGD/Leitfaden.pdf?\\_\\_blob=publicationFile&v=7](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.: *Community-acquired Legionella pneumonia: New insights from the German Competence Network for community acquired pneumonia*. *Clin Infect Dis* 2008; 46(9). <https://doi.org/10.1086/586741>

## 6.37 Lepra



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 1
- ▶ Klinisches Bild: lepromatöse Lepra
- ▶ Wahrscheinliches Infektionsland außerhalb Deutschlands

### 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 insbesondere Hauterscheinungen und Nervenschädigungen, die zu Sensibilitätsstörungen und Lähmungen führen können. Das Frühstadium der Erkrankung wird als indetermierte Lepra bezeichnet und ist durch einzelne, hypopigmentierte, fleckige Hautläsionen charakterisiert. Je nach Art der Gewebereaktion werden danach die tuberkuloide Lepra (einzelne, abgegrenzte, hypopigmentierte und am Rande papulös erhabene, sensibilitätsgestörte Hautareale), die lepromatöse Lepra (zahlreiche beidseitig und symmetrisch angeordnete fleckig-erhabene Störungen der Haut oder Schleimhaut der oberen Atemwege, oder knotig-flächenhafte Hautinfiltrationen) und Übergangsformen zwischen diesen beiden (sogenannte Borderline-Lepra) unterschieden.

Nur klinisch und labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen erfüllen die Referenzdefinition.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurde eine Erkrankung an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt. Bezüglich des klinischen Bildes handelte es sich um eine lepromatöse Lepra. Die Erkrankung betraf einen 56-jährigen Mann, bei dem als wahrscheinliches Infektionsland Ghana (Westafrika) angegeben war.

Im Vorjahr waren 3 Erkrankungen an Lepra übermittelt worden, eine mit dem klinischen Bild einer lepromatösen Lepra, eine mit dem Bild einer tuberkuloiden Lepra und eine Erkrankung mit dem klinischen Bild einer Borderline-Lepra.

### Fazit

Lepra ist eine in Deutschland sehr seltene Erkrankung. Im Median der vergangenen zehn Jahre wurden pro Jahr 1,5 Erkrankungen übermittelt. Wurde ein wahrscheinlicher Expositionsort angegeben, so lag dieser bei den bislang übermittelten und die Referenzdefinition erfüllenden Fällen – wie auch bei der im Jahr 2024 übermittelten Erkrankung – immer außerhalb Deutschlands.

### Literaturhinweise

Fastenau A, Schwermann F, Vettel C, et al: *Lepra ist heilbar – Stigmatisierung als zentrale Hürde auf dem Weg zu Zero Leprosy*. Epid Bull 2026;3:3-9. <https://doi.org/10.25646/13606>

Hommes F, Frank C, Faber M, et. al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2024*. Epid Bull 2025; 48. <https://doi.org/10.25646/13568>

RKI: *Lepra*. 2025. <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/L/Lepra/lepra-node.html>

Schwermann F, Fastenau A, Vettel C, Kasang C, Kreibich S: *Unite for Action: Der Weg zu einer leprafreien Welt*. Epid Bull 2025;3. <https://doi.org/10.25646/12976>

## 6.38 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 322
- ▶ Fallzahlen deutlich höher als in den Vorjahren
- ▶ 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, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten auch lebensbedrohliche Formen mit Blutungsneigung (Hämorrhagien), Leber- und Nierenversagen (Morbus Weil) auf.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.37.1).

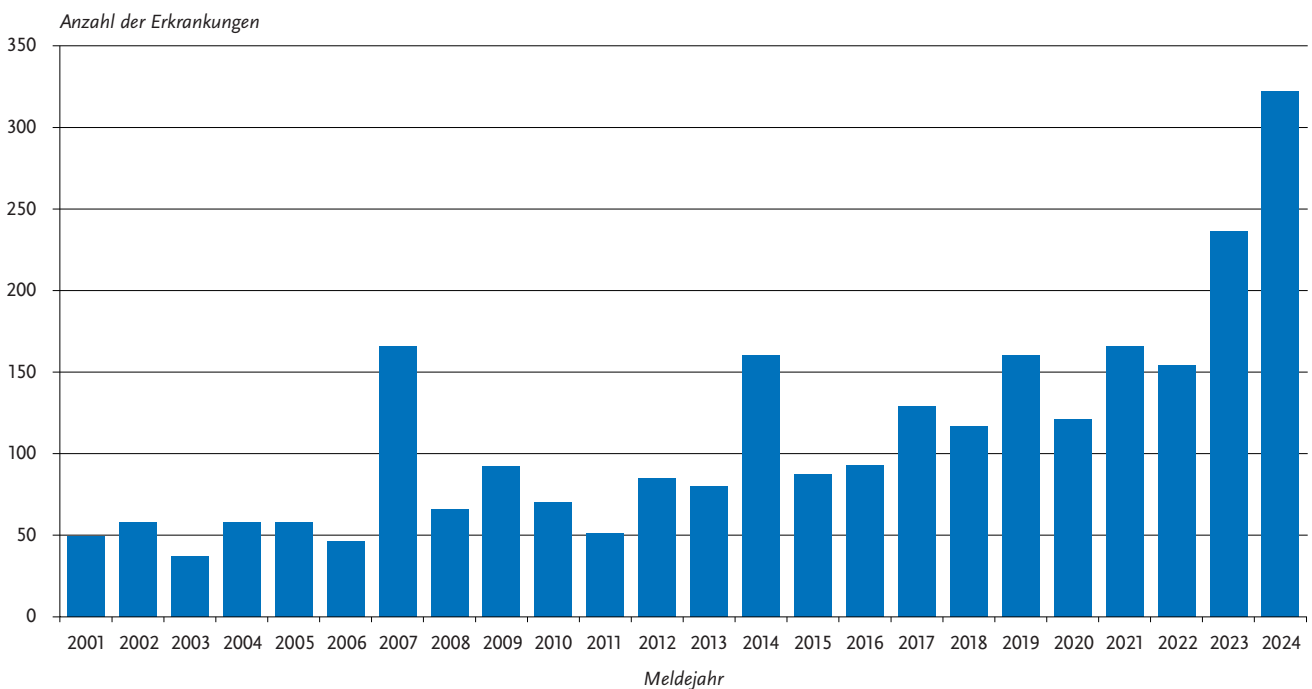
### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 322 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einw. entsprach. Die Anzahl der Erkrankungen war damit höher als im Vorjahr. Die Anzahl variiert stark von Jahr zu Jahr, langfristig nehmen die übermittelten Erkrankungen zu. Die Jahre 2007 und 2014 waren von je einem größeren Ausbruch mit 33 und 47 Erkrankungen geprägt (s. Abb. 6.38.1).

**Tab. 6.38.1:**  
Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	1	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	235	78 %	322	73 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	40	13 %	67	15 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	27	9 %	50	11 %
alle	303	100 %	439	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>236</b>	<b>78 %</b>	<b>322</b>	<b>73 %</b>

**Abb. 6.38.1:**  
Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Geografische Verteilung**

Erkrankungen traten in allen Bundesländern auf, wobei die Inzidenzen von 0,1 Erkr./100.000 Einw. in Rheinland-Pfalz, Saarland, Sachsen-Anhalt bis zu 0,7 Erkr./100.000 Einw. in Mecklenburg-Vorpommern und Berlin variierten (s. Abb. 3.38.2). Für 253 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 263 Nennungen). Deutschland wurde bei 63 % der Nennungen als Infektionsland angegeben (2023: 63 %). Die meisten Erkrankungen mit Angabe eines Infektionslands außerhalb von Deutschland wurden in Asien (43 Nennungen) und Amerika (18) erworben.

**Demografische Verteilung**

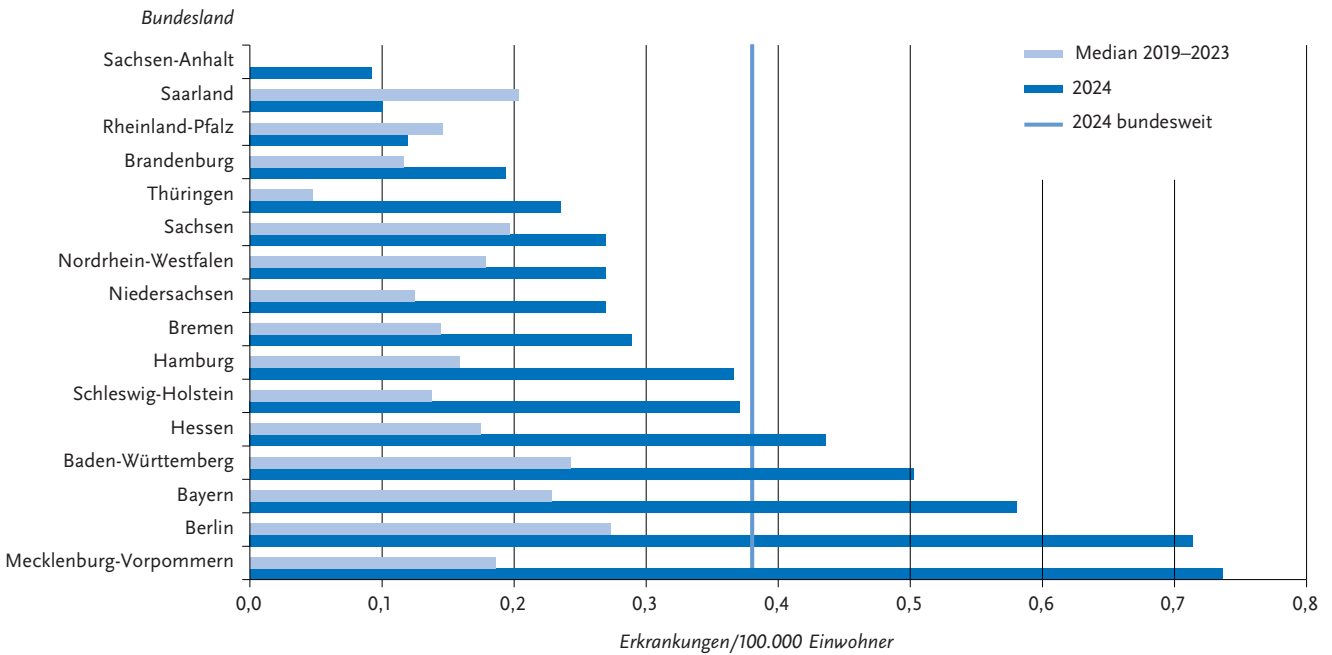
Insgesamt waren 175 Erkrankte (54 %) männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen mit einer Inzidenz von über 0,7 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Bei den Frauen war die Altersgruppe der 20-

bis 24-Jährigen am stärksten betroffen (1,0 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb 6.38.3). Im Jahr 2024 wurden 13 Erkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren (6 Mädchen und 7 Jungen) übermittelt.

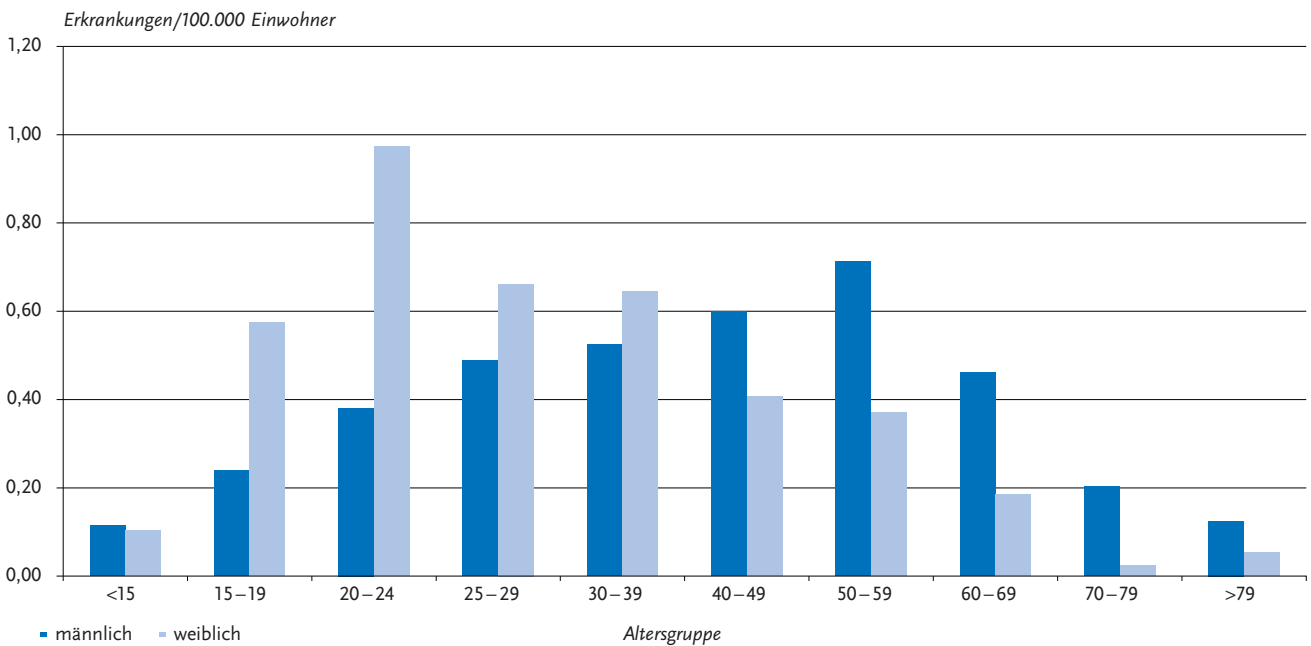
**Klinische Aspekte**

Für 321 Leptospirose-Erkrankungen (99,7 %) wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 693 Nennungen). Am häufigsten waren dies Fieber (68 % der Erkrankungen) und allgemeine Krankheitszeichen (61 % der Erkrankungen). Bei 28 % der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 20 % Ikterus, bei 16 % Husten und bei 11 % Dyspnoe übermittelt. Des Weiteren wurden bei 4 % der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 4 % Hämorrhagien und bei 3% eine Myokarditis übermittelt. Es wurden 2 Todesfälle im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt.

**Abb. 6.38.2:** Übermittelte Leptospirosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 322) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2019 – 2023)



**Abb. 6.38.3:** Übermittelte Leptospirosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 322)



**Nachgewiesene Erreger**

Bei 2 Erkrankungen lagen Angaben zu einem Serovar vor, beide zum Serovar Grippothyphosa.

**Ausbrüche**

Im Jahr 2024 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 166 Erkrankungen pro Jahr (Median 142 Erkrankungen) mit einem längerfristig zunehmenden Trend. Nachdem im Jahr 2023 erstmals über 200 Erkrankungen in einem Jahr übermittelt wurden, wurden im Jahr 2024 erstmals über 300 Erkrankungen übermittelt.

Der Anteil von reiseassoziierten Leptospirosen im Jahr 2024 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://doi.org/10.3201/eid1107.041172>

Nau L H, Emirhar D, Obiegala A, et al: *Leptospirose in Deutschland: Aktuelle Erkenntnisse zu Erregerspezies, Reservoirwirten 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>

**6.39 Listeriose**



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **663**
- ▶ Fallzahlen sind vergleichbar mit dem Vorjahr
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassozierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern ab 80 Jahren

**Kurzbeschreibung**

Erkrankungen durch das Bakterium *Listeria (L.) monocytogenes* treten in verschiedenen Formen auf. Die Listeriose-Gastroenteritis äußert sich durch Durchfall mit unterschiedlichem Schweregrad. Invasive Infektionen während der Schwangerschaft (Schwangerschafts-Listeriose) können sich als Fieber oder grippeähnliche Beschwerden äußern und infolge einer intrauterinen oder perinatalen Übertragung zu Fehl-, Früh-, Totgeburt oder zur Geburt eines erkrankten Kindes (Neugeborenen-Listeriose) führen. Bei anderen invasiven Listeriosen, die nicht mit einer Schwangerschaft im Zusammenhang stehen und die vor allem bei älteren oder abwehrgeschwächten Personen auftreten, kann es auch zu Blutstrominfektionen (Sepsis) und Entzündungen der Hirnhäute (Meningitis) oder des Gehirns (Enzephalitis) kommen. Die Übertragung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel.

**Falldefinition**

Die Referenzdefinitionen 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. 6.39.1).

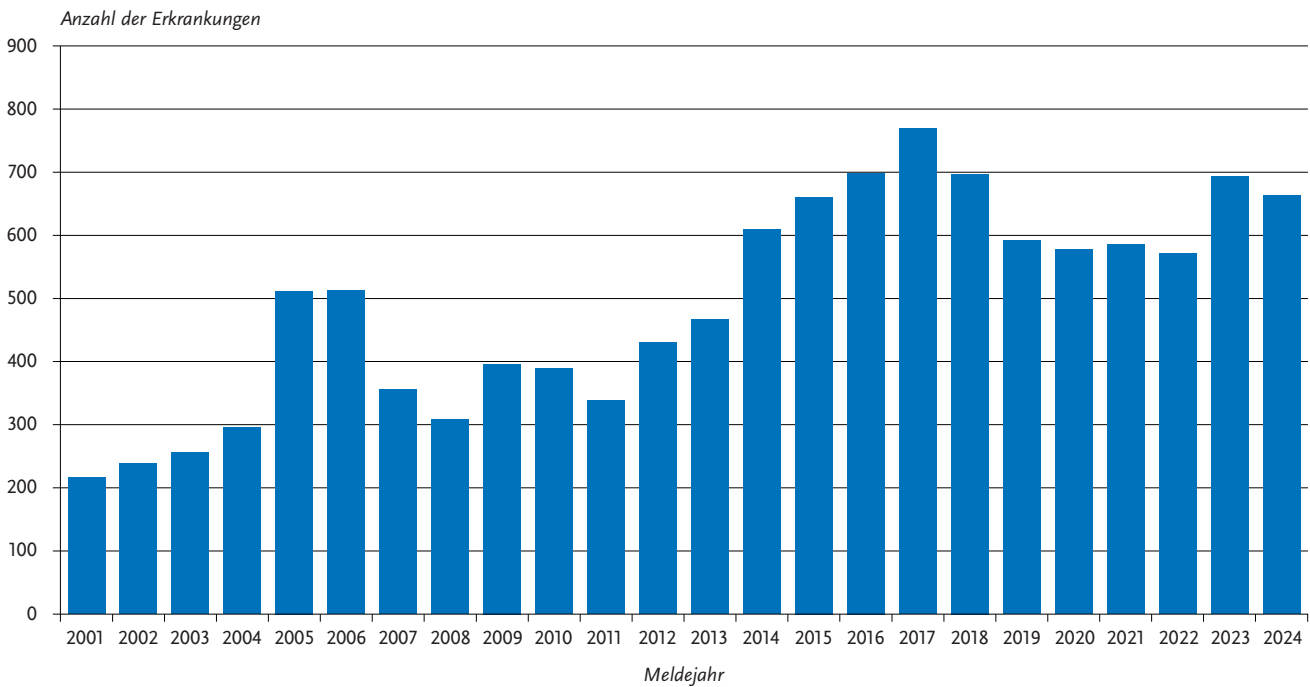
**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden 663 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,8 Erkrankungen pro

**Tab. 6.39.1:** Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4	1 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	564	81 %	475	72 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	52	8 %	115	17 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	73	11 %	71	11 %
alle	693	100 %	663	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C+D+E)</b>	<b>693</b>	<b>100 %</b>	<b>663</b>	<b>100 %</b>

**Abb. 6.39.1:**  
Übermittelte Listeriosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



100.000 Einwohner. Nach vier Jahren mit vergleichbaren Fallzahlen stiegen die Zahlen im Jahr 2023 wieder um 21 % an (693 Fälle in 2023) und bleiben 2024 auf hohem Niveau (s. Abb. 6.39.1).

### Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,5 Erkrankten/100.000 Einw. in Baden-Württemberg und Hamburg verzeichnet, die höchste Inzidenz mit 1,4 Erkr./100.000 Einw. in Brandenburg. Die Inzidenzen in Rheinland-Pfalz, Hessen, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein, Saarland, Bremen, Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen und Brandenburg, lagen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.39.2).

Für 360 Erkrankungen (54 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 97 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

### Demografische Verteilung

Im Jahr 2024 wurden 635 Fälle von nicht-schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die nicht-schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen betrafen 272 Frauen (43 %) und 363 Männer.

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 4,3 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.39.3). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 13 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 15 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Es konnten 10 Mutter-Kind-Paare identifiziert werden, drei Mütter

wurden ohne dazugehörigen Fall eines erkrankten Neugeborenen übermittelt und fünf Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter. Von 25 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 16 und 49 Jahren waren 13 als Schwangerschafts-Listeriosen (52 %) übermittelt.

### Klinische Aspekte

Bei 134 (21 %) der 635 nicht-schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 75 (11 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Sieben der 13 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose gaben Fieber an. Zwei Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose hatten eine Sepsis. Unter den schwangerschaftsassozierten Listeriosen wurde eine Fehlgeburt, eine Totgeburt und bei elf Frauen eine Frühgeburt angegeben. Fünf der 13 lebend geborenen Neugeborenen zeigten ein septisches Krankheitsbild, drei eine Atemstörung, ein Neugeborenes hatte eine Meningitis oder Enzephalitis und ein Kind erkrankte an einer Granulomatosis (Mehrfachnennungen möglich).

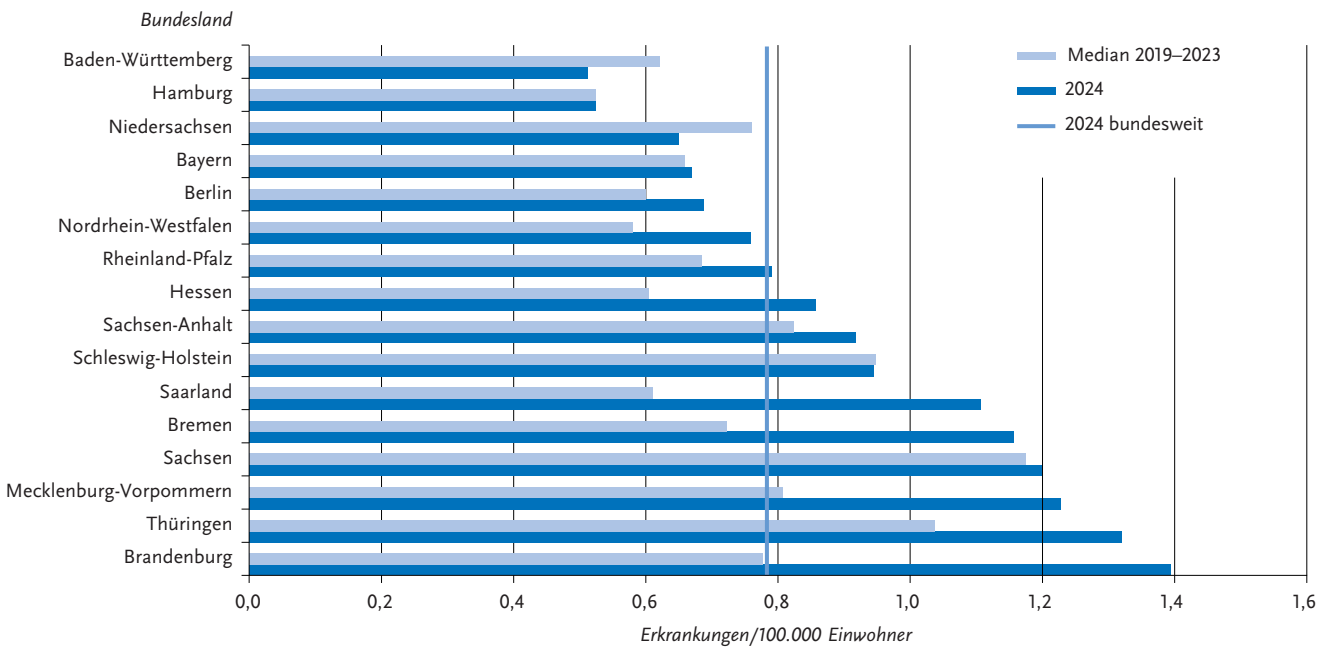
Es wurden 38 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2023: 58). Unter diesen waren 36 nicht schwangerschaftsassozierte Listeriosen und 2 Listeriosen bei Neugeborenen. Die Letalität lag 2024 insgesamt bei 6 %.

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

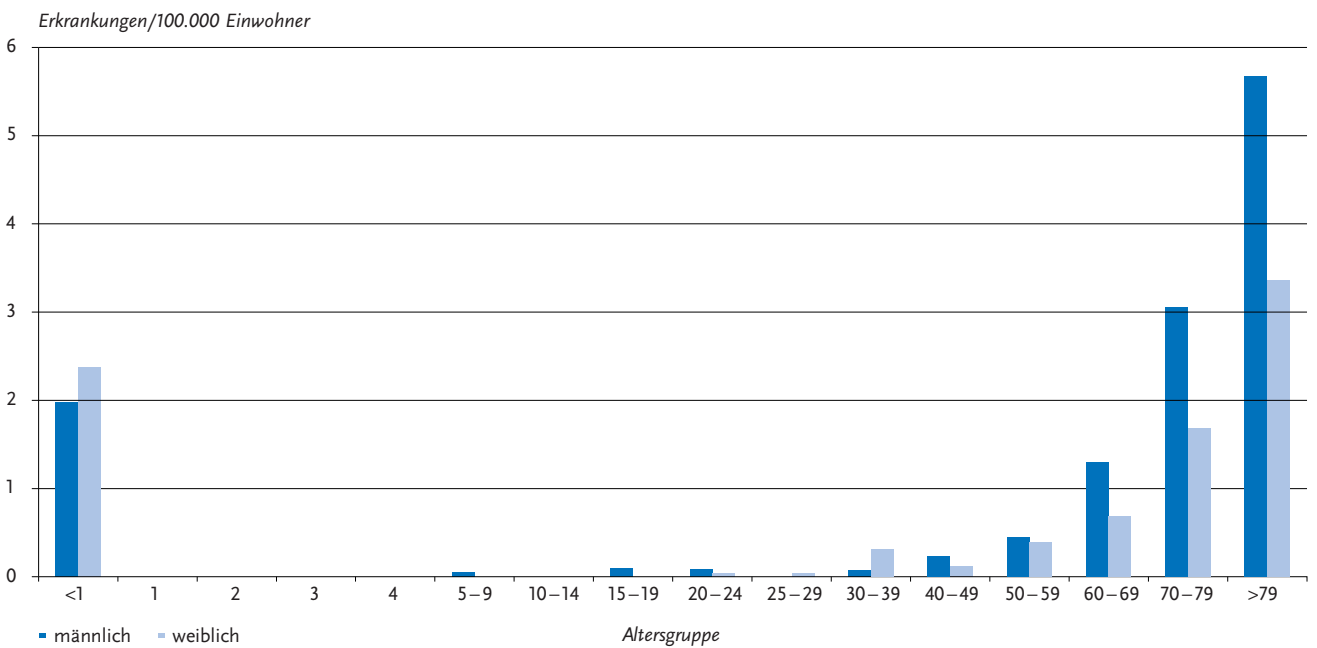
### Ausbrüche

Da viele Listeriose-Ausbrüche sehr wenige Fälle beinhalten und sich häufig über mehrere Jahre erstrecken, werden hier keine Ausbrüche berichtet.

**Abb. 6.39.2:**  
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 663)



**Abb. 6.39.3:**  
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 663)



**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 nach einigen Jahren mit geringeren Fallzahlen seit dem Vorjahr wieder auf relativ hohem Niveau.

## 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 Listeriose*. 2023. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- Wilking 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>

## 6.40 Malaria



- ▶ Fälle 2024: 934
- ▶ 5 % weniger Fälle als im Vorjahr
- ▶ 95 % der Infektionen mit Angaben zum Infektionsort wurden in Afrika erworben
- ▶ Umstellung der Meldepflicht im Juli 2023

### Kurzbeschreibung

Malaria wird durch parasitäre Einzeller, sogenannte Plasmodien 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 schwerste Form, Malaria tropica (Erreger: *Plasmodium (P.) falciparum*), kann bei fehlender oder zu spät erfolgter Behandlung tödlich verlaufen.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (klinisch-labor diagnostisch bestätigte Erkrankung, labor diagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem oder bei unbekanntem klinischen Bild).

Im Juli 2023 wurde die namentliche Meldepflicht des Labornachweises vom diagnostizierenden Labor an das zuständige Gesundheitsamt eingeführt (§ 7 Abs.1 IfSG). Die gemeldeten und vom Gesundheitsamt zusätzlich ermittelten Informationen werden auf den üblichen Wegen übermittelt. Diese neue Meldepflicht ersetzte die vorherige nichtnamentliche Meldepflicht vom Labor direkt an das RKI (§ 7 Abs. 3 IfSG). 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.

### Zeitlicher Verlauf

2024 wurden 934 Fälle von Malaria an das RKI übermittelt, 57 (6%) weniger als im Vorjahr. Nach dem Einbruch der Fallzahlen im Jahr 2020 stiegen diese seit 2021 wieder deutlich an und lagen seit 2023 wieder auf dem Niveau vor der COVID-19-Pandemie (s. Abb. 6.40.1). Bei Vergleichen mit den Vorjahren ist die Änderung des Meldewegs im Juli 2023 zu berücksichtigen (s. Falldefinition und Datenqualität).

### Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern übermittelt wurden, variierte sehr stark (s. Abb. 6.40.2). Wie in den Vorjahren hatten die Stadtstaaten Bremen (3,0 Fälle pro 100.000 Einw. 21 Fälle), Hamburg (2,5 Fälle/ 100.000. Einw.; 48 Fälle) und Berlin (2,0; 77 Fälle) die höchsten Inzidenzen. Die niedrigsten Inzidenzen traten in Thüringen (0,4; 8 Fälle) und Mecklenburg-Vorpommern (0,4; 6 Fälle) auf.

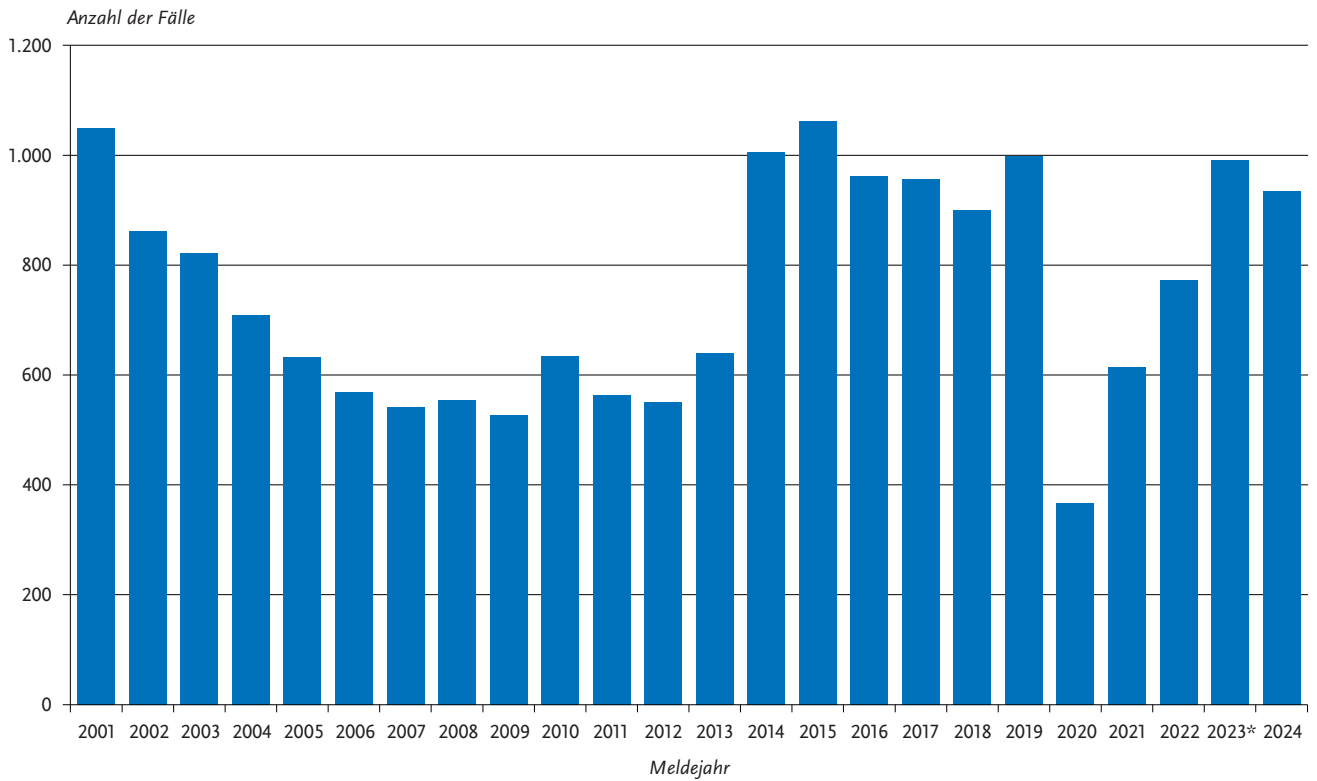
Insgesamt wurden für 833 Fälle (89 %, Vorjahr: 79 %) 838 Angaben zum wahrscheinlichen Kontinent und 868 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachangaben möglich). Alle Fälle mit Angabe zum Infektionsort hatten sich in mindestens einem bekannten Malaria-Endemiegebiet aufgehalten.

Der weitaus größte Teil der Nennungen zum Kontinent (795; 95%) entfiel wie in den Vorjahren auf Afrika.

Wie im Vorjahr waren Kamerun, Nigeria und Ghana die am häufigsten genannten wahrscheinlichen Infektionsländer (s. Tab. 6.40.1).

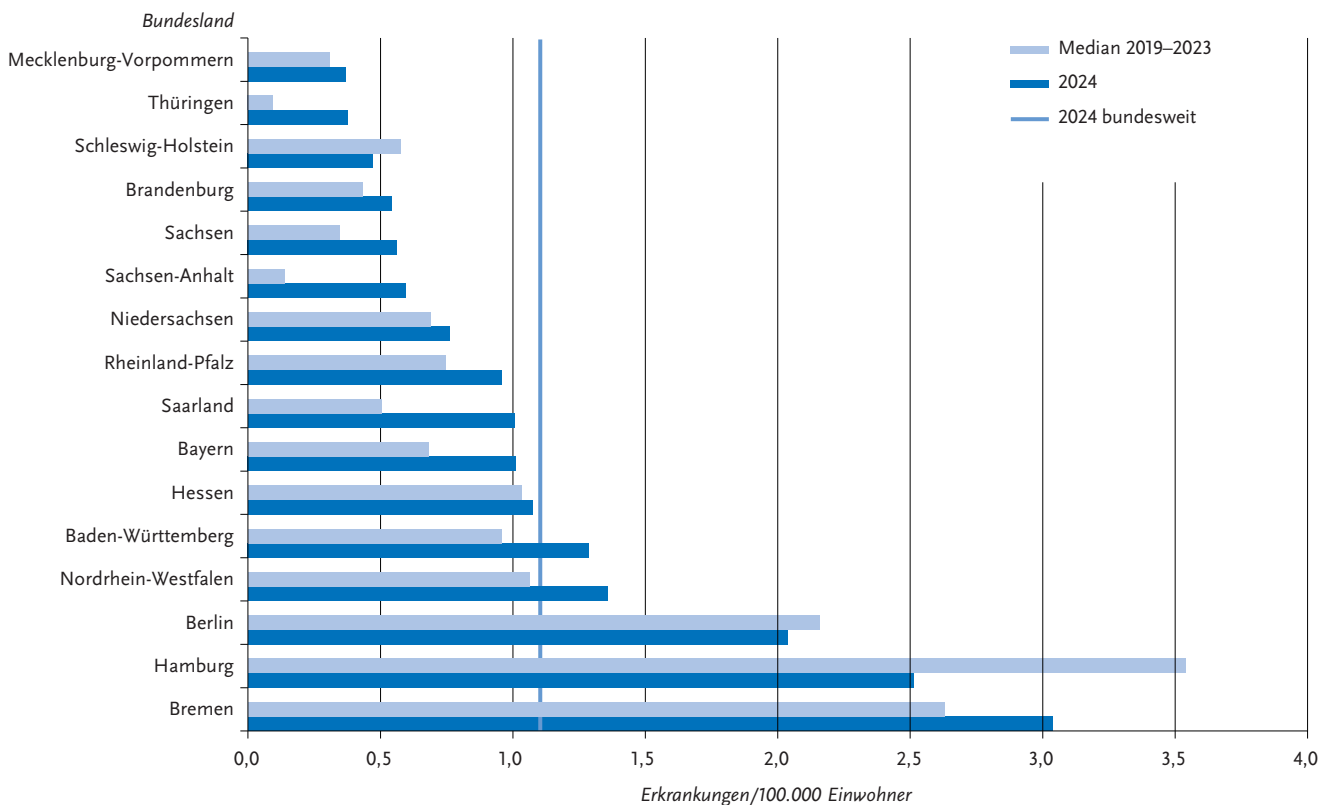
Bei 38 Fällen wurden nur Infektionsorte außerhalb Afrikas angegeben. Für 32 Fälle lagen diese in Asien: Afghanistan (9), Pakistan (7), Indien (6), Indonesien (6), Iran (2), mehrere Länder in Asien (2). Für 4 Fälle wurden Infektionsorte in den Amerikas angegeben: Kolumbien (2), Brasilien (1) und Peru (1). Bei jeweils einem Fall wurden Salomonen und Papua-Neuguinea als Infektionsort angegeben.

**Abb. 6.40.1:**  
Gemeldete und übermittelte Malaria-Fälle nach Diagnose- bzw. Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



\*) Änderung der Meldepflicht von nichtnamentlicher Meldung gemäß § 7 Abs. 3 IfSG zu namentlicher Meldung gemäß § 7 Abs. 1 IfSG im Juli 2023

**Abb. 6.40.2:**  
Gemeldete und übermittelte Malaria-Fälle pro 100.000 Einw. nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 934) im Vergleich mit den Vorjahren



Für einen Fall ohne Auslandsanamnese wurde eine Infektion mit *P. malariae* übermittelt. Hierbei handelte es sich um eine konnatale Infektion (s. Abschnitt „Ausbrüche“).

**Tab. 6.40.1:**  
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten und übermittelten Malaria-Fälle, Deutschland, 2024 (n = 833)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kamerun	180	21 %
Nigeria	159	18 %
Ghana	48	6 %
Togo	37	4 %
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	36	4 %
Guinea	35	4 %
Tansania	34	4 %
Uganda	32	4 %
Kenia	30	3 %
Benin	28	3 %
Andere	249	29 %
<b>Summe</b>	<b>833</b>	<b>100 %</b>

### 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. (s. Abb. 6.40.3). 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 2024 wurden 4 Malaria-Todesfälle übermittelt (2023: 3 Todesfälle). Alle Verstorbenen waren an Malaria tropica (Erreger: *P. falciparum*) erkrankt und hatten sich in Afrika infiziert. Es handelte sich um 3 Männer und eine Frau im Alter von 41 bis 64 Jahren. Für drei der Verstorbenen wurde angegeben, dass sie keine Chemoprophylaxe eingenommen hatten, bei dem vierten Fall wurde hierzu keine Angabe gemacht.

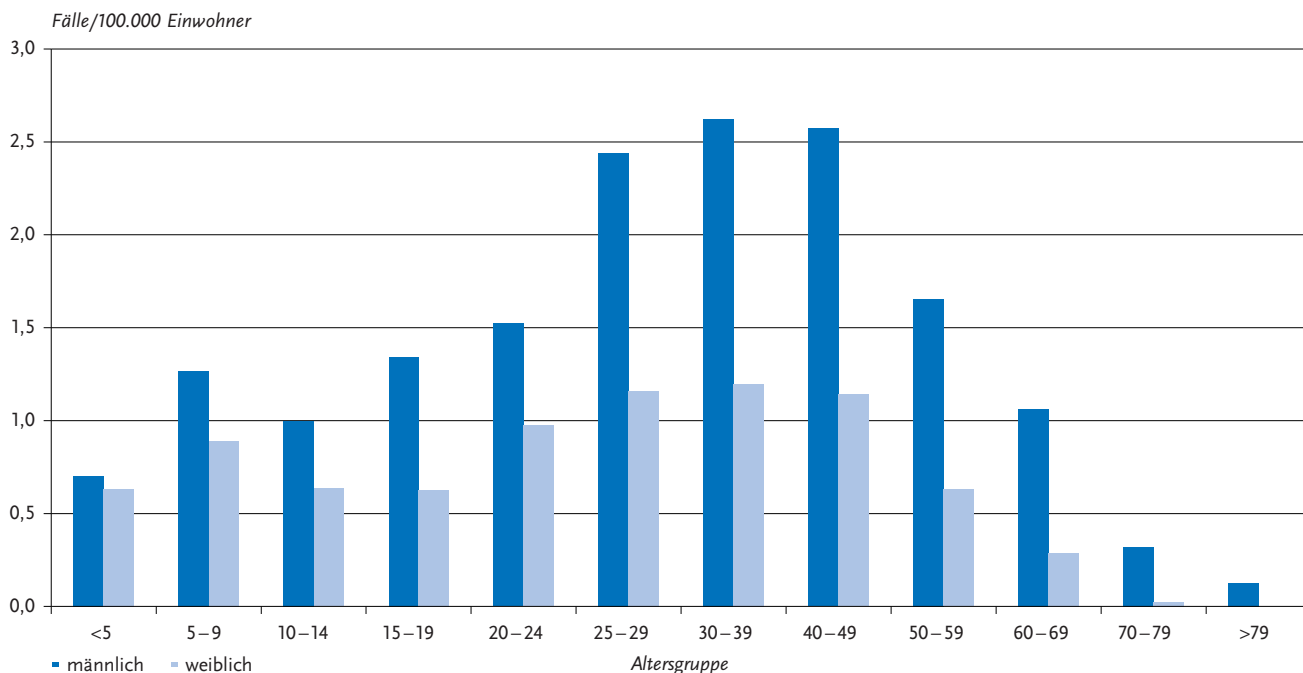
### Nachgewiesene Erreger

Unter den 683 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (73 % aller Fälle, Vorjahr 90 %) wurde *P. falciparum* mit 584 Fällen (86%; 2023: 748 Fälle, 84 %) am häufigsten diagnostiziert. An zweiter Stelle lag *P. vivax* mit 38 Fällen (2023: 49 Fälle), gefolgt von *P. malariae* mit 34 Fällen (2023: 44) und *P. ovale* mit 21 Fällen (2023: 25 Fälle). Bei 6 Fällen wurde eine Mischinfektion (2023: 14) angegeben (s. Tab. 6.40.2). Bei keinem Fall wurde *P. knowlesi* als Erregerspezies übermittelt (2023: 2 Fälle). Im Vergleich zum Vorjahr nahm der Anteil gemeldeter *P. falciparum*-Infektionen leicht zu. Bei 205 Fällen (22 % aller Fälle) wurde keine Erregerspezies übermittelt.

**Tab. 6.40.2:**  
Übermittelte Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2024 (n = 683)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Plasmodium falciparum</i>	584	85,5 %
<i>Plasmodium vivax</i>	38	5,6 %
<i>Plasmodium malariae</i>	34	5,0 %
<i>Plasmodium ovale</i>	21	3,1 %
<i>Plasmodium</i> Mischinfektion	6	0,9 %
<b>Summe</b>	<b>683</b>	<b>100 %</b>

**Abb. 6.40.3:**  
Übermittelte Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 933)



## Ausbrüche

Nach der geänderten Meldepflicht wurden 7 Häufungen mit insgesamt 23 Fällen übermittelt. Bei den meisten der Fälle, mit entsprechender Angabe, handelte es sich um Personen, die gemeinsam in Malaria-Endemiegebiete in Afrika gereist waren. Von den 17 Infektionen mit Angaben zum Erreger wurden 16 durch *P. falciparum* ausgelöst, bei einem Fall wurde *P. malariae* übermittelt.

Es wurde ein Fall einer konnatalen Infektion mit *P. malariae* bei einem 2 Monate alten Säugling ohne Auslandsanamnese übermittelt. Klinische Details und Empfehlungen zur Diagnostik und Therapie der konnatalen Malaria haben Goretzki et al. (2025) in einem Fallbericht veröffentlicht.

## Datenqualität

Aufgrund der geänderten Meldepflicht hat sich die Datenerhebung verändert. In der Übergangsphase 2023 konnten in der Meldesoftware zeitweise nicht alle Informationen strukturiert übermittelt werden. Dadurch kann es zu einer reduzierten Datenqualität gekommen sein. Mit Änderung der Meldepflicht hat bislang die Häufigkeit der Angabe eines Infektionsortes bei Malariafällen zugenommen, die Angaben zur Plasmodienspezies sind jedoch unvollständiger geworden, was die Bewertung der Einzelfälle erschwert.

Mögliche Ansätze zur Erhöhung der Datenqualität werden durch das RKI geprüft.

## Fazit

Die Gesamtzahl der übermittelten Malaria-Fälle ist 2024 im Vergleich zum Vorjahr leicht gesunken und liegt wieder auf dem Niveau der Jahre vor Beginn der COVID-19-Pandemie. Die Zahl der Todesfälle lag mit 4 Fällen im Bereich des langjährigen Durchschnitts und unter der ungewöhnlich hohen Zahl von 9 Todesfällen 2022.

## Literaturhinweise

- Goretzki, S., Bruns, N., Daniels, A. et al.: *Congenital infection with Plasmodium malariae: a rare case of intrauterine transmission in Germany*. Malar J 2025, 24(1). <https://doi.org/10.1186/s12936-025-05331-8>
- 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, Hallmaier-Wacker LK, Noel H, et al.: *Healthcare-associated malaria: a systematic review, 1997 to 2023*. Euro Surveill. 2025, 30(11). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.11.2400393>
- 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>
- Hommes F, Frank C, Faber M, Rosner B, Lachmann R, Bös L, Enkelmann J: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2024*. Epid Bull 2025;48:3-22 | DOI 10.25646/13568

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 Malaria*. 2024. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

Sarma N, Dörre A, Kremer-Flach K, et al.: *Änderung der Meldepflicht für den Erreger der Malaria – Auswirkungen auf die Vollständigkeit der Meldedaten und Herausforderungen in der Umstellungsphase*. Epid Bull 2025;22/23. <https://doi.org/10.25646/13177>

WHO: *World malaria report 2024*. 2024. Abrufbar unter: <https://iris.who.int/bitstream/handle/10665/379751/9789240104440-eng.pdf?sequence=1>

Wieters I, Eisermann P, Borgans F, et al.: *Two cases of airport-associated falciparum malaria in Frankfurt am Main, Germany, October 2019*. Euro Surveill 2019; 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>

## 6.41 Masern



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 645
- ▶ Inzidenz: 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Es wurden 61 Ausbrüche mit 2 Fällen oder mehr übermittelt.
- ▶ Erwartungsgemäß hat die Inzidenz das prä pandemische Niveau von 2019 wieder erreicht.

## Kurzbeschreibung

Masern sind eine hochansteckende Viruskrankheit, 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. Für die Jahre 2022 und 2023 hat Deutschland bereits den Status der Unterbrechung einer endemischen Transmission von der WHO zuerkannt bekommen. 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.

**Tab. 6.41.1:**  
Übermittelte Masernfälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	5	4 %	21	3 %
klinisch-epidemiologisch (B)	3	2 %	97	12 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	73	53 %	543	69 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	33	24 %	92	12 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	25	18 %	33	4 %
alle	139	100 %	786	100 %
<b>Referenzdefinition (A+B+C)*</b>	<b>79</b>	<b>57 %</b>	<b>645</b>	<b>82 %</b>

\* ) 2 Fälle 2023 und 9 Fälle 2024 der Kategorie C sowie 7 Fälle 2024 der Kategorie A erfüllen seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 nicht mehr die Referenzdefinition.

**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. 6.41.1). Im Jahr 2024 wurden 786 Fälle übermittelt, von denen 645 der Referenzdefinition entsprachen.

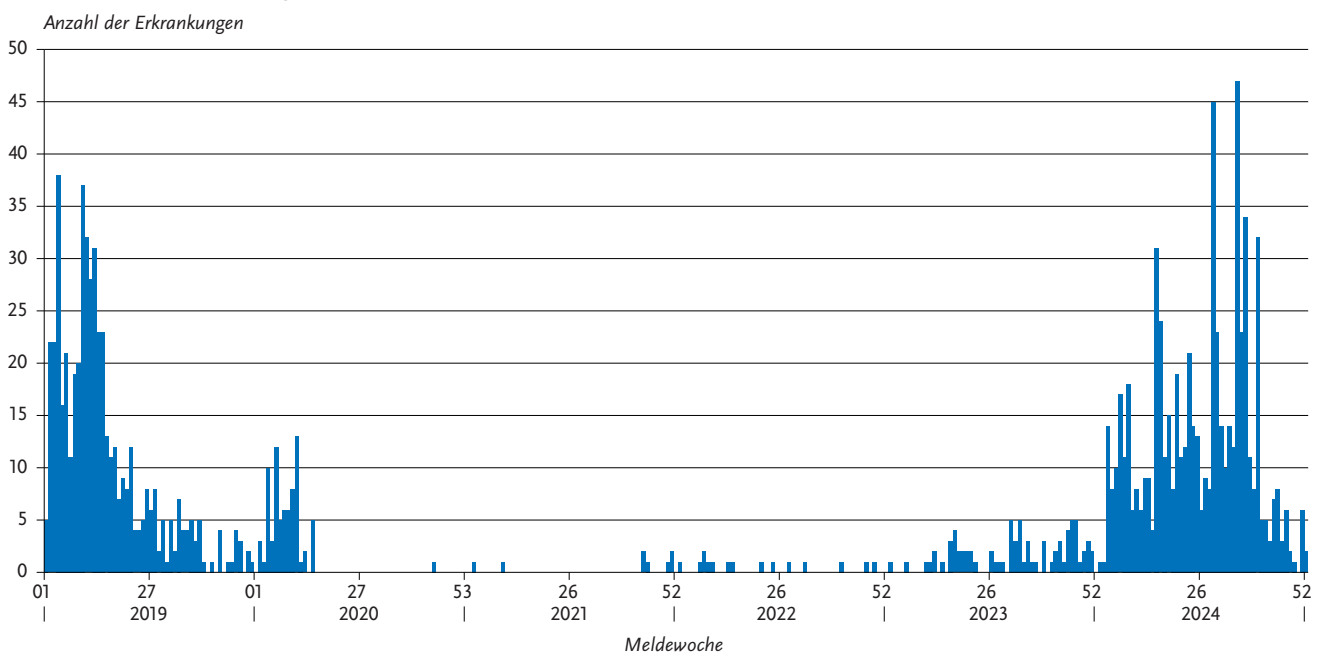
Ein Teil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit nicht erfülltem klinischen Bild könnte z. B. auf Masernerkrankungen bei bereits Geimpften mit einem sekundären Impfversagen und einer abgeschwächten Symptomatik, die nicht der klinischen Falldefinition entsprach, zurückzuführen sein. Um die Spezifität 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.

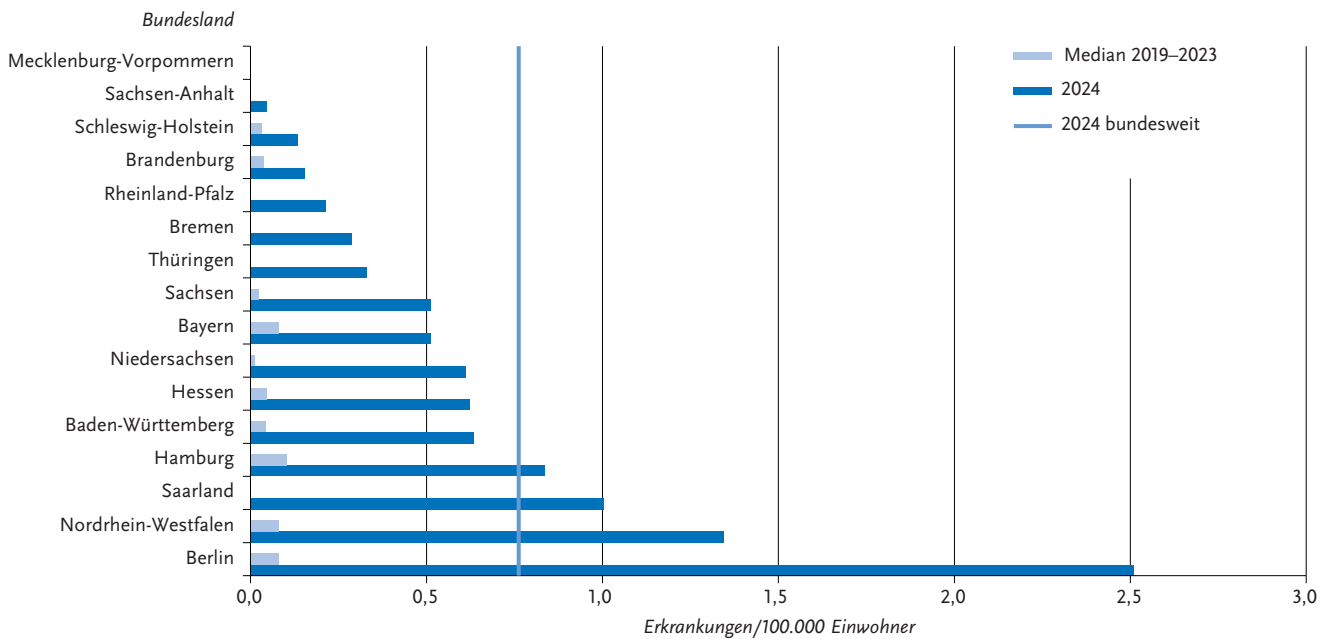
**Zeitlicher Verlauf**

Für das Jahr 2024 wurden 645 Masernerkrankungen übermittelt. Im Vergleich zu 2023 (n = 79) wurde damit ein absehbarer weiterer Anstieg der Fallzahlen beobachtet. Die Fallzahlen haben im Jahr 2024 das präpandemische Niveau wieder erreicht. Dem RKI wurden monatlich zwischen 9 und 96 Fälle übermittelt. (s. Abb. 6.41.1). Die Fallzahl war nur im Dezember einstellig. Dies entspricht nicht der sonst üblichen saisonalen Verteilung der Masern. Eine hohe Fallzahl der Masern wird üblicherweise im Frühjahr bis Frühsommer beobachtet. Die Verteilung erklärt sich durch zum Teil ausgedehnte Ausbrüche, die über das Jahr in einigen Bundesländern beobachtet wurden.

**Abb. 6.41.1:**  
Übermittelte Masernerkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2019 bis 2024



**Abb. 6.41.2:**  
Übermittelte Masernerkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 645) im Vergleich zu den Vorjahren



### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,8 Erkrankungen (Erkr.) pro 100.000 Einw. und war damit gegenüber dem Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (0,09) deutlich erhöht. Die Inzidenz überschreitet, anders als in den Vorjahren seit 2020, die Indikatorinzidenz der WHO von einem Fall pro 1 Million Einwohner deutlich. 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 245 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, 95 Fälle aus Berlin, 72 Fälle aus Baden-Württemberg, 69 Fälle aus Bayern, 50 Fälle aus Niedersachsen, 40 Fälle aus Hessen, 21 Fälle aus Sachsen, 16 Fälle aus Hamburg und 10 Fälle aus dem Saarland übermittelt. In Rheinland-Pfalz traten 9 Fälle, in Thüringen 7 Fälle, in Schleswig-Holstein und Brandenburg jeweils 4 Fälle, in Bremen 2 Fälle und in Sachsen-Anhalt 1 Fall auf. Nur Mecklenburg-Vorpommern übermittelte keinen Masernfall.

In Berlin, Nordrhein-Westfalen, dem Saarland und Hamburg lag die Inzidenz jeweils über 0,8 Erkr./100.000 Einwohner und damit über der bundesweiten Inzidenz des Jahres 2024 (s. Abb. 6.41.2). Die Inzidenzen der Bundesländer lagen somit weit über dem Median der Inzidenz der Vorjahre von 0,09 Erkr./100.000 Einw.

Es lagen 550 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 522 Fälle mit Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben höchstwahrscheinlich überwiegend in Deutschland erworben (83 % der Nennungen; n = 457). Das kann auch mit einem hohen Anteil an Masernfällen erklärt wer-

den, die in ausgedehnten Ausbrüchen beobachtet wurden. Als weitere Infektionsländer wurden u. a. mehrfach Rumänien, Bosnien-Herzegowina, Österreich, die Ukraine, Aserbaidschan und Italien sowie 25 weitere Länder angegeben.

### Demografische Verteilung

Insgesamt waren 301 Fälle (rund 47 %) 0 bis 9 Jahre alt, 157 Fälle (rund 24 %) 10 bis 19 Jahre alt und 187 Fälle (rund 29 %) 20 Jahre und älter. So traten 46 Masernfälle in der Altersgruppe der unter 1-Jährigen, 63 Fälle in der Altersgruppe der 1-Jährigen, 87 Fälle bei den 2- bis 4-Jährigen, 105 Fälle bei den 5- bis 9-Jährigen und 84 Fälle bei den 10- bis 14-Jährigen auf. Bei den über 20-Jährigen waren insbesondere die Altersgruppen 20 bis 24 Jahre und 30 bis 39 Jahre betroffen. Der älteste (laborbestätigte) Fall war 75 Jahre alt (s. Abb. 6.41.3).

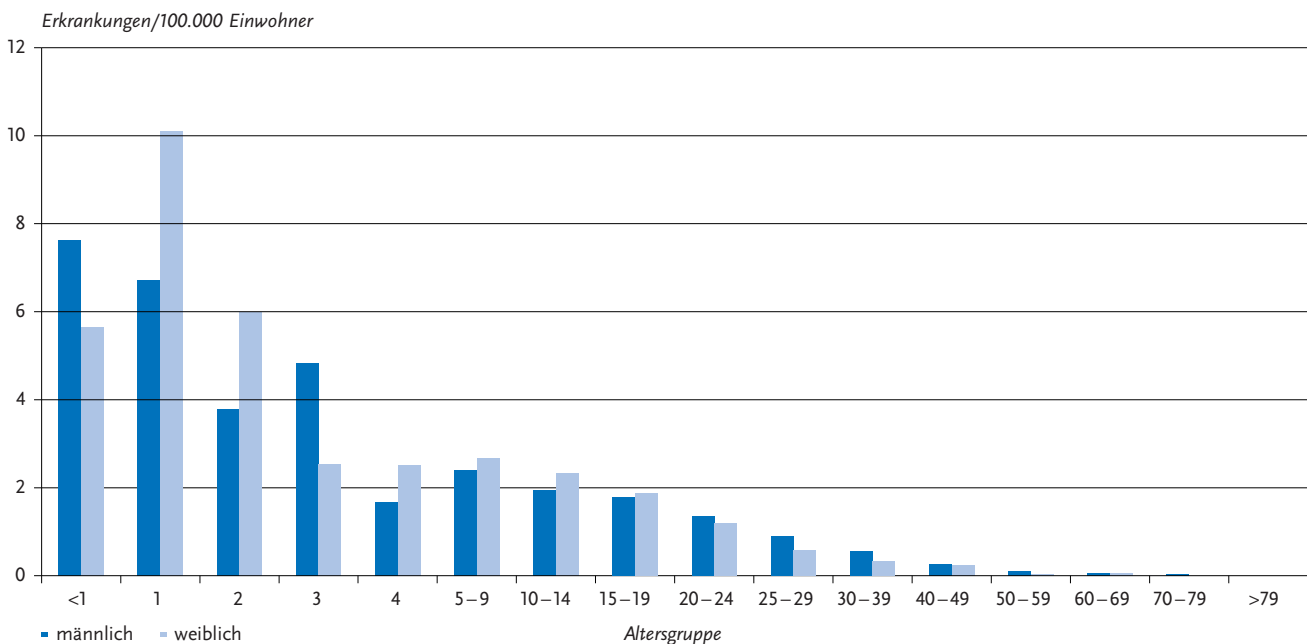
Im Vergleich zum letzten Jahr vor der Pandemie 2019 erkrankten weiterhin anteilmäßig mehr Kinder im Alter von 0 bis 9 Jahren. Im Jahr 2019 lag der Anteil der 0- bis 9-Jährigen unter den Erkrankten bei rund 27 %, der Anteil der über 20-Jährigen bei rund 54 %.

Im Jahr 2024 traten die Masern in 335 von 645 Fällen (52 %) bei männlichen Personen auf, 309 Fälle waren weiblich. Bei einem Fall blieb das Geschlecht unbekannt. Die inhomogene Transmission der Masern in Deutschland lässt keine allgemeinen Aussagen zu geschlechtsspezifischen Besonderheiten zu.

### Klinische Aspekte

Von den 645 Fällen wurden insgesamt 194 Fälle aufgrund der Masern hospitalisiert. Der Anteil der übermittelten

Abb. 6.41.3: Übermittelte Masernerkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 645)



Erkrankungen mit Hospitalisierung lag somit bei rund 30 % und damit niedriger als im Vorjahr (43 %). So wurden 96 von 301 Kindern im Alter von 0 bis 9 Jahren (32 %), 31 von 157 Fällen im Alter von 10 bis 19 Jahren (20 %) und 67 von 187 Personen (36 %) im Alter von 20 Jahren oder älter im Krankenhaus behandelt. Es entspricht der üblichen Altersverteilung der Hospitalisierten, wonach 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.

Für 643 Fälle wurde übermittelt, dass das Auftreten von Komplikationen nicht erhoben worden war. Lediglich für 2 Fälle war angegeben worden, dass keine spezifischen Komplikationen aufgetreten waren.

Es wurden keine Todesfälle aufgrund der Masern 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.

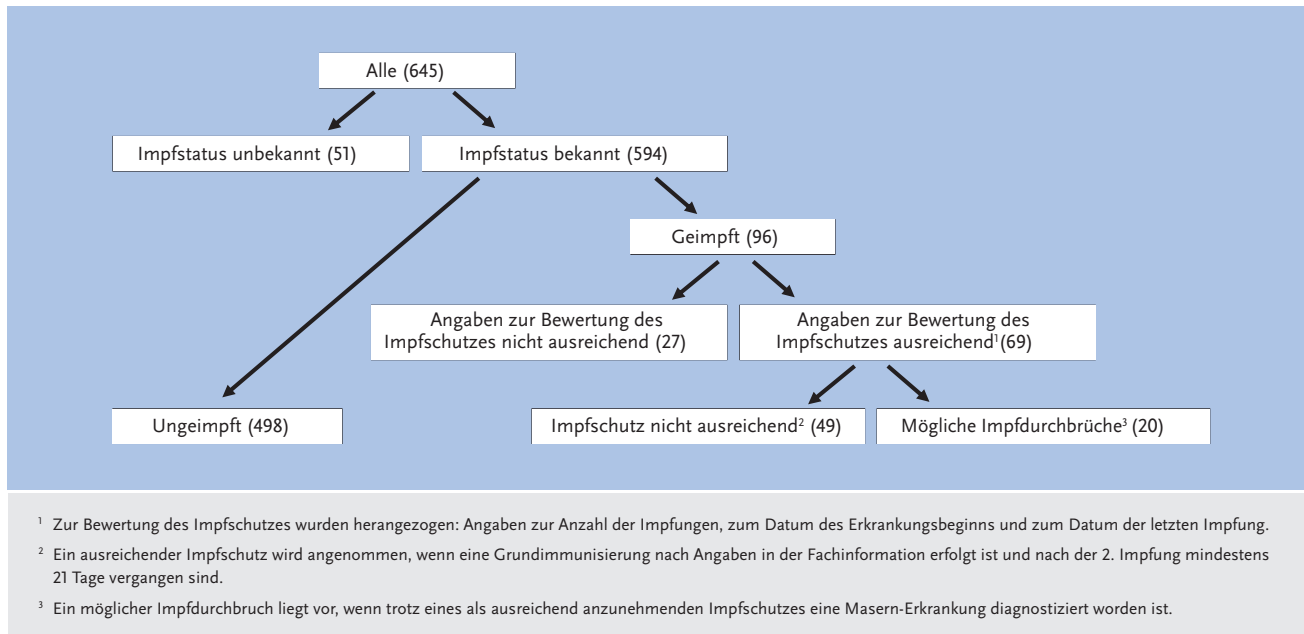
Von den 645 an Masern Erkrankten war der Impfstatus bei 594 Fällen bekannt (s. Abb. 6.41.4). Von diesen 594 Fällen wurden 498 als ungeimpft und 96 als geimpft übermittelt. Zur Bewertung des Impfschutzes wurden Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Datum des Erkrankungsbeginns und zum Datum der letzten Impfung für die 96 Fälle herangezogen. Diese Angaben lagen bei 69 der 96 Geimpften vollständig vor.

Bei 20 Masernfällen wurde ein vollständiger Impfstatus mit mindestens 2 Impfungen gegen Masern übermittelt, 4 dieser 20 Fälle waren lediglich klinisch oder klinisch-epidemiologisch bestätigt worden. Alle Impfungen waren in einem längeren Abstand als 21 Tage vor Ausbruch der Erkrankung verabreicht worden.

Bei 49 Fällen lag lediglich eine 1-malige Masernimpfung vor. Bei 33 dieser Fälle handelt es sich um Riegelungsimpfungen jeweils innerhalb von 21 Tagen vor Erkrankungsbeginn, die den Ausbruch der Erkrankung nicht mehr verhindern konnten.

Um Impfdurchbrüche, d. h. Masernerkrankungen, die trotz regelrechter Impfung auftreten, gut untersuchen zu

Abb. 6.41.4:  
Übermittelte Masernerkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2024 (n = 645)



können, sollten unbedingt bei allen geimpften Masernfällen die Masern labordiagnostisch mit Hilfe eines Rachenabstriches und einer PCR-Untersuchung gesichert werden, auch wenn sie klinische 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 dann nur bedingt möglich.

### Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland ist, außer in den Jahren der Pandemie, geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen nach Eintrag der Masern aus dem Ausland. Die Zirkulation der Masern wird nach dem Import im Allgemeinen schnell innerhalb von Tagen bis wenigen Wochen unterbrochen, je nach betroffener Bevölkerungsgruppe können jedoch die Transmissionsketten auch über mehrere Monate andauern. Im Jahr 2024 wurden 61 Ausbrüche mit 472 dazugehörigen Fällen (73 % aller Fälle) übermittelt, davon 14 Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen und 47 Ausbrüche mit 2 oder 3 Fällen.

Der größte Ausbruch mit insgesamt 163 Fällen begann nach einem Import der Masern in einen Landkreis in Nordrhein-Westfalen im Juni 2024. Im Oktober erkrankte der letzte Fall dieses Ausbruchs. Weitere größere Ausbrüche mit 53 und 51 Fällen ereigneten sich ausgehend von einem Landkreis in Baden-Württemberg und Berlin, ebenfalls nach einem Import der Masern. Die registrierten Ausbrüche traten vornehmlich im privaten Umfeld und in 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 Masern diagnose sehr niedrig ist. Eine Laboruntersuchung sollte immer veranlasst werden.

Die Labordiagnostik der akuten Masernvirusinfektion erfolgt durch den Nachweis des Masernvirusgenoms 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 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. Es ist möglich, explizit jede vorliegende Sequenzvariante in der Software zu dokumentieren. Der Anteil der Fälle, bei denen die Masern laborbestätigt wurden, ist in den letzten Jahren erheblich gestiegen. Damit sind validere Aussagen über die Transmission der Masern in Deutschland sehr viel besser möglich.

Die epidemiologische und virologische Analyse der Herkunft der Masern und möglicher Expositionen, insbesondere im Ausland, ist entscheidend, um importierte Masern zu erkennen, importassoziierte Fälle besser zuzuordnen und Transmissionsketten verfolgen zu können. Bei den hochkontagiösen Masern ist es zuweilen eine Herausforderung, die Herkunft der Infektion zu identifizieren. Eine Analyse der letzten 7 bis 21 Tage vor Beginn der Symptome auf mögliche Kontakte zu an Masern Erkrankten und eine Reiseanamnese (auch in andere Bundesländer oder Kreise) sind für eine optimale Untersuchung der Transmissionsketten unerlässlich. Auch die von der WHO geforderte Klassifikation der Masernfälle in importiert, import-assoziiert und endemisch wurde für die Masernfälle sehr gut umgesetzt.

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. Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) als Spätfolge einer Masernerkrankung wurde im Jahr 2020 im Rahmen des im März in Kraft getretenen Masernschutzgesetzes meldepflichtig. SSPE wurde bisher im Jahrbuch nicht berücksichtigt. Im Jahr 2024 wurden Daten von zwei SSPE-Fällen übermittelt, die im Alter von 6 bzw. 7 Jahren aufgetreten waren.

## Fazit

Für das Jahr 2024 wurde eine Maserninzidenz von 0,8 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2023: 0,09). Die von der WHO vorgeschlagene richtungsweisende Indikatorinzidenz von < 0,1 Erkr./100.000 Einwohner zur Dokumentation erfolgreicher Schritte hin zu einer Masern-Elimination wurde im Jahr 2024 nicht erreicht. Die Maserninzidenz hat das präpandemische Niveau wieder erreicht. Erwartungsgemäß ist die Zahl der Masernfälle wieder angestiegen, da die Masern wieder vermehrt nach Deutschland importiert werden.

Allerdings führte die gute Datenlage dazu, dass die Transmissionsketten gut verfolgt werden konnten. Die WHO hat daher nach dem Jahr 2022 nun auch für das Jahr 2023 Deutschland den Status einer rechtzeitigen Unter-

brechung der Transmissionsketten zuerkannt. Die Bewertung für das Jahr 2024 wird zu Beginn des Jahres 2026 erwartet.

Wichtig bleibt es, die Immunitätslücken in der Bevölkerung, insbesondere bei Personen, die für längere Zeit nach Deutschland 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 vergleichsweise hohen Inzidenzen der Masern bei Kindern unter 12 Monaten zeigt, dass der Gemeinschaftsschutz (Herdimunität) 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 jüngste Altersgruppe 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, Mankertz A, Holzmann H: *The epidemiology and diagnosis of measles-special aspects relating to low incidence*. *Dtsch Ärzteblatt Int* 2024; 121:875-81. <https://doi.org/10.3238/arztebl.m2024.0211>
- 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, Rau C: *Impfquoten in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus dem RKI-Impfquotenmonitoring*. *Epid Bull* 2024; 50. <https://doi.org/10.25646/12956.3>
- 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>
- RKI: *Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln beim Robert Koch-Institut*. Stand 2024. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Impfen/Eliminationsprogramme/Nationale-Verifizierungskommission-Masern-Roeteln/Berichte/berichte-node.html>
- RKI: *RKI-Ratgeber Masern*. 2024. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2025*. *Epid Bull* 2025; 4. <https://doi.org/10.25646/12971.4>
- 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/10.25646/6447.3>
- STIKO: *Fachliche Anwendungshinweise zur Masern-Postexpositionsprophylaxe bei Risikopersonen*. *Epid Bull* 2017; 2. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2017-002.1>

## 6.42 Meningokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 344
- ▶ Zunahme der Fallzahlen im Jahr 2024 um 36 % zum Vorjahr, nach Abfall während der COVID-19-Pandemie und erstem Wideranstieg 2022
- ▶ Die Serogruppen B (48 %) und Y (42 %) wurden am häufigsten nachgewiesen.
- ▶ Leichter Rückgang der Todesfälle auf 32 (Vorjahr: 37)
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter von 0 Tagen bis 5 Jahren, bei 15- bis 24-Jährigen und >79-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). Meningokokken werden in verschiedene Serogruppen unterteilt, von denen in Deutschland die Serogruppen B und Y am häufigsten vorkommen, gefolgt von den Serogruppen W und C. Der Fall-Verstorbenen-Anteil der invasiven Meningokokken-Infektionen beträgt 8 bis 13 %.

Die Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) für Meningokokken wurden im Oktober 2025 angepasst. Für das Jahrbuch 2024 wird sich in diesem Kapitel auf die für das Jahr 2024 gültigen STIKO-Empfehlungen bezogen. Die STIKO empfahl bis Oktober 2025 für alle Kinder im ersten Lebensjahr eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe B mit einem oberflächenprotein-

basierten Impfstoff sowie für Kinder im zweiten Lebensjahr eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C mit einem Konjugatimpfstoff. Ältere Kinder sollen nachgeimpft werden. Des Weiteren sind tetravalente Konjugatimpfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sowie oberflächenproteinbasierte Impfstoffe gegen Meningokokken der Serogruppe B für Personen mit erhöhtem Risiko für eine invasive Meningokokken-Infektion empfohlen.

### Falldefinition

Seit dem Jahr 2015 erfüllen auch an einer invasiven Meningokokken-Infektion Erkrankte ohne Labornachweis des Erregers bzw. ohne epidemiologische Bestätigung (Falldefinitions-kategorie A) die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. WFS) erfüllt ist. Ebenso erfüllen seit 2015 alle labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen die Referenzdefinition, auch wenn das klinische Bild nicht erfüllt oder unbekannt ist (Falldefinitions-kategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, die die Referenzdefinition erfüllen. Eine Übersicht über die Anzahl übermittelter invasiver Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition gibt Tabelle 6.42.1.

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 erfüllten insgesamt 344 invasive Meningokokken-Infektionen die Referenzdefinition, 36 % mehr als im Vorjahr. Es zeigte sich auch 2024 ein saisonales Muster mit Erkrankungsgipfel im I. Quartal, jedoch deutlich schwächer ausgeprägt als in den präpandemischen Jahren. Im Jahr 2024 wurden im I. Quartal mit 101 Fällen 29 % der Gesamtfallzahlen des Jahres übermittelt, dieser Anteil nahm im II. Quartal mit 91 Fällen und damit 26 % leicht ab. Im III. Quartal wurden mit 70 Fällen (20 %) der geringste Anteil der Gesamtfallzahlen des Jahres übermittelt, im IV. Quartal mit 82 Fällen (24 %) erneut etwas mehr.

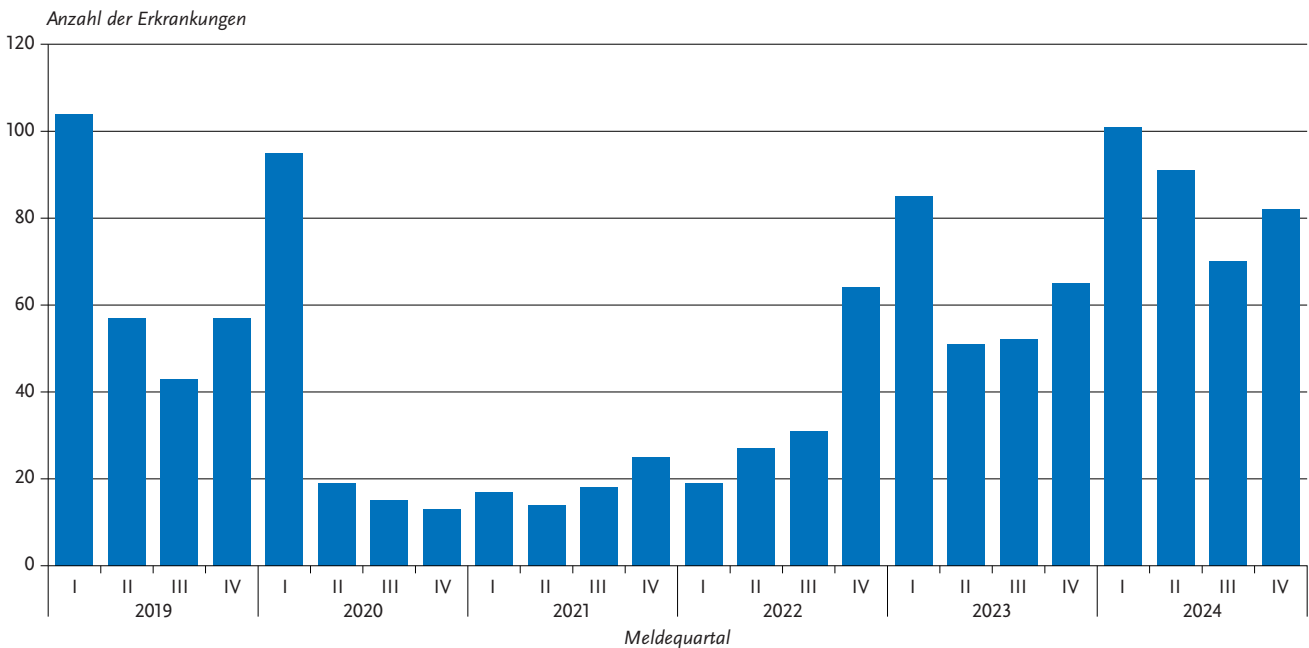
### Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen lag bundesweit bei 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einw.

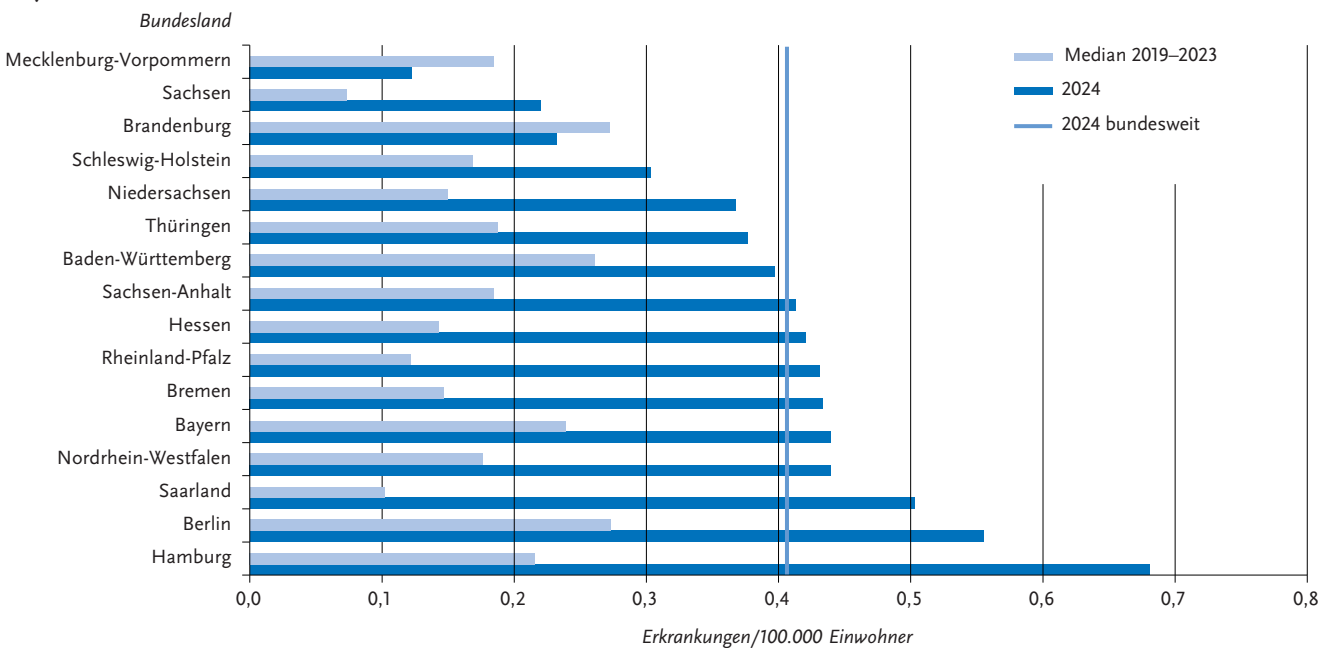
Tab. 6.42.1: Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	3	1 %	5	1 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	2	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	239	94 %	322	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	10	4 %	13	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	0 %	2	1 %
alle	253	100 %	344	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	253	100 %	344	100 %

**Abb. 6.42.1:**  
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



**Abb. 6.42.2:**  
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 344) im Vergleich mit den Vorjahren



(Median der 5 Vorjahre: 0,2 Erkr./100.000 Einw.). Regional gab es in der Inzidenz nach Bundesländern deutliche Unterschiede mit beispielsweise einer Inzidenz von 0,7 Erkr./100.000 Einw. in Hamburg und 0,1 Erkr./100.000 Einw. in Mecklenburg-Vorpommern. Diese regionalen Unterschiede waren jedoch nicht systematisch bei Betrachtung mehrerer Vorjahre (s. Abb. 6.42.2).

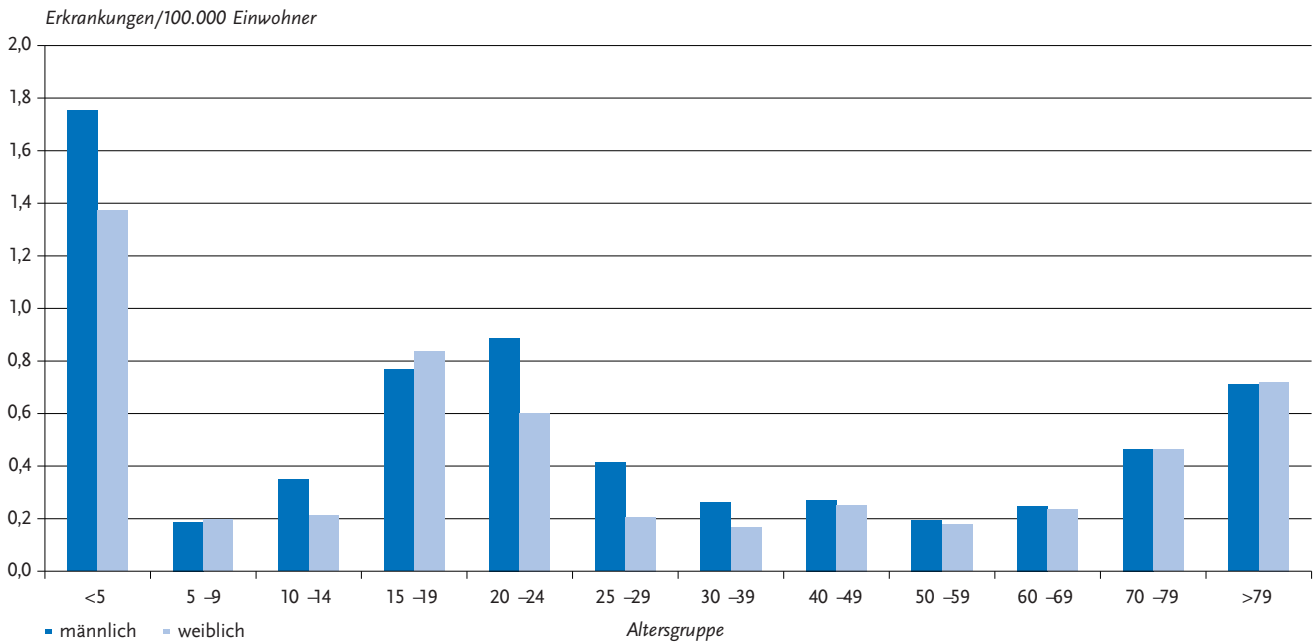
Von den 287 (83 %) invasiven Meningokokken-Infektionen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland

wurde bei 276 Fällen Deutschland, bei 9 Fällen Länder des europäischen Auslands und bei 2 Fällen außereuropäische Länder (Nepal, Mexiko) als wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich).

**Demografische Verteilung**

Die höchsten Fallzahlen wurden für Säuglinge im ersten Lebensjahr übermittelt. Auf diese Altersgruppe entfielen 10 % (36 Fälle) der übermittelten invasiven Meningo-

**Abb. 6.42.3:**  
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 343)



kokken-Infektionen. Unter den Säuglingen war damit auch die höchste Inzidenz mit 5,2 Erkr./100.000 Einw. zu verzeichnen. Dabei waren Säuglinge männlichen Geschlechts (5,9 Erkr./100.000 Einw.) häufiger betroffen als Säuglinge weiblichen Geschlechts (4,5). Für die folgenden Lebensjahre nahm die Inzidenz ab, blieb bis zum 6. Lebensjahr jedoch über dem allgemeinen Altersdurchschnitt (1- bis 4-Jährige: 0,5 bis 1,0 Erkr./100.000 Einw.; Gesamtinzidenz: 0,4). Weitere, kleinere Gipfel der Inzidenz bestanden in den Altersgruppen der 15- bis 19-Jährigen und 20- bis 24-Jährigen (jeweils 0,8 Erkr./100.000 Einw.) sowie den >79-Jährigen (0,7). Dabei waren junge Männer im Alter von 20 bis 24 Jahren (0,9 Erkr./100.000 Einw.) etwas häufiger betroffen als gleichaltrige Frauen (0,6). Bei den Jugendlichen im Alter von 15 bis 19 Jahren und älteren Erwachsenen >79 Jahre zeigte sich dieser Unterschied nicht (s. Abb. 6.42.3).

Von den insgesamt 344 Fällen waren 183 männlichen und 161 weiblichen Geschlechts. Über alle Altersgruppen unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem und weiblichem Geschlecht nicht (0,4 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.42.3).

### Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild wurden bei 342 der 344 invasiven Meningokokken-Infektionen (99 %) gemacht, wobei für 329 Fälle (96 %) Symptome im Sinne der Falldefinition berichtet wurden. Nach diesen Angaben lagen bei 161 Fällen eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 175 ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 79 Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das Waterhouse-Friderichsen-Syndrom

bei 41 Fällen und Purpura fulminans bei 20 Fällen angegeben.

Insgesamt 32 Fälle mit invasiven Meningokokken-Infektionen wurden als verstorben übermittelt, davon 29 als an der gemeldeten Krankheit verstorben. Die Verteilung der für die Infektion verantwortlichen Serogruppen war wie folgt: Serogruppe B: 6 Todesfälle, Serogruppe W: 2 Todesfälle, Serogruppe Y: 14 Todesfälle, Serogruppe nicht erhoben oder nicht ermittelbar: 7 Todesfälle. Eine erkrankte Person verstarb aufgrund unbekannter Ursache (Serogruppe Y) und 2 erkrankte Personen aufgrund anderer Ursache (Serogruppe nicht erhoben). Der all-Verstorbenen-Anteil lag somit bei 8 % (Vorjahr: 13 %).

### 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 Januar 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 281 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 105 Fällen (37 %) die Angabe zum Impfstatus, in 39 Fällen (14 %) wurde mindestens eine Impfung berichtet, davon hatten 5 (13 %) Fälle einen Meningokokken-B-Impfstoff und 26 (67 %) Fälle einen Meningokokken-C-Impfstoff erhalten. Der Impfstoff der weiteren 8 (20 %) geimpften Fälle war nicht bekannt (nicht erhoben, nicht ermittelbar oder »andere/sonstige«).

Von den 26 Meningokokken-C-Geimpften hatte keiner der Fälle einen Nachweis der Serogruppe C, stattdessen wurde bei 19 Fällen die Serogruppe B, bei 6 Fällen die Serogruppe Y und bei einem Fall die Serogruppe W nachgewiesen. Es handelt sich hierbei also nicht um einen Impfdurchbruch. Von den 5 übermittelten Fällen mit Meningokokken-B-Impfung wurde bei 4 der Fälle eine Infektion mit der Serogruppe B nachgewiesen und bei einem der Fälle eine Infektion mit der Serogruppe Y. Einer der Meningokokken-B-Fälle erkrankte 20 Jahre nach angegebene Impfdatum. Diese Angabe ist nicht plausibel, da zum angegebenen Impfzeitpunkt noch kein Meningokokken-B-Impfstoff zugelassen war. Für die anderen Fälle wurde kein Impfdatum und nur eine Impfstoffdosis angegeben (drei Impfstoffdosen für eine vollständige Grundimmunisierung notwendig). Es handelt sich hierbei um ein 0- und ein 5-jähriges Kind sowie eine 60-jährige Erwachsene. Risikofaktoren waren nicht bekannt. In allen Fällen wurde eine unspezifische Symptomatik beobachtet, verstorben ist keiner der Fälle.

### Nachgewiesene Erreger

Für 283 (82 %) der 344 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen lagen spezifische Angaben zur Serogruppe des Erregers vor (Vorjahr: 85 %). Die Tabelle 6.42.2 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist wie in den Vorjahren mit 136 Fällen (48 %) die am häufigsten nachgewiesene Serogruppe (Vorjahr: 105 [49 %]); gefolgt von der Serogruppe Y mit 120 (42 %) Fällen, die im Jahr 2023 einen starken Anstieg zu verzeichnen hatte (Vorjahr: 93 [43 %]).

Die Serogruppe W wurde bei 14 (5 %) Fällen (Vorjahr: 9 [4 %]) und die Serogruppe C wurde bei 9 (3 %) Fällen (Vorjahr: 7 [3 %]) nachgewiesen. Bei jeweils einem Fall wurden die Serogruppen A, L und WY nachgewiesen, außerdem bei einem Fall unbekapselte Meningokokken (capsule null locus).

Der im Vorjahr verzeichnete Anstieg der Serogruppe Y blieb weiterhin auf hohem Niveau. Die Serogruppe Y war vorwiegend in höheren Altersgruppen zu beobachten, wohingegen bei Säuglingen und Kleinkindern <5 Jahren weiterhin die Serogruppe B am häufigsten auftrat (38 der 50 [76 %] Fälle mit spezifischen Angaben zur Serogruppe des Erregers in <5-Jährigen). Die Serogruppen W und C behielten auch 2024 ein niedriges Niveau bei.

Seit 2006 wird für alle Kinder ab dem Alter von einem Jahr eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C empfohlen und seit 2024 für alle Kinder ab dem 2. Lebensmonat eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe B.

Die folgende Analyse bezieht sich auf die Altersgruppe der 1- bis 14-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Die über VacMap verfügbaren Daten der KV-Impfsurveillance zeigt für 2017 geborene Kinder, zum Schuleingangsalter (ca. 2023-2024) im Bundesdurchschnitt eine Impfquote von knapp 90 %. Im Jahr 2024 wurde bei 32 von den 44 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe eine Serogruppe angegeben. Bei 2 der 44 Fälle wurde die Serogruppe C nachgewiesen (Vorjahr: 0 Fälle, zw. 2017-2021 ein bis 2 Fälle jährlich). Im Vergleich zu dem Jahr 2006 [Zeitpunkt der STIKO-Empfehlung] nahmen die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe C damit um

96 % (2024: 2 Fälle gegenüber 2006: 52 Fälle) ab. Im selben Zeitraum sind die invasiven Meningokokken-Infektionen der Serogruppe B in dieser Altersgruppe ebenfalls stark zurückgegangen; insgesamt um 78 % (2023: 26 Fälle gegenüber 2006: 116 Fälle). Es liegt daher nahe, dass sich neben der Impfung weitere Faktoren auf das Infektionsgeschehen auswirken.

**Tab. 6.42.2:**  
Serogruppenverteilung der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2024 (n = 283 mit Angabe der Serogruppe)

Serogruppe	Anzahl	Prozent
Serogruppe B	136	48,1 %
Serogruppe Y	120	42,4 %
Serogruppe W	14	4,9 %
Serogruppe C	9	3,2 %
Serogruppe A	1	0,4 %
Serogruppe L	1	0,4 %
Serogruppe WY	1	0,4 %
cnl („capsule null locus“)	1	0,4 %
<b>Summe</b>	<b>283</b>	<b>100 %</b>

## Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurde eine Häufung mit 3 invasiven Meningokokken-Infektionen übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen im gleichen Haushalt bei gleichaltrigen Geschwistern im Alter von 10 und 11 Jahren sowie dem Vater (Indexfall). Die Kinder erkrankten trotz erfolgter Postexpositionsprophylaxe (PEP) mild (Fieber und Kopfschmerzen in beiden Fällen, Nackensteifigkeit in einem Fall). Ursächlich waren Meningokokken der Serogruppe B.

## Datenqualität

Die übermittelte Angabe zum Geschlecht war für alle Fälle vollständig, die Angabe zum Alter fehlte für einen Fall (>99 % vollständig). Der Anteil der übermittelten Infektionen mit eindeutigen Angaben zur Serogruppe lag bei 82 % und damit leicht unter dem Niveau des Vorjahres (85 %). Angaben zum Impfstatus fehlten bei 38 % (132/344) der übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen. Unter den Fällen mit Angaben zum Impfstatus waren 75 % (160/212) ungeimpft. Die Angaben zum Impfstoff unter den geimpften Fällen waren bei 79 % (41/52) vorhanden. Eine möglichst vollständige Erfassung der Serogruppe und des Impfstatus ist zur Überwachung der Effekte durch die von der STIKO empfohlenen Impfungen gegen Meningokokken der Serogruppen B und C sowie zur Erkennung von Impfdurchbrüchen unerlässlich. Es ist bekannt, dass die Impfantikörper nach einer Impfung mit den Konjugatimpfstoffen gegen die Serogruppen A, C, W und Y mit der Zeit abnehmen, insbesondere wenn vor dem Alter von 10 Jahren geimpft wurde, sodass gelegentlich 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 2024 im Vergleich zum Vorjahr weiter zu. 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, sowie die starken ARE-Saisons sind hierfür eine wahrscheinliche Erklärung.

Seit Einführung der Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C für einjährige Kinder im Jahr 2006 nahm

die Zahl der Fälle mit dieser Serogruppe in der primären Impfzielgruppe der ein- bis inzwischen 19-Jährigen auf ein sehr niedriges Niveau ab (seit 2017 0 bis 2 Fälle jährlich). Der beobachtete Rückgang ist 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)
- Nationales Referenzzentrum für Meningokokken und Haemophilus influenzae (NRZMHi): *Daten zur Laborüberwachung von Meningokokken (2022)*. 2022. Abrufbar unter: [https://www.hygiene.uni-wuerzburg.de/fileadmin/0321-meningococcus/2023/Web-Bericht\\_Nm\\_2022\\_DE\\_20230424.pdf](https://www.hygiene.uni-wuerzburg.de/fileadmin/0321-meningococcus/2023/Web-Bericht_Nm_2022_DE_20230424.pdf)
- Piechotta V, Günther F, Berner R, et al.: *Beschluss und wissenschaftliche Begründung zur Evaluation einer quadrivalenten Meningokokken-Impfung für Kleinkinder sowie ältere Kinder, Jugendliche und junge Erwachsene*. Epidemiologisches Bulletin. 2025(44). <https://doi.org/10.25646/13539>
- 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>
- Rieck T, Feig M, Siedler A: *Impfquoten von Kinderschutzimpfungen in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus der RKI-Impfsurveillance*. Epid Bull 2022; 48. <https://doi.org/10.25646/9355.3>
- RKI: *RKI-Ratgeber Meningokokken, invasive Erkrankungen (Neisseria meningitidis)*. 2024. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2024*. Epid Bull 2024; 4. <https://doi.org/10.25646/11892.4>
- 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>

## 6.43 Middle East Respiratory Syndrome (MERS)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 0
- ▶ Letzter Fall in Deutschland in 2015
- ▶ Global seit Bekanntwerden von MERS in 2012 ca. 2.600 gemeldete Fälle, seit 2014 sinkender Trend, seit 2020 sehr niedriges Niveau
- ▶ Alle Fälle mit epidemiologischer Verbindung zu arabischer Halbinsel
- ▶ Dromedare sind das Reservoir, Infektionen kommen vorwiegend als Zoonose vor oder im Rahmen von Krankenhausesexposition (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 Wirtsspezies 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 13.03.2025 registrierte die Weltgesundheitsorganisation (WHO) 2.618 Fälle, entsprechend einer Zunahme von 17 Fällen seit Ende 2023. Seit 2015 geht die Inzidenz von MERS zurück. Dieser Rückgang wird auf die verstärkten

weltweiten Bemühungen zur Früherkennung von Infektionen und zur Eindämmung der Übertragung zurückgeführt. Seit 2020 wurde ein noch stärkerer Rückgang der neuen MERS - (MERS-Fälle) beobachtet, 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. Auch nach der Pandemie bleiben MERS-Inzidenzen weltweit auf einem niedrigen Niveau.

Seit 2012 haben 27 Länder Fälle an die WHO gemeldet. Von den gemeldeten 2.618 Fällen starben 945. 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-Fälle stammt mit 2.209 Fällen (von insgesamt 2.618 Fällen; 84 %) 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. Die WHO empfiehlt insbesondere Menschen mit Vorerkrankungen, wie z. B. Diabetes mellitus, den Kontakt mit Dromedaren zu meiden.

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-jährigen 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

- 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>
- 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/ese.18.08.20406-en>
- Corman VM, Lienau J, Witzenth M: *Coronaviren als Ursache respiratorischer Infektionen*. Internist 2019; 60(11). <https://doi.org/10.1007/s00108-019-00671-5>
- Donnelly CA, Malik MR, Elkholy A, Cauchemez S, Van Kerkhove MD. *Worldwide reduction in MERS cases and deaths since 2016*. Emerg Infect Dis. 2019, 25(9). <https://doi.org/10.3201/eid2509.190143>
- ECDC: *Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) – Multi-country – Monthly update*. Weekly Communicable Disease Threats Report, Week 20, 10–16 May 2025. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/communicable-disease-threats-report-week-20-2025.pdf>
- ECDC: *Middle East respiratory syndrome situation update*. 2025. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/middle-east-respiratory-syndrome-coronavirus-mers-cov-situation-update>
- 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>
- RKI: *Informationen zu MERS 2024*. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/M/MERS/mers-node.html>

World Health Organization (WHO): *Middle East Respiratory Syndrome coronavirus – Kingdom of Saudi Arabia*. Disease Outbreak News 2025. Abrufbar unter: <http://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2025-DON560>

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>

## 6.44 Milzbrand



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 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 2024 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei Heroingebrauchenden übermittelt; eine Person 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: *Injective 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 Milzbrand (Anthrax)*. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.45 Mpox



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 275
- ▶ Fälle fast ausschließlich bei Männern
- ▶ Nach starkem Rückgang der Fälle nach Ausbruchsgeschehen in 2022 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 (Variolavirus) und den als Zoonose bekannten Kuhpockenviren.

MPXV sind in West- und Zentralafrika bei Nagetieren endemisch und bedingen ein zoonotisches Infektionsrisiko. 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 vermutlich vorwiegend zoonotisch, insbesondere von Nagetieren auf den Menschen. Im globalen Ausbruchsgeschehen seit Frühjahr 2022 wurden MPXV jedoch ganz überwiegend von Mensch zu Mensch übertragen. Infektionen wurden fast ausschließlich bei engen Kontakten beobachtet, insbesondere im Rahmen sexueller Aktivitäten. In dem internationalen Ausbruchsgeschehen handelte es sich bis einschließlich 2024 fast ausschließlich um Infektionen mit der MPXV-Klade IIb. 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. Seit 2024 wurden zunächst aus mehreren afrikanischen Staaten das Auftauchen einer neuen, genetisch unterschiedlichen Klade Ib berichtet, die ebenfalls bei engem Mensch-zu-Mensch-Kontakt und im Rahmen sexueller Aktivitäten übertragen wird.

Bezüglich beider Kladen äußert sich die Infektion 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 Nr. 1 IfSG bzw. § 7 Abs. 1 IfSG meldepflichtig (vor Einführung des Meldetatsbestands Orthopocken im Herbst 2022 wurden Mpox unter der Kategorie bedrohliche übertragbare Krankheit gemeldet). Im Kontext des länderübergreifenden Ausbruchsgeschehens mit Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde dem RKI erstmals im Mai 2022 ein Fall von Mpox übermittelt. Im Jahr 2024 wurden insgesamt 275 Fälle an das RKI übermittelt, ein Anstieg gegenüber dem Vorjahr um 123% (2023: 123 Fälle). Bundesweit lag die Inzidenz damit bei 0,3 Erkrankungen pro 100.000 Einw., mit einer deutlich erhöhten Inzidenz in Hamburg (3,1; Vorjahr: 0,3) und Berlin (1,8; Vorjahr: 2,1). Aus den übrigen Kreisen wurde nur eine geringe Anzahl von Fällen bzw. meist keine Fälle übermittelt, resultierend in noch deutlich niedrigeren Inzidenzen.

Der Männeranteil der Fälle lag bei 98,2 %, der Frauenanteil bei 1,8 % (5 Fälle). Die höchste Inzidenz wiesen Männer der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf (1,7 Erkr./100.000 Einw.), gefolgt von den Altersgruppen 25-29 Jahre (1,6) und 40-49 Jahre (1,5). Zwei der bei Frauen gemeldeten Fälle wurde in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen diagnostiziert, jeweils ein Fall in den Altersgruppen 10-14 Jahre, 25-29 Jahre sowie 30-39 Jahre.

Es wurde kein Todesfall übermittelt.

Bei sechs der 275 im Jahr 2024 übermittelten Fälle handelte es sich um Infektionen mit der Klade Ib (2,2%), bei allen anderen um Infektionen mit der Klade IIb (97,8%). Drei der sechs Fälle mit Klade Ib waren Primärfälle, die mit einer Reise in zentralafrikanische Länder assoziiert waren, in denen Klade Ib auftritt. Bei den drei weiteren Fällen mit Klade Ib handelte es sich um Sekundärfälle im Haushalt eines der Primärfälle.

### Fazit

Nach dem starken Anstieg von Mpox-Fällen seit 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 von MPXV zu verzeichnen, das sich auf deutlich niedrigerem Niveau als 2022 bewegt.

**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>

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>

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*. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/mpox>

RKI: *RKI-Ratgeber Mpox*. 2026. Abrufbar unter: <https://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>

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>

**6.46 Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus (MRSA), invasive Infektion**

 Fälle nach Referenzdefinition 2024: **1.167**

- ▶ Von 2012 bis 2020 deutliche Abnahme der Fallzahlen, seit 2020 Vorliegen eines Plateaus mit einem leichten Anstieg der Fallzahlen seit 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 Blut oder Liquor. Die Meldepflicht wurde zum 01.07.2009 eingeführt. Übermittelt werden alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen unabhängig vom klinischen Bild, diese erfüllen gleichzeitig die Referenzdefinition. Der Nachweis von Krankheitserregern in der Blutkultur wird als Bakteriämie bezeichnet und ist nicht in jedem Fall mit einer Sepsis verbunden.

**Falldefinition**

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.46.1).

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden 1.167 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 3,6 % mehr als im Vorjahr (1.126). Die Inzidenz in Deutschland betrug 1,4 Fälle pro 100.000 Einw. und entspricht somit annähernd der Inzidenz des Vorjahres von 1,3 Fällen/100.000 Einw. Seit 2012 waren sinkende Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.46.1). Während dieser Rückgang im Jahr 2020 besonders ausgeprägt war, zeigte sich in den Jahren 2021/22 nur eine geringe Verminderung. Seit 2023 zeigt sich erstmalig seit 2012 ein leichter Anstieg der Fallzahlen.

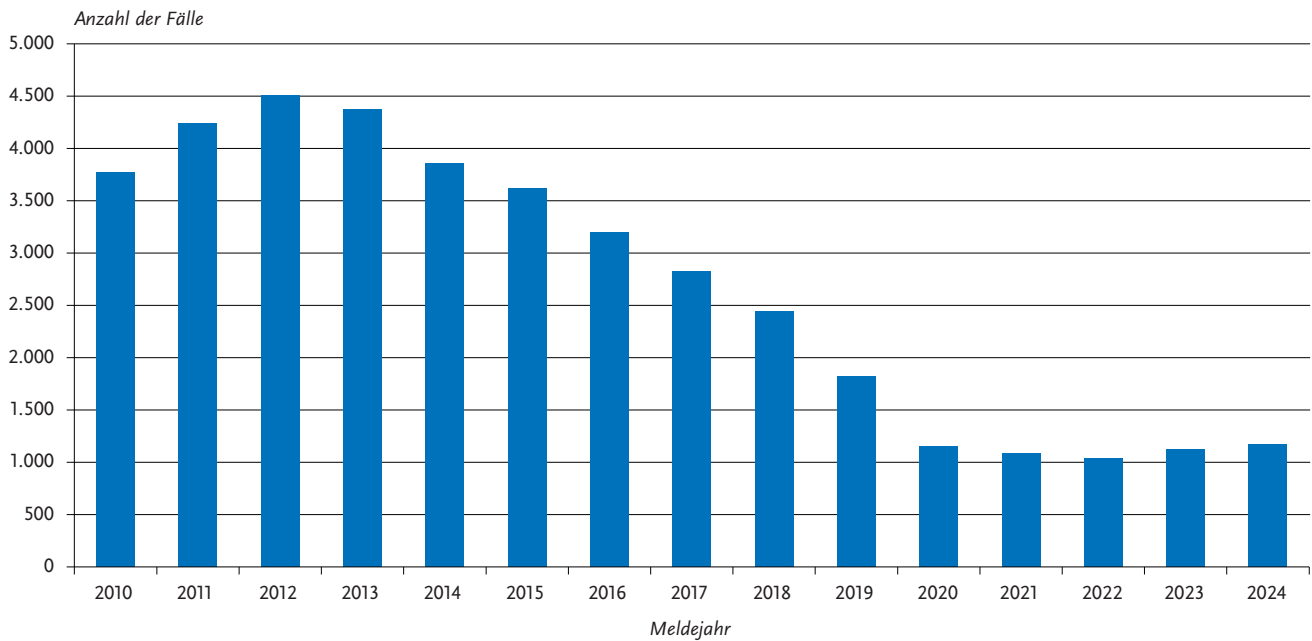
**Geografische Verteilung**

Die regionalen Inzidenzen lagen in 2024 zwischen 0,4 (Bremen) und 2,4 (Thüringen) Fälle/100.000 Einw. (s. Abb. 6.46.2). Es zeigten sich teils deutliche Unterschiede, sowohl im

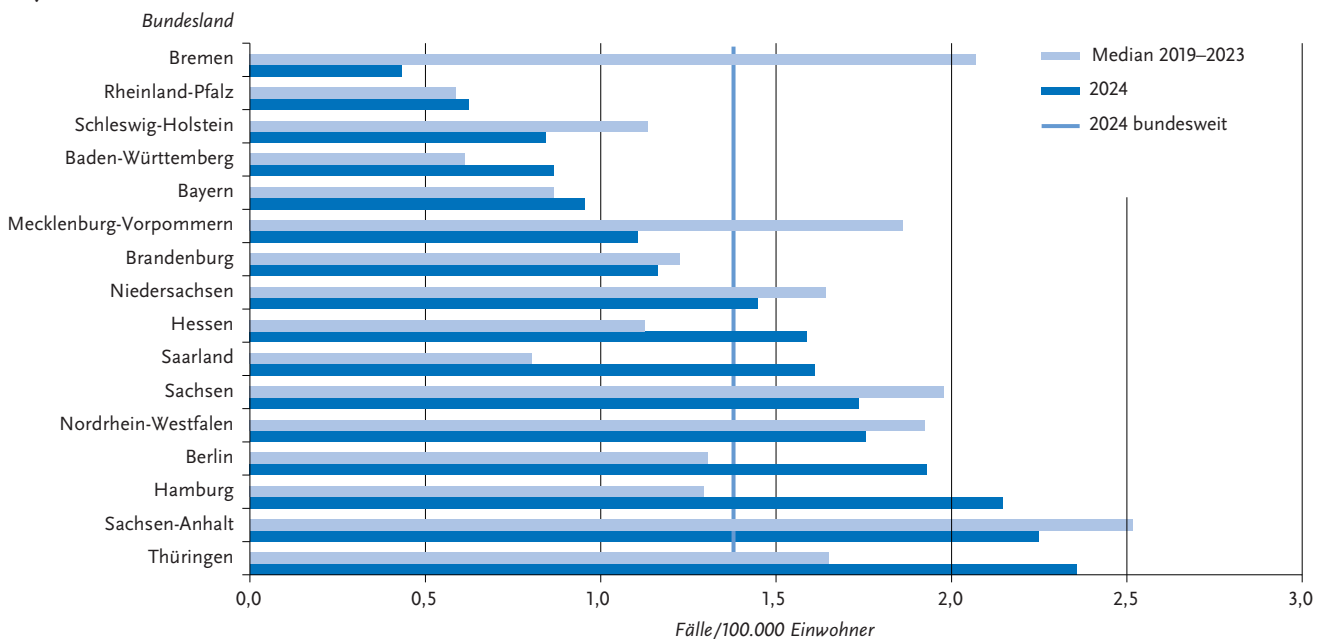
**Tab. 6.46.1:** Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	765	68 %	776	66 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	186	17 %	202	17 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	175	16 %	189	16 %
alle	1.126	100 %	1.167	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>1.126</b>	<b>100 %</b>	<b>1.167</b>	<b>100 %</b>

**Abb. 6.46.1:**  
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2010 bis 2024



**Abb. 6.46.2:**  
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 1.167) im Vergleich mit den Vorjahren

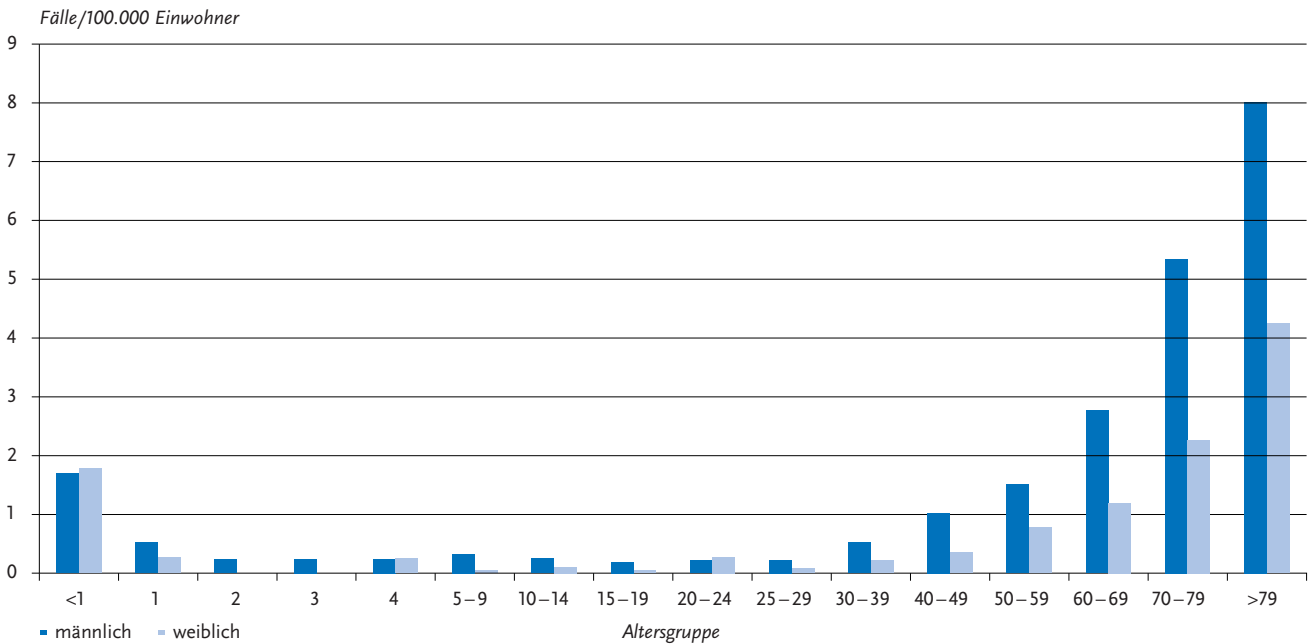


Vergleich zum Vorjahr als auch im Vergleich zwischen den Bundesländern. Eine Ursache hierfür könnten die im Rahmen von Ausbrüchen auftretenden erhöhten Fallzahlen sein, die Gründe können jedoch durch die im Meldesystem erhobenen Daten allein nicht geklärt werden.

**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 3,7. Insgesamt 73 % der Betrof-

**Abb. 6.46.3:**  
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 1.167)



fenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (1,7 Fälle/100.000 Einw.) auf (s. Abb. 6.46.3). Mit einer Inzidenz von 1,8 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (1,0 Fälle/100.000 Einw.).

### Klinische Aspekte

Die MRSA-Nachweise stammten zu 99 % aus Blutkulturen. Bei 12 (1,0 %) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 3 von diesen 12 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 892 der übermittelten Fälle lagen Angaben zum klinischen Bild vor. Bei 536 (60 %) der Fälle mit vorhandenen klinischen Angaben wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 568 (64 %) Fällen wurde Fieber angegeben. Bei 187 (21 %) der übermittelten Fälle mit klinischen Angaben lag ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art vor.

Bei insgesamt 1.165 Fällen mit invasiver MRSA-Infektion wurden Angaben darüber gemacht, ob diese verstorben waren. 106 Fälle waren verstorben, davon 47 (44 %) als direkte Folge der gemeldeten Krankheit, 40 (38 %) aufgrund unbekannter oder einer anderen Ursache. Bei 19 (18 %) war die Ursache unbekannt. Der Fall-Verstorbenen-Anteil liegt bei 4 % (47 Todesfälle von 1.165 Fällen mit entsprechenden Angaben, die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden). Hierbei ist von einer starken Untererfassung auszugehen, da in der Literatur eine Rate von etwa 20 bis 30 % beschrieben wird. 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-Meldedaten 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, 2024 zeigte sich ebenso wie 2023 ein leichter Anstieg der Fallzahlen. Diese Entwicklung muss weiter beobachtet werden.

## Literaturhinweise

- Baum JHJ, Dörre A, Reichert F, et al.: *Changes in incidence and epidemiology of antimicrobial resistant pathogens before and during the COVID-19 pandemic in Germany, 2015-2022*. BMC Microbiol. 2025;25(1). <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03723-5>
- 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>
- de Kraker ME, Wolkewitz M, Davey PG, et al.: *Clinical impact of antimicrobial resistance in European hospitals: excess mortality and length of hospital stay related to methicillin-resistant Staphylococcus aureus bloodstream infections*. Antimicrob Agents Chemother. 2011;55(4). <https://doi.org/10.1128/aac.01157-10>
- 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 Staphylokokken-Erkrankungen, insbesondere Infektionen durch MRSA*. 2025. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- UK Health Security Agency: *MRSA, MSSA, Gram-negative bacteraemia and CDI: 30-day all-cause mortality*. London: UK Health Security Agency; 2023. Abrufbar unter: <https://www.gov.uk/government/statistics/mrsa-mssa-and-e-coli-bacteraemia-and-c-difficile-infection-30-day-all-cause-fatality/30-day-all-cause-mortality-following-mrsa-mssa-and-gram-negative-bacteraemia-and-c-difficile-infections-2022-to-2023-report>

## 6.47 Mumps



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 393
- ▶ Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 114 bis 835 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 10 Jahren
- ▶ 242 Fälle traten bei Personen  $\geq 20$  Jahre auf
- ▶ Hohe Anzahl an möglichen Impfdurchbrüchen (60 Erkrankungen)
- ▶ Hoher Anteil an Fällen (49 %), die die Referenzdefinition aufgrund fehlender oder unzureichender Angaben zum klinischen Bild nicht erfüllen

### Kurzbeschreibung

Mumps (Parotitis epidemica), umgangssprachlich auch Ziegenpeter genannt, ist eine akute, hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen oder direkt über Speichelkontakt übertragen wird und nur beim Menschen vorkommt. Sie ist typischerweise durch Fieber und eine schmerzhafte einseitige (20 bis 30 %) oder doppelseitige (70 bis 80 %) entzündliche Schwellung der Ohrspeicheldrüse (Parotitis) gekennzeichnet, aber es können auch andere Speicheldrüsen und die Bauchspeicheldrüse (Pankreatitis) betroffen sein. Im Rahmen der Mumps-Erkrankung können eine Reihe von Komplikationen auftreten, die mit steigendem Alter häufiger werden. Die Erkrankung kann mit einer Meningitis, einer Enzephalitis und einem Hörverlust einhergehen. Bei Erwachsenen kann eine Hodenentzündung (Orchitis), eine Eierstockentzündung (Oophoritis) oder Brustdrüsenentzündung (Mastitis) auftreten. Nach einer 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. Nicht erfolgte Impfungen sollen bis zum 18. Lebensjahr nachgeholt werden. Zudem besteht eine berufliche Indikation für nach 1970 geborene Personen in besonderen beruflichen Tätigkeitsbereichen (bspw. medizinische Einrichtungen). Seit dem 2013 besteht eine Meldepflicht für akute Mumpserkrankungen und den Nachweis von Mumpsvirus.

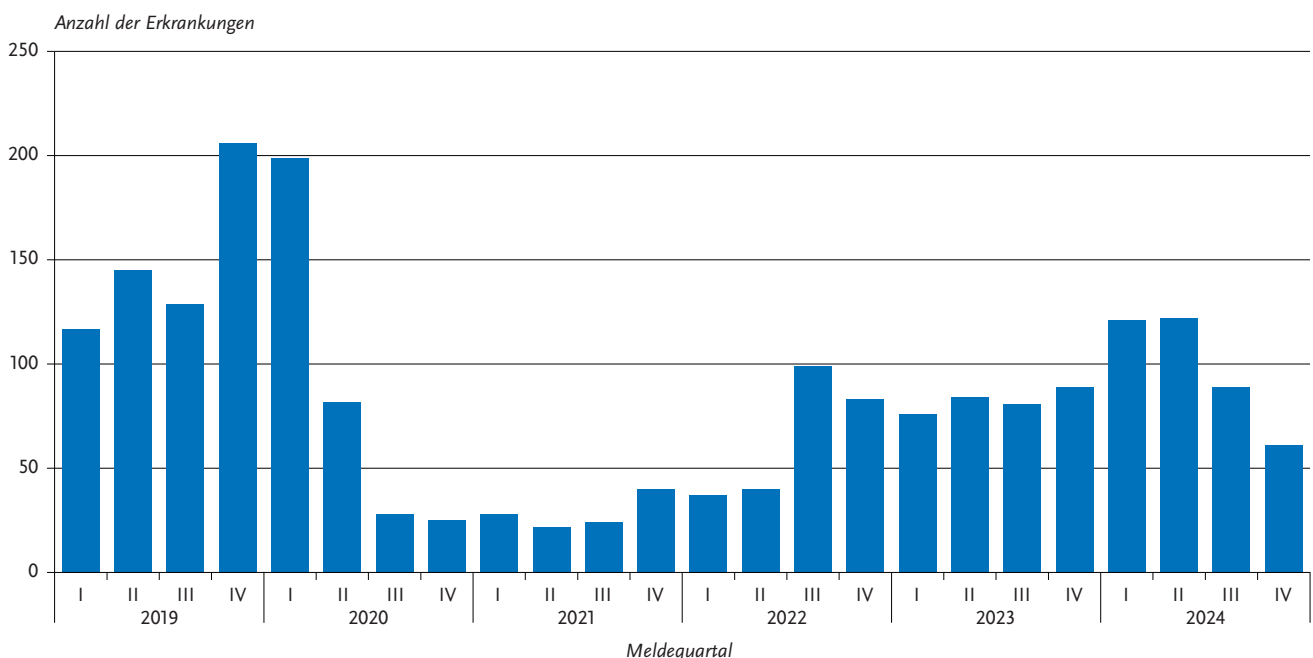
### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.47.1). Dabei ist festzuhalten, dass es einen hohen Anteil an Fällen gab, die nicht der Referenzdefinition entsprechen (Kategorie D + E). Weitere Ausführungen dazu finden sich im Kapitel „Datenqualität“.

**Tab. 6.47.1:**  
Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	85	14 %	103	13 %
klinisch-epidemiologisch (B)	7	1 %	8	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	238	40 %	282	37 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	124	21 %	185	24 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	144	24 %	186	24 %
alle	598	100 %	764	100 %
<b>Referenzdefinition (A+B+C)</b>	<b>330</b>	<b>55 %</b>	<b>393</b>	<b>51 %</b>

**Abb. 6.47.1:**  
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2019 bis 2024



### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2024 wurden 393 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Die Zahl der Mumps-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr weiter leicht zugenommen. Trotz des leichten Anstiegs befinden sich die Mumpsfallzahlen, im Vergleich zu anderen Meldejahren, weiterhin auf einem niedrigen Niveau. Das bisherige jährliche Maximum lag im Jahr 2014 bei 835 Erkrankungen. Mumps-Erkrankungen traten im gesamten Jahr 2024 auf, mit einer saisonalen Häufung in der ersten Jahreshälfte (s. Abb. 6.47.1).

### Geografische Verteilung

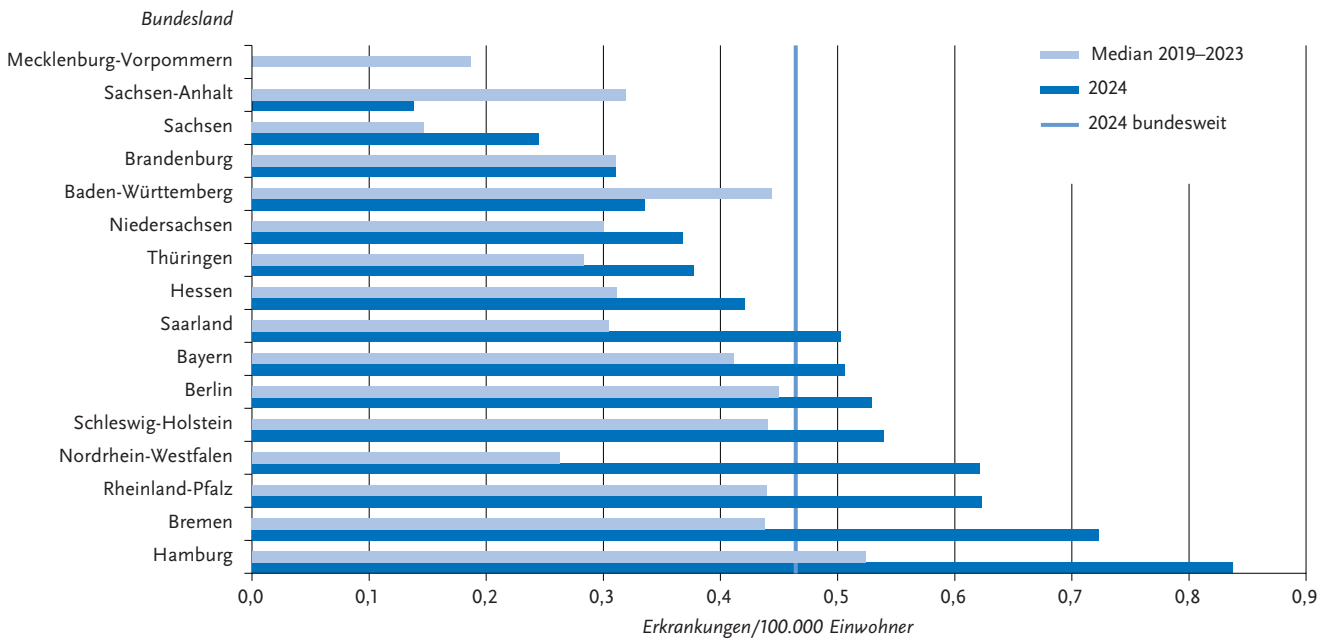
Die bundesweite Inzidenz im Jahr 2024 betrug 0,46 Erkrankungen pro 100.000 Einw. und lag damit auf dem Niveau des Medians der 5 Vorjahre (0,39 Erkr./100.000 Einw.). Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden mit abnehmender Höhe in den folgenden Bundesländern

verzeichnet: Hamburg (0,84), Bremen (0,72), Rheinland-Pfalz (0,62), Nordrhein-Westfalen (0,62), Schleswig-Holstein (0,54), Berlin (0,53), Bayern (0,51), Saarland (0,50) (s. Abb. 6.47.2). Ein besonders deutlicher Anstieg der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre wurde in Nordrhein-Westfalen registriert, ein besonders deutlicher Rückgang der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre wurde in Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt beobachtet. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 214 Erkrankungen vor. Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (mit 188 von 214 Nennungen [88 %]).

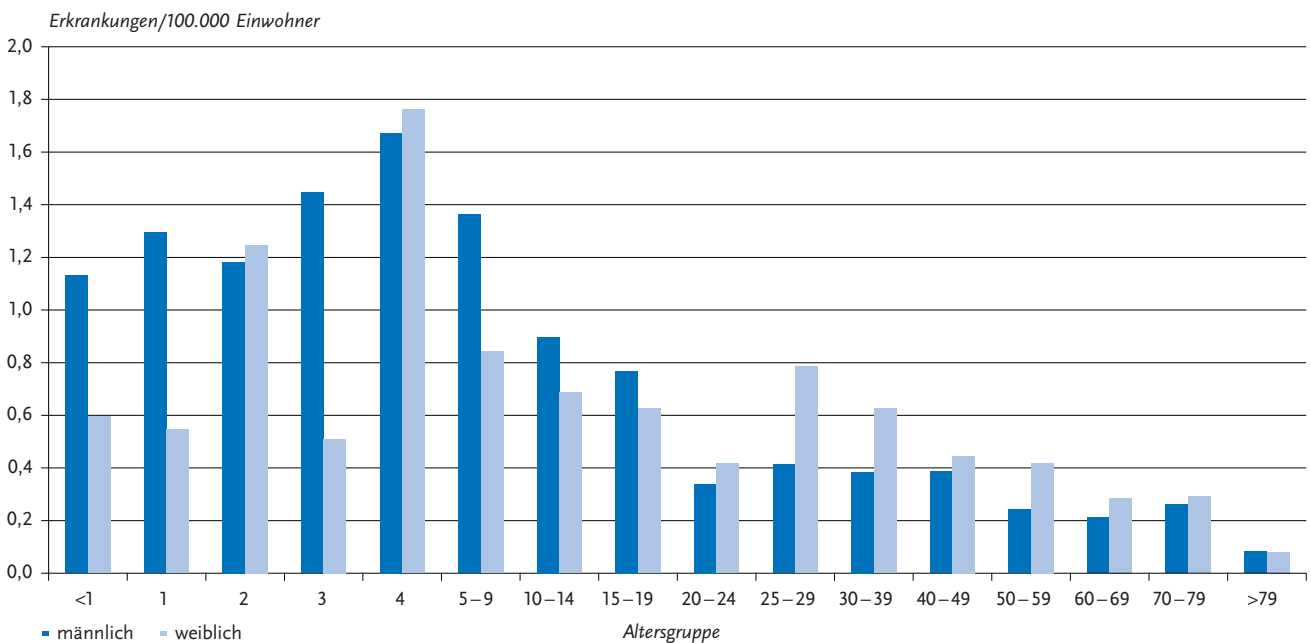
### Demografische Verteilung

Mumps kann in jedem Alter auftreten, allerdings zeigte sich ein deutlicher Erkrankungsgipfel mit hohen altersspezifischen Inzidenzen im Kindesalter. Bei Kindern <5 Jahren

**Abb. 6.47.2:**  
**Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n=393) im Vergleich zu den Vorjahren**



**Abb. 6.47.3:**  
**Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 393)**

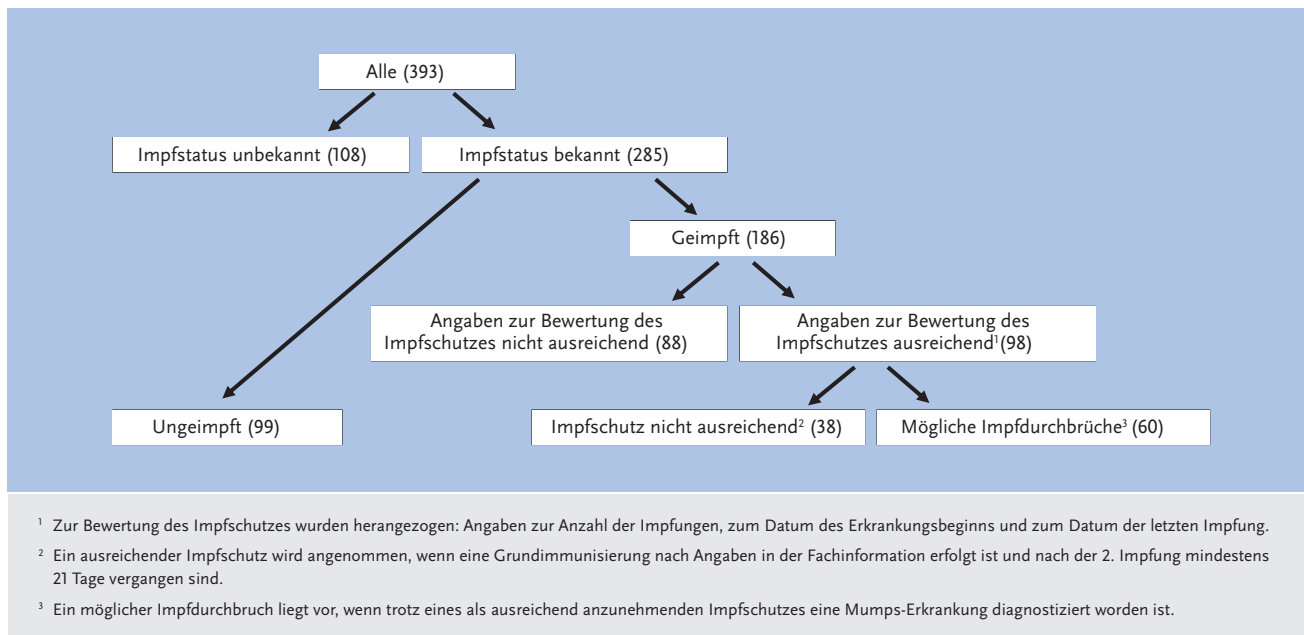


lag sie bei 1,16 Erkr./100.000 Einw. und nahm dann kontinuierlich ab: sie lag bei 1,13 bei den 5-9-Jährigen, bei 0,75 bei den 10-19-Jährigen und bei 0,35 bei den  $\geq 20$ -Jährigen. Mehr als die Hälfte (n = 242; 62 %) der Fälle waren 20 Jahre und älter. Zwischen 50-79 Jahren traten immerhin noch 91 Fälle auf (23 % aller Fälle) (s. Abb. 6.47.3). Die Mumps-Inzidenz in Deutschland ist im Jahr 2024 bei Mädchen und Frauen gegenüber Jungen und Männern nahezu gleich (0,47 bzw. 0,45).

**Klinische Aspekte**

Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, war bei 328 Erkrankungen (83 %; Mehrfachnennungen möglich) 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

Abb. 6.47.4:  
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2024 (n = 393)



angegeben: Fieber 165-mal (31 %), Orchitis 14-mal (7 % der Jungen und Männer, Pankreatitis 6-mal (1 %), Enzephalitis 3-mal (1 %), Hörverlust 10-mal (2 %), Meningitis 3-mal (1 %).

### 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. 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, sofern diese nach 1970 geboren sind. Die Effektivität der Mumps-Impfung beträgt nach einer einmaligen Impfung ~80 % und nach einer 2-maligen Impfung ~90 %.

Von den 393 übermittelten Mumps-Erkrankungen war der Impfstatus bei 285 (73 %) bekannt. Von diesen wurden 186 (65 %) als geimpft und 99 (35 %) als ungeimpft übermitteln (s. Abb. 6.47.4). Bei 98 (53 %) der 186 geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor: Davon wurden 38 Mumps-Erkrankte als »nicht ausreichend geimpft« gewertet. D. h. die betroffenen Personen hatten entweder

nur eine Impfdosis oder 2 Impfungen bei unzureichendem Abstand zwischen letzter Impfung und Erkrankung erhalten. Es wurden 60 (61 %) von 98 Erkrankten als »ausreichend geimpft« gewertet, d. h. mit  $\geq 2$  Impfstoffdosen und ausreichendem Abstand zwischen letzter Impfung und Erkrankung. Bei diesen »ausreichend Geimpften« muss von möglichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden; im Mittel lag die letzte Impfung hier etwa 12 Jahre zurück.

### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 4 Mumps-Ausbrüche mit insgesamt 11 Fällen übermitteln. Somit waren nur etwa 3 % der 2024 übermittelten Mumps-Erkrankungen im Rahmen eines Ausbruchs aufgetreten. Die Mehrzahl der Ausbrüche (3) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermitteln. Ein Ausbruch mit 5 Fällen war in Baden-Württemberg aufgetreten.

### Datenqualität

Da Mumps in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil von labor diagnostisch bestätigten Fällen bemerkenswert, die wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; n = 185/764, 24 %) oder unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitions-kategorie E; n = 186/764, 24 %) die Referenzdefinition nicht erfüllten. 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 übermitteln wurden. Zur besseren Darstellung der

Mumps-Epidemiologie in Deutschland sollte daran gedacht werden, Infektionsketten umfassender aufzuklären und nach einer möglichen Exposition zu fragen und entsprechend zu melden und zu übermitteln. Dazu ist es hilfreich, wenn möglichst immer Untersuchungsproben zur Genotypisierung an das Nationale Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden, um die molekularepidemiologische Verbreitung und Transmissionsketten der Mumpsviren einschätzen zu können.

### Fazit

Unter den impfpräventablen Krankheiten ist Mumps mit 393 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer niedrigen Fallzahl < 500 Fällen/Jahr. Bedenklich ist die hohe Anzahl (n = 60) 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/10.25646/9355.3>
- RKI: *RKI-Ratgeber Mumps*. 2023. Abrufbar unter: <http://www.rki.de/ratgeber>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4. <https://doi.org/10.25646/9285.3>
- 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>

## 6.48 Nicht-Cholera-Vibrionen-Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 95
- ▶ Mischung aus reiseassoziierten und autochthonen Fällen
- ▶ Mit Wasserkontakt assoziierte autochthone Fälle vor allem an der Ostseeküste
- ▶ Mischung verschiedener Krankheitsbilder und Vibrio-Spezies

### 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 Durchfallssymptomatiken 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 dieser Vibrionen kommen als Teil der normalen Bakterienflora von Meerwasser auch an den Küsten von Nord- und Ostsee und 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 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. Fälle von Cholera werden im entsprechenden Kapitel beschrieben (s. Kap. 6.10).

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden dem RKI insgesamt 95 Infektionen mit Nicht-Cholera-Vibrionen übermittelt. Im Jahr 2020, dem ersten Jahr der Meldepflicht, waren es 13, 2021 29, 2022 53 und 2023 69 Fälle. Betroffen waren im Jahr 2024 62 männliche und 33 weibliche Personen im Alter von 3 bis 89 Jahren (Altersmedian: 59 Jahre). Angaben zur Hospitalisierung wurden bei insgesamt 92 Fällen gemacht, davon wurden 35 (38 %) als hospitalisiert übermittelt.

Insgesamt 49 Infektionen waren klar reiseassoziiert (2022: 13, 2023: 28). Bei den reiseassoziierten Fällen

handelte es sich um 23 Infektionen mit *V. alginolyticus*, 11 Infektionen mit nicht-toxischen *V. cholerae* non-O1/non-O139 und eine Infektion mit nicht-toxischen *V. cholerae* O139, 7 Infektionen mit *V. parahaemolyticus*, je eine Infektion mit *V. fluvialis* und *V. vulnificus*; 5 reiseassoziierte Fälle wurden nur mit der Angabe „*Vibrio*“ übermittelt. *V. alginolyticus* wurden vor allem aus dem Mittelmeerraum übermittelt (18/23 Fällen). Die am häufigsten genannten Reiseländer insgesamt waren die Türkei (8 Fälle), Kenia (6 Fälle), Italien (4 Fälle), Spanien und Griechenland (je 3 Fälle). Bei 25 reiseassoziierten Fällen handelte es sich um eine gastroenteritische Erkrankung, bei 24 Fällen um Wundinfektionen.

Bei 4 Infektionen (je einmal nicht-toxische *V. cholerae*, *V. alginolyticus*, *V. parahaemolyticus* und „*Vibrio*“) gab es keinerlei Hinweise zum Infektionsort. Es handelte sich um 2 Wundinfektionen, eine Ohrinfektion und eine Angabe „Fieber“.

Die übrigen 42 Fälle haben sich mutmaßlich in Deutschland infiziert mit folgenden Spezies: 12-mal nicht-toxische *V. cholerae* non-O1/non-O139, 11-mal *V. parahaemolyticus*, je 3-mal *V. vulnificus* und *V. metschnikovii*, je 2-mal *V. alginolyticus* und *V. furnissii*, je einmal *V. fluvialis*, *V. cincinnatiensis*, *V. harveyi*, *V. mimicus* sowie 5 Fälle nur mit der Angabe „*Vibrio*“. Es lagen 36 Angaben zum Erkrankungsbeginn vor. Diese erstreckten sich durch das ganze Jahr, lagen aber erneut schwerpunktmäßig (20/36, 55%) im Juli und August. Für 15 Fälle (36 %) wurde ein Infektions- oder Wohnortkreis angegeben, der an die Ostseeküste angrenzt, darunter die Mehrzahl der Fälle mit *V. parahaemolyticus* und alle *V. vulnificus*. Viermal (10%) grenzte der Infektions- bzw. Wohnortkreis an die Nordsee an. Häufig wird beschrieben, dass die Betroffenen vorbestehende Wunden Meerwasserkontakt aussetzten oder sich im oder am Meer verletzten. An Krankheitsformen wurden 26 Wundinfektionen oder Sepsis (davon 3-mal mit zusätzlich Gastroenteritis), 12 Fälle von Gastroenteritis und 4 Fälle von Ohrinfektionen übermittelt.

Drei Betroffene, Erwachsene im Alter von 59 bis 81 Jahren, verstarben an in Deutschland erworbenen *Vibrio*-Wundinfektionen/Sepsis: Zwei der Betroffenen hatten sich an der Ostsee mit *V. vulnificus* infiziert; die dritte Person erkrankte im Rahmen einer Fahrt mit einem kleinen Boot auf Flüssen im Westen Deutschlands mit Nachweis von nicht-toxischen *V. cholerae* non-O1/non-O139.

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 übermittelten Infektionen aus, so dass Trends der Gesamtdaten schwer interpretierbar bleiben. Bei der Betrachtung der ansteigenden Gesamtfallzahlen von 2020 bis 2024 ist zu beachten, dass 2020, aber auch 2021 und 2022 noch pandemiebedingte Reisebeschränkungen galten und daher weniger reiseassoziierte Infektionen auftraten. Zudem müssen sich neue Meldepflichten erst etablieren. Ein klar ansteigender Trend ist aus den Daten noch nicht abzulesen.

## 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, Kataržytė 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/doi: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 03.06.2024)*. Abrufbar unter: [www.rki.de/vibrionen](http://www.rki.de/vibrionen)
- 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>
- Zeidler C, Szott V, Alter T, Huehn-Lindenbein S, Fleischmann S.: *Prevalence of Vibrio spp. in Seafood from German Supermarkets and Fish Markets*. Foods. 2024;13(24). <https://doi.org/10.3390/foods13243987>

### 6.49 Norovirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 77.205
- ▶ Übermittlung und Darstellung ausschließlich laborbestätigter Erkrankungen
- ▶ Inzidenz wieder auf ähnlichem Niveau wie in den Jahren vor der Pandemie
- ▶ Höchste Inzidenz bei einjährigen Kindern mit 627 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

#### Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. Es werden 10 verschiedene Genogruppen (GI bis 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.

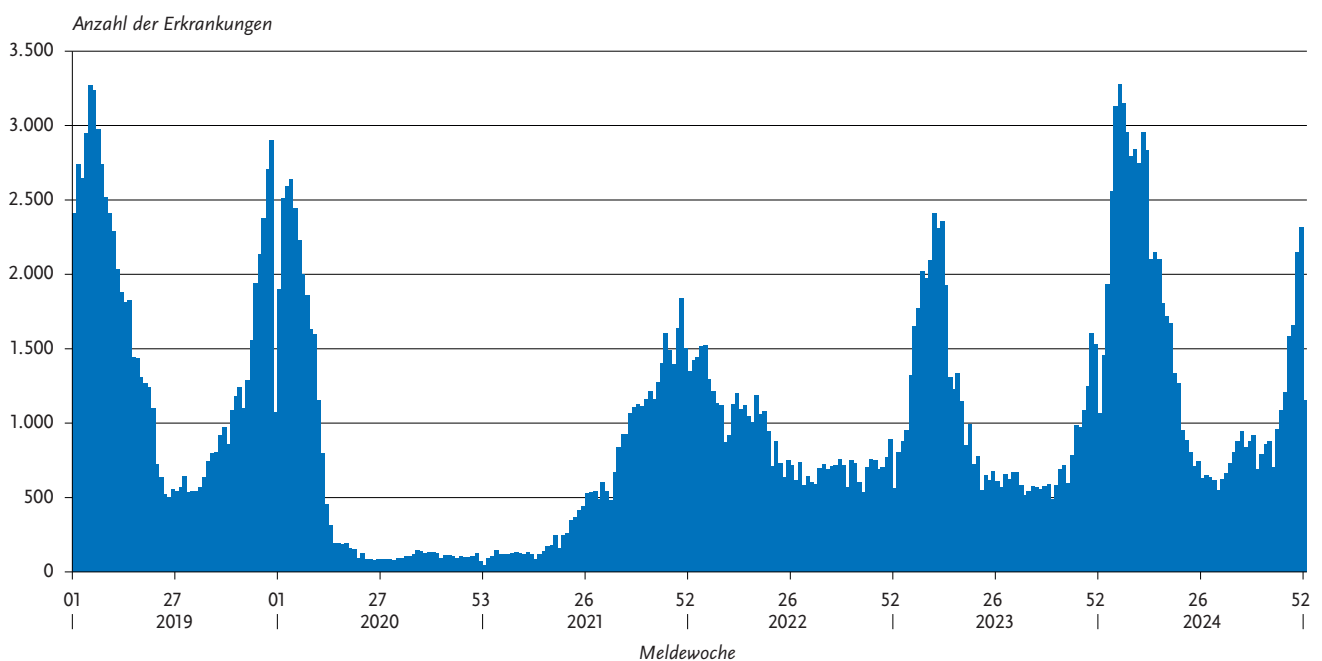
#### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.49.1).

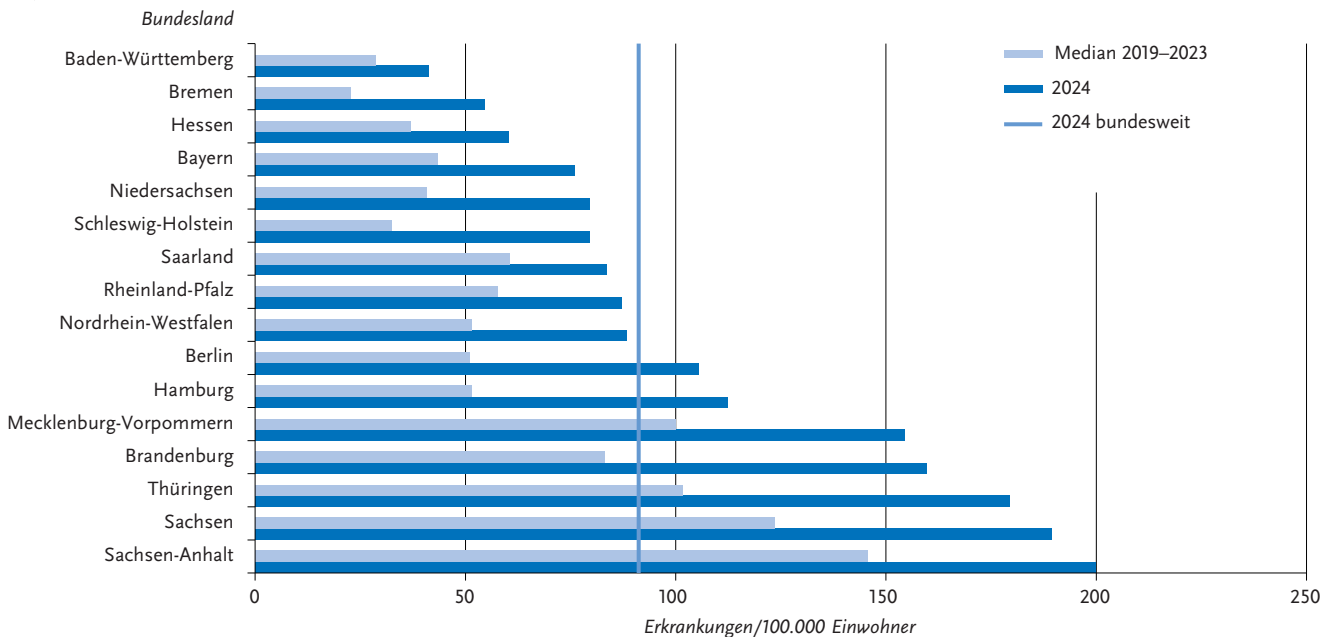
Tab. 6.49.1: Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	53.935	80 %	77.205	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.632	2 %	1.948	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	11.715	17 %	19.906	20 %
alle	67.282	100 %	99.059	100 %
<b>Referenzdefinition (C)</b>	<b>53.935</b>	<b>80 %</b>	<b>77.205</b>	<b>78 %</b>

Abb. 6.49.1: Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2019 bis 2024



**Abb. 6.49.2:** Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 77.205) im Vergleich mit den Vorjahren



### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden dem RKI 77.205 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (43 % mehr als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 91 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit stieg die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (64 Erkr./100.000 Einw.) stark an, lag deutlich über dem Median der letzten 5 Jahre (54 Erkr./100.000 Einw.) und damit wieder auf präpandemischem Niveau.

Auch eine ausgeprägte Saisonalität war im Jahr 2024 wieder zu verzeichnen mit den höchsten Fallzahlen im I. und II. Quartal (s. Abb. 6.49.1). Die höchste wöchentliche Fallzahl wurde mit 3.274 Erkrankungen in der 5. Meldewoche übermittelt, die niedrigste in der 30. Meldewoche mit 548 Erkrankungen.

### Geografische Verteilung

In allen Bundesländern 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 Bundesländern Sachsen-Anhalt (200 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen (189), Thüringen (179), Brandenburg (160) sowie Mecklenburg-Vorpommern (154) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Baden-Württemberg (41 Erkr./100.000 Einw.), Bremen (55), Hessen (60) und Bayern (76) ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.49.2). Bei 45.406 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (45.502 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 96 % der Nennungen auf Deutschland.

### Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden in der Altersgruppe der über 79-Jährigen (323 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. Daneben waren auch Kinder unter 5 Jahren stärker betroffen (317 Erkr./100.000 Einw.) mit einem Häufigkeitstypus bei den einjährigen Kindern (627) (s. Abb. 6.45.3). Während Jungen bis zu einem Alter von 14 Jahren höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei Kindern ab 15 Jahren sowie bei Erwachsenen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Eine Ausnahme bildeten hierbei die Altersgruppen der 60- bis 79-Jährigen. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen (98 Erkr./100.000 Einw.), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (83 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.49.3).

### Klinische Aspekte

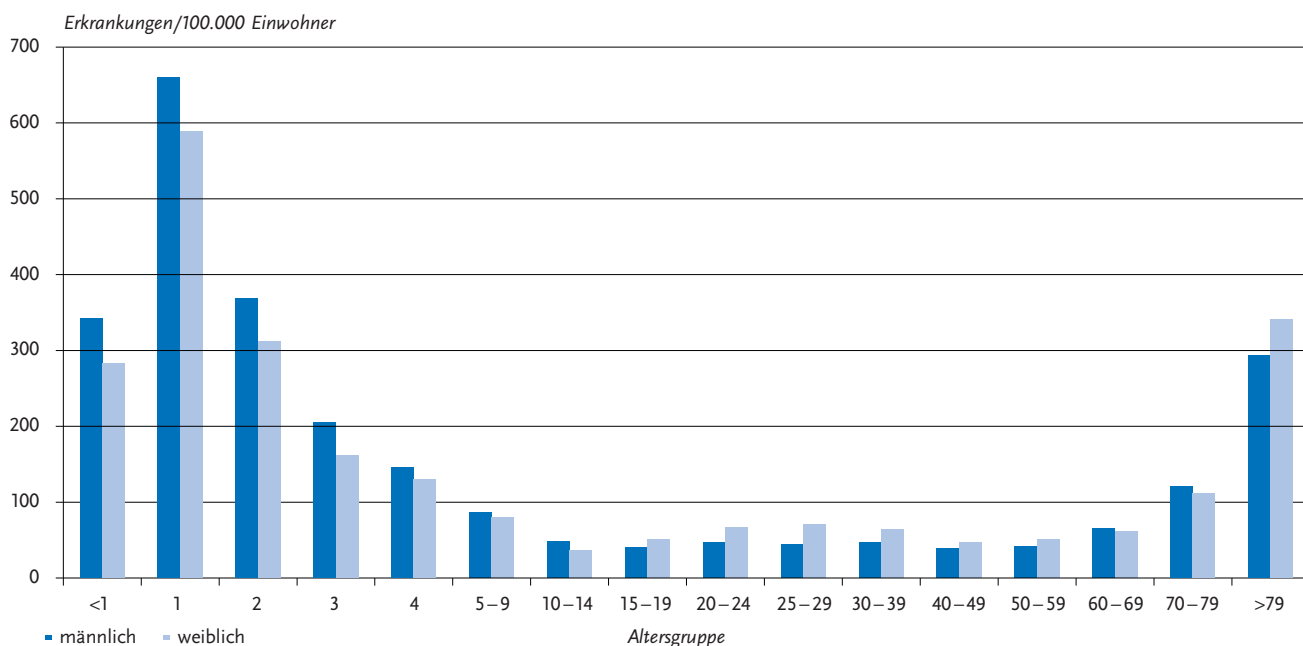
Als krankheitsbedingt verstorben wurden 39 Norovirus-Fälle übermittelt. Der Fall-Verstorbenen-Anteil der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit, ähnlich zu den Vorjahren, 0,05 %.

### Ausbrüche

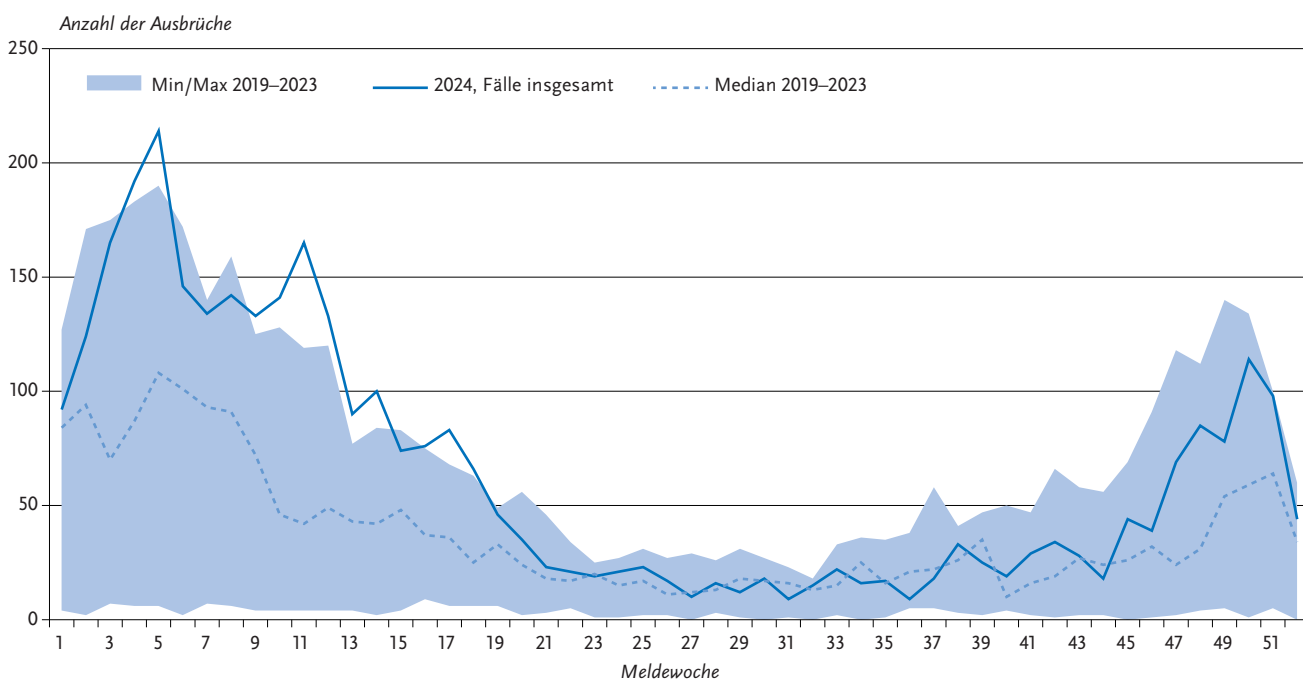
Im Gegensatz zu anderen Krankheiten werden dem RKI bei der Norovirus-Gastroenteritis die klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen nicht übermittelt. Deshalb wird hier auf eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität).

Insgesamt wurden 14.243 (18 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 3.393 deutlich höher als im Vorjahr (2023: 2.163). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 5. Meldewoche 2024 übermittelt (214), die niedrigste in der 36. Meldewoche (9) (s. Abb. 6.49.4).

**Abb. 6.49.3:**  
**Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 76.778)**



**Abb. 6.49.4:**  
**Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 3.393) im Vergleich mit den Vorjahren**



Für 3.127 Ausbrüche (92 %) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Krankenhäuser (45 %), Alten- und Pflegeheime (29 %), Kindergärten, Horte (12 %) sowie private Haushalte (4 %) und Reha-Einrichtungen (4 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche (n = 308) im Jahr 2024 wurden nicht rekombinante Viren der Genogruppe GI in 7 % Ausbrüchen (n = 22) als auslösendes Agens identifiziert. Nicht rekombinante Viren der Genogruppe GII wurden in

68 % (n = 210), rekombinante Viren in 25 % (n = 76) aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, der seit dem Jahr 2015 stetig stieg, im Vergleich zum Vorjahr 2023 (72 %) deutlich gesunken.

Die Rekombinante GII.P16-GII.4 Sydney war für 19 % (n = 57) aller Norovirus assoziierten Ausbrüche verantwortlich. Die Noroviruspopulation 2024 wurde durch das gehäufte Auftreten des Genotyps GII.17 dominiert, dieser wurde in 68 % (n = 209) aller Norovirus assoziierten Ausbrüche nachgewiesen und ist damit die am häufigsten

nachgewiesene Norovirus-Variante. Insgesamt wurden 17 verschiedene Norovirus-Varianten im Jahr 2024 detektiert.

### Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-labor-diagnostisch bestätigten Norovirus-Fälle die Referenzdefinition. Daher liegen dem RKI keine Informationen zu klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen ohne Labornachweis vor, was zu einer deutlichen Unterschätzung der tatsächlichen Fallzahlen führt. Dies wirkt sich auch auf die Darstellung des zeitlichen Verlaufes, der geografischen Verteilung und der Altersverteilung der Norovirus-Gastroenteritiden aus. Erfahrungsgemäß variiert der Anteil nicht laborbestätigter Fälle im Verlauf des Jahres sowie zwischen den Bundesländern und ist bei Ausbrüchen in Abhängigkeit vom Ausbruchsetting unterschiedlich hoch.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt im Rahmen von Ausbrüchen auftreten (z. B. in Alten- und Pflegeheimen, Krankenhäusern, Kindergärten), betrifft die Unterschätzung sowohl die Anzahl der Ausbrüche (nur noch Ausbrüche mit mindestens 2 klinisch-labor-diagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchgröße, denn bei größeren Ausbrüchen ist meist nur ein Bruchteil der Erkrankungen klinisch-labor-diagnostisch bestätigt.

### Fazit

Die Inzidenz übermittelter Norovirus-Gastroenteritiden befand sich 2024 erstmals wieder auf einem Niveau entsprechend den Jahren vor der Pandemie. Für den Anstieg im Vergleich zum Vorjahr spielte sehr wahrscheinlich das in mehreren Ländern Europas und den USA beobachtete Auftreten einer Variante des Genotyps GII.17 eine wesentliche Rolle.

### 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>
- Chhabra P, Wong S, Niendorf S, et al.: *Increased circulation of GII.17 noroviruses, six European countries and the United States, 2023 to 2024*. Euro Surveill. 2024, 29(39). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.Es.2024.29.39.2400625>
- Jacobsen S, Faber M, Altmann B, et al.: *Impact of the COVID-19 pandemic on norovirus circulation in Germany*. Int J Med Microbiol. 2024, 314. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2024.151600>
- RKI: *Norovirus-Ausbruch im Landkreis Amberg-Weilburg, Bayern, September 2016*. Epid Bull 2016; 48. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2016-069.2>
- RKI: *RKI-Ratgeber Norovirus-Gastroenteritis*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.50 Ornithose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 37
- ▶ Höher als der Median der Vorjahre
- ▶ Seltene 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 Vogelexkrementen 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 fieberhafte Lungenentzündung. Daneben können Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen, eine Leber- und Milzvergrößerung sowie Entzündungen des Herzens, des Gehirns, der Leber und der Bindehäute auftreten. Eine Therapie ist mit Antibiotika möglich.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden 37 Ornithosen nach Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf höherem Niveau als in den Vorjahren (s. Abb. 6.50.1). Die monatlich höchste Anzahl der Fälle wurde im April 2024 mit 7 Fällen übermittelt. Aus Niedersachsen wurden 15 und aus Nordrhein-Westfalen 11 Erkrankungen übermittelt, aus Sachsen 3 Erkrankungen, aus Thüringen und Hessen jeweils 2 Erkrankungen, sowie aus Hamburg, Schleswig-Holstein, Rheinland-Pfalz und Bayern jeweils eine Erkrankung. Für 18 Erkrankungen wurde Deutschland als Infektionsland angegeben.

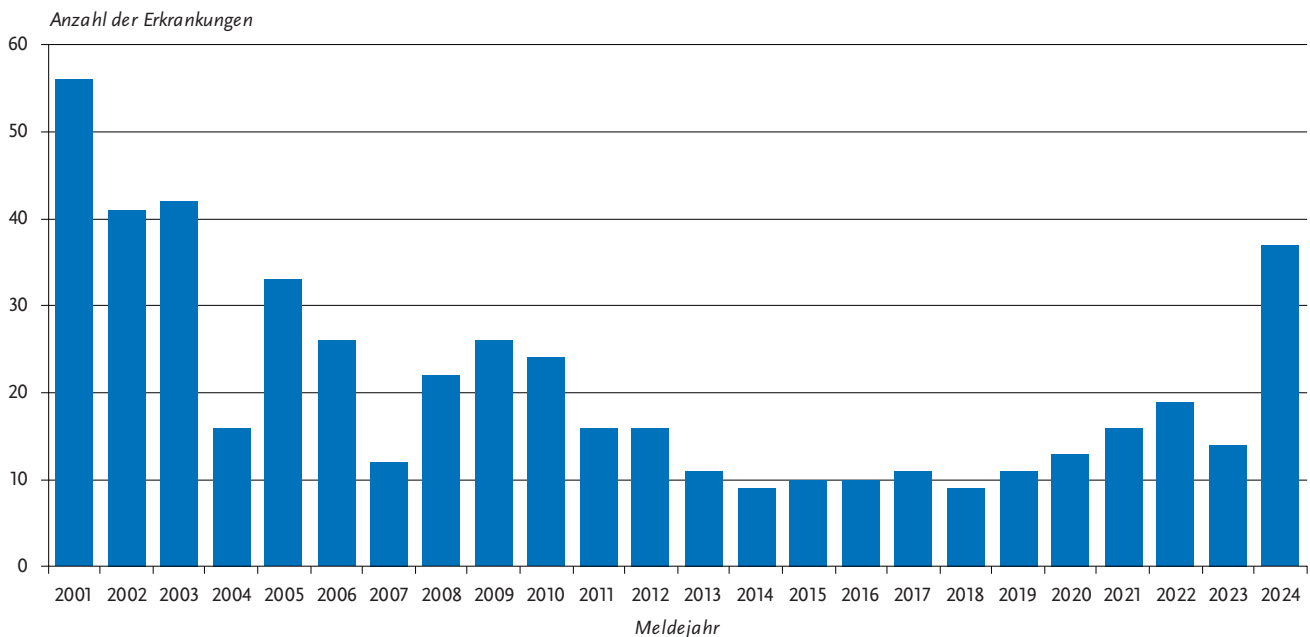
Insgesamt 36 Fälle waren Erwachsene ab 20 Jahren, 64 % davon 40 Jahre und älter, 17% waren mindestens 60 Jahre alt. Ein Fall war zwischen 15 und 19 Jahren alt. Unter den Erkrankten waren 18 Frauen und 19 Männer. Bei 28 Erkrankten wurde eine Pneumonie diagnostiziert. Keine Person ist an der Krankheit verstorben.

Es wurden 2 Ausbrüche übermittelt, einer mit 3 und einer mit 5 Fällen.

### Fazit

Die Ornithose ist vergleichsweise selten in Deutschland. In den vergangenen 5 Jahren wurden in Deutschland durchschnittlich 20 Fälle (Spannweite: 13 bis 37 Fälle) pro Jahr übermittelt. Im Jahr 2024 wurde insbesondere im April und Mai ein Anstieg der Fälle auf 7 bzw. 6 Fälle pro Monat beobachtet, zuvor gab es bereits einen leichten Anstieg im Dezember, hier waren es 5 Fälle. Der Grund für den

Abb. 6.50.1:  
Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



Anstieg der Fallzahlen Ende 2023 bzw. im Jahr 2024 ist nicht bekannt.

### 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 Chlamydiosen (Teil 2): *Erkrankungen durch Chlamydia psittaci, Chlamydia pneumoniae und Simkania negevensis*. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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. Abrufbar unter: <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON509>

## 6.51 Orthopocken



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 4
- ▶ Erkrankungen durch Orthopocken (außer Mpox) sind in Deutschland sehr selten

### Kurzbeschreibung

Orthopocken werden durch Viren der Gattung *Orthopoxviren* (OPXV) ausgelöst. Unter den vielen verschiedenen OPXV gibt es auch zahlreiche humanpathogene. Die klassischen (Menschen-)Pocken (durch das Variolavirus ausgelöst) und das Mpox-Virus (MPXV) gehörten ebenfalls zu den Orthopockenviren. Für Mpox existiert eine eigene Übermittlungskategorie, die in Kapitel 6.45 beschrieben wird.

Das Kuhpockenvirus (Cowpox Virus, CPXV) ist ein seit langem bekannter weiterer Vertreter der Orthopockenviren. 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 Farbratten. Eine Übertragung von Mensch zu Mensch wurde bei Kuhpocken bislang noch nicht beobachtet.

Das Vacciniavirus (VACV) ist ein Virus aus der Familie der Pockenviren und wird als Impfstoff-Inokula weltweit genutzt. VACV kann viele verschiedene Wirte infizieren,

die natürlichen Wirte sind nicht bekannt. Eine Infektion des Menschen mit dem Vacciniavirus verläuft meistens symptomlos oder sehr mild, kann jedoch auch Hautausschlag und Fieber auslösen.

**Situation in Deutschland**

Orthopocken sind in Deutschland gemäß § 6 Abs.1 Nr.1 IfSG bzw. §7 Abs.1 IfSG meldepflichtig (vor Einführung des Meldetatbestands Orthopocken im Herbst 2022 wurden sie unter der Kategorie bedrohliche übertragbare Krankheit gemeldet).

Im Jahr 2024 wurden 2 Infektionen mit CPXV übermittelt. Die 2 Infektionen in einer Familie wurden wahrscheinlich durch Kontakt zu Ratten, die als Haustiere gehalten wurden, übertragen.

Eine Person infizierte sich bei einem Laborunfall mit VACV. Bei einer weiteren Person wurde der Erreger nicht labordiagnostisch identifiziert, die epidemiologische Situation lässt eine Infektion mit Mpox als am wahrscheinlichsten erscheinen.

**Fazit**

Erkrankungen durch OPXV sind in Deutschland sehr selten. Eine labordiagnostische Bestimmung der Orthopocken-Spezies ist aufgrund der unterschiedlichen Übertragungswege der verschiedenen OPXV erforderlich, um adäquate Maßnahmen durchführen zu können.

**Literaturhinweise**

Robert Koch-Institut: Kuhpocken: Zu einer Häufung von Infektionen nach Kontakt zu „Schmuseratten“ im Großraum München. *Epid Bull* 2009; 6. <https://doi.org/10.25646/4381>

Shao H, McDonald EC, Ginsberg MM, et al.: *Secondary and tertiary transmission of vaccinia virus after sexual contact with a smallpox vaccinee--San Diego, California, 2012*. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2013;62(8).

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.

**6.52 Paratyphus**

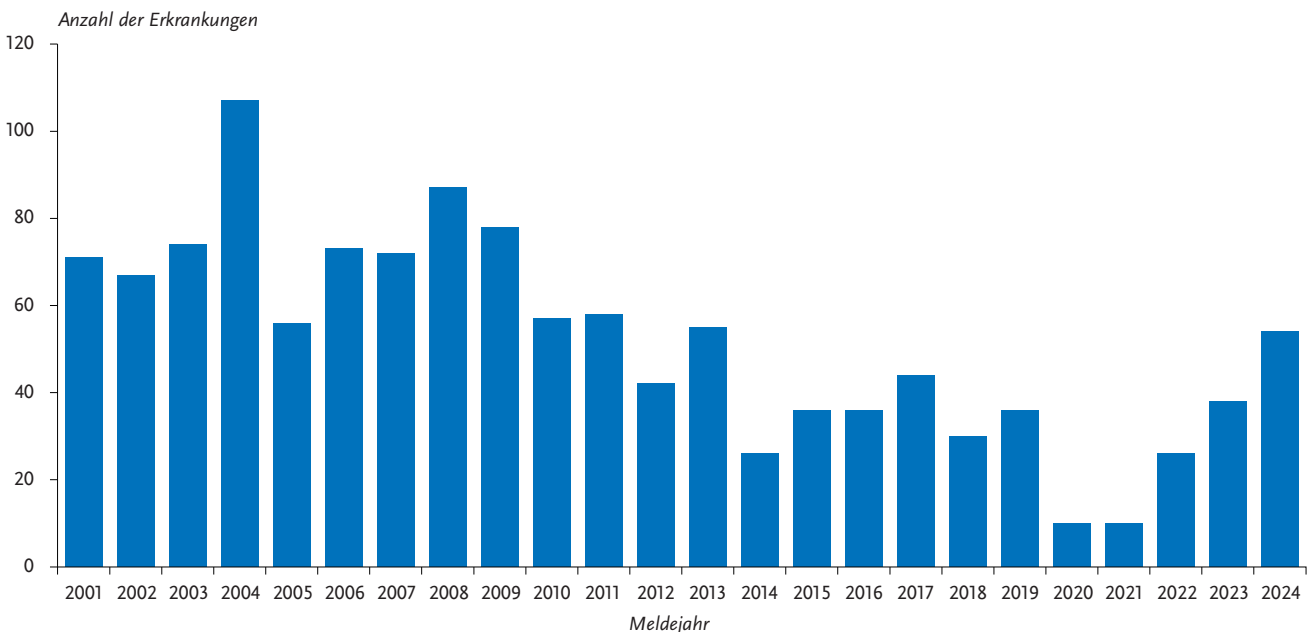


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 54
- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen

**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

**Abb. 6.52.1:** Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



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 2024 wurden 54 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt, 16 mehr als im Vorjahr (s. Abb. 6.52.1). Damit ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen über das Niveau vor der COVID-19-Pandemie angestiegen.

Paratyphus-Erkrankungen wurden im Jahr 2024 aus den 11 Bundesländern Baden-Württemberg (10), Bayern (10) Hessen (9), Nordrhein-Westfalen (7), Berlin (7), Schleswig-Holstein (4), Brandenburg (2), Sachsen (2) sowie Bremen, Sachsen-Anhalt und Rheinland-Pfalz (je 1) übermittelt. Für 52 Erkrankungen wurden 58 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland übermittelt (Mehrfachnennungen möglich). Am häufigsten wurde Indien (22 Nennungen) angegeben, gefolgt von Deutschland (8), dem Irak und Pakistan (je 6).

Es erkrankten 22 weibliche und 32 männliche Personen im Alter zwischen 2 und 84 Jahren (Median 26 Jahre). Informationen zum Serotyp lagen für 52 Erkrankungen vor, davon wurde für 30 (58 %) *S. Paratyphi A*, für 21 (40 %) *S. Paratyphi B* und für 1 (2 %) *S. Paratyphi C* als Erreger übermittelt. Von 30 *S. Paratyphi A*-Erkrankungen mit Angaben zum Infektionsort hatten sich 28 (93%) in Asien gehalten und 2 waren nicht ins Ausland gereist. Von 20 *S. Paratyphi B*-Erkrankungen mit Angaben zum Infektionsort hatten sich 9 in Asien, 6 in Südamerika und 2 in Afrika gehalten und drei Personen waren nicht ins Ausland gereist.

Es wurden keine Ausbrüche oder Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung übermittelt.

### Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Paratyphus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen.

### Literaturhinweise

Enkelmann J, Simon S, Trost E, Stark K, Frank C: *Epidemiological characteristics and trends of notified enteric fevers in Germany, 2001 to 2023*. *Eurosurveillance* 2025; 30(14) <https://doi.org/10.2807/1560-7917.Es.2025.30.14.2400314>

Hommel F, Frank C, Faber M, et al: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten- Importierte Infektionskrankheiten 2024*. *Epid Bull* 2025; 48: <http://doi.org/10.25646/13568>

Kling K, Külper-Schiek W, Rothe C, Boecken G, Bogdan C, Feldt T, et al. *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (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>

RKI: *RKI-Ratgeber Typhus abdominalis, Paratyphus*. 2023. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.53 Pest



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 0
- ▶ Keine Fälle in Deutschland in den letzten Jahrzehnten.
- ▶ Keine Pest-Naturherde in Europa.
- ▶ Reiseassoziierte Fälle weltweit sehr 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 Pestfälle 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, Garchitorea 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 Pest*. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

## 6.54 Pneumokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 8.575
- ▶ Einführung der bundesweiten Meldepflicht im März 2020
- ▶ Höchste Inzidenz bei den über 60-Jährigen (24,1 Fälle/100.000 Einwohner) und bei Kindern unter 2 Jahren (9,8 Fälle/100.000 Einwohner)
- ▶ Die häufigsten Symptome waren Pneumonie (34 %), Fieber (33 %) und ein septisches Krankheitsbild (14 %).
- ▶ Die Serotypen 3 (23 %), 22F (10 %) und 8 (8 %) wurden am häufigsten nachgewiesen.
- ▶ Wirksame Schutzimpfungen stehen zur Verfügung. Die Impfstoffe decken jedoch nicht alle pathogenen Erreger (Serotypen) ab.

### Kurzbeschreibung

Als Invasive Pneumokokken-Krankheit (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. Nichtinvasive Pneumokokkeninfektionen verursachen häufig Sinusitiden (Infektionen der Nasennebenhöhlen), Otitiden (Ohrinfektionen) und Pneumonien (Lungenentzündungen). Bei einer invasiven Pneumokokkeninfektion gelangen die Bakterien in die Blutbahn und in andere normalerweise sterile Körperflüssigkeiten und Gewebe. Daher manifestiert sich eine invasive Pneumokokkeninfektion immer als IPD, häufig mit dem klinischen Bild einer Sepsis oder Meningitis bzw. septischen Arthritis. Üblicherweise müssen die Er-

krankten hospitalisiert werden. Mitunter bleiben schwere neurologische und andere Residuen (Folgeschäden). Die Letalität ist im Falle einer IPD in allen Altersgruppen hoch. Eine IPD tritt 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. Wirksame und sichere Pneumokokken-Impfstoffe stehen für alle Altersgruppen entsprechend den Empfehlungen der STIKO zur Verfügung.

### Hinweis

Die invasive Pneumokokkeninfektion (direkter Nachweis aus Liquor, Blut, Gelenkpunktat oder anderen normalerweise sterilen Substraten) 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 Pneumokokkeninfektion und den labordiagnostischen Nachweis ein. Die Referenzdefinition wurde im Jahr 2023 dahingehend geändert, dass ein labordiagnostischer Nachweis aus normalerweise sterilen klinischen Materialien unabhängig vom klinischen Bild zur Erfüllung der Referenzdefinition ausreicht.

### Falldefinition

Von 8.600 im Jahr 2024 übermittelten Fällen erfüllten 8.575 (99,7 %) 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 unabhängig von klinischen Symptomen. Zuvor galten ausschließlich B und C (Klinisch-epidemiologisch/klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 8.575 übermittelten Fälle, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.54.1).

Tab. 6.54.1: Übermittelte Fälle von invasiver Pneumokokkeninfektion nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2024

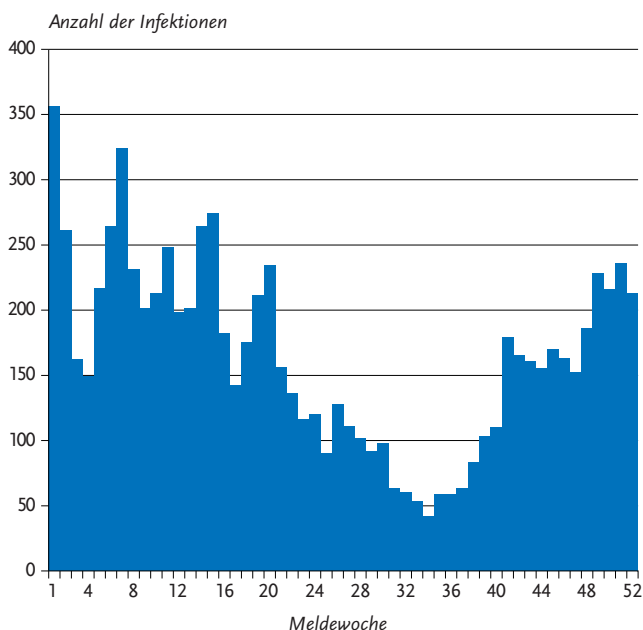
Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	5.420	76 %	6.261	73 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	333	5 %	397	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.404	20 %	1.942	23 %
alle	7.157	100 %	8.600	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)*	5.856	82 %	8.575	100 %

\*) 1.301 Fälle aus 2023 und 25 Fälle aus 2024 der Kategorien D und E, die nach bundeslandspezifischen Falldefinitionen übermittelt wurden, erfüllen nicht die Referenzdefinition.

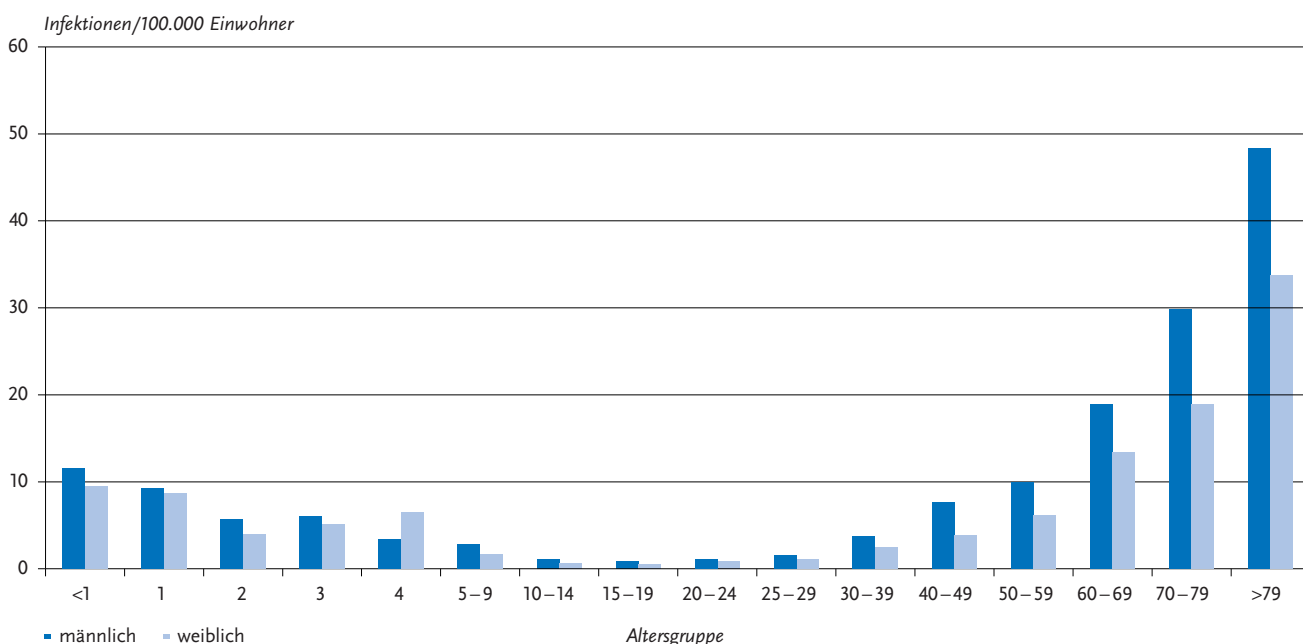
### Zeitlicher Verlauf

Invasive Pneumokokkeninfektionen können das ganze Jahr über auftreten. Dennoch war eine Saisonalität mit Schwerpunkt in den Wintermonaten zu beobachten, insbesondere im Januar und Februar (s. Abb. 6.54.1). Im Jahr 2024 wurden in diesen beiden Monaten ein Viertel der Fälle übermittelt (2.137, 25 %). Die geringsten Fallzahlen für das Jahr 2024 traten wie üblich in den Sommermonaten Juni, Juli, August und September auf, mit insgesamt 1.482 (17 %) übermittelten Fällen (s. Abb. 6.54.1).

**Abb. 6.54.1:**  
Übermittelte Fälle von invasiven *Streptococcus (S.)-pneumoniae*-Infektionen nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 8.575)



**Abb. 6.54.2:**  
Übermittelte Fälle von invasiven *Streptococcus (S.)-pneumoniae*-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 8.564)



### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für eine invasive Pneumokokkeninfektion bzw. IPD lag im Jahr 2024 bei 10 Infektionen pro 100.000 Einw. und ist somit um 46 % im Vergleich zum Vorjahr (2023: 6,9 Fälle/100.00 Einw.) gestiegen. Die Inzidenz in den Bundesländern reichte von 7,0 Fällen/100.000 Einw. in Thüringen bis 15 Fällen/100.000 Einw. in Bremen.

Eintragungen von Infektionen aus dem Ausland spielen für IPD eine untergeordnete Rolle. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 3.929 (46 %) der 8.575 übermittelten Fälle vor. Fast ausschließlich wurde hier Deutschland (99 %) genannt.

### Demografische Verteilung

Bei 8.564 der 8.575 übermittelten Fällen wurden Angaben zu Alter und Geschlecht gemacht (99,9 %). Insgesamt war für die Altersverteilung der Fälle eine leichte U-Form zu erkennen (s. Abb. 6.54.2). Die Mehrheit der invasiven Pneumokokkeninfektionen trat bei Personen im Alter von 60 Jahren oder älter auf (6.093 [71 %] von 8.572 Fällen). Kinder und Jugendliche unter 20 Jahren machten 5 % aller Fälle aus (422 von 8.572 Fällen). Von diesen 422 übermittelten Fällen, unter 20 Jahren, waren 266 (63 %) 4 Jahre alt oder jünger. Die höchsten Inzidenzen traten in den Altersgruppen der über 59-Jährigen auf: 60 bis 69 Jahre: 16,1 Fälle/100.000 Einw., 70 bis 79 Jahre: 23,9 Fälle/100.000 Einw. und 80 Jahre und älter: 39,5 Fälle/100.000 Einw. Mit einem gewissen Abstand folgten die unter 1-Jährigen und 1-Jährigen Kinder (10,6 bzw. 9,0 Fälle/100.000 Einw.) (s. Abb. 6.54.2). Personen im Alter von 10 bis 29 Jahren hatten wie im Vorjahr auch in

2024 die geringsten Inzidenzen (0,9 bis 1,3 Fälle/100.000 Einw.) und liegen somit im Tal der U-förmigen Altersverteilung.

Insgesamt lag die Inzidenz 2024 wie im Vorjahr bei Jungen und Männern mit 11,4 Fällen/100.000 Einw. höher als bei Mädchen und Frauen (8,8 Fälle/100.000 Einw.). Insbesondere ab der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen lagen die Inzidenzen der Männer teilweise deutlich über denen der Frauen (s. Abb. 6.54.2).

**Klinische Aspekte**

Bei der IPD handelt es sich ausschließlich um schwere (invasive) Formen einer Pneumokokkeninfektion. Aus diesem Grund war die Mehrheit der übermittelten Fälle hospitalisiert. Insgesamt war im Jahr 2024 bei 7.519 der 8.575 (88 %) übermittelten Fälle eine Aussage zum Hospitalisierungsstatus möglich; bei 1.056 (12 %) war der Hospitalisierungsstatus unklar. Von den Fällen mit Angaben zum Hospitalisierungsstatus wurde bei 6.938 (92 %) eine Hospitalisierung angegeben, je nach Altersgruppe 85 % bis 94 %. Hierbei war kein deutlicher Unterschied zwischen den Altersgruppen zu erkennen.

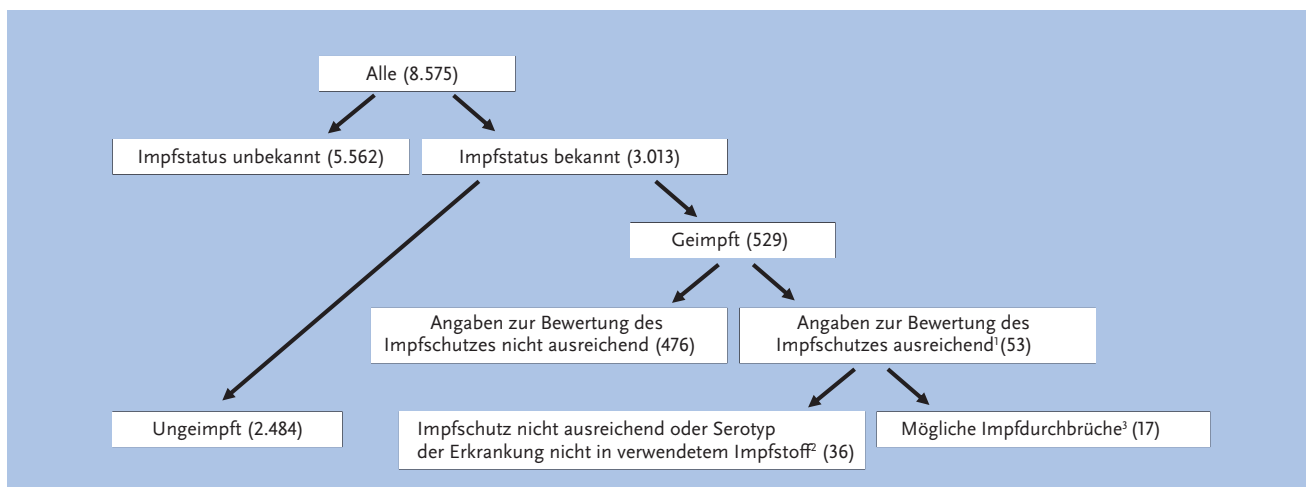
Insgesamt wurde bei 73 % (2023: 93 %) aller übermittelten Fälle mindestens ein klinisches Symptom angegeben (6.229/8.575). Das häufigste angegebene Symptom war wie im Jahr 2023 Pneumonie (34 %), gefolgt von Fieber (33 %) und einem septischen Krankheitsbild (14 %). Bei 336 (3 %) der übermittelten Fälle war eine Meningitis aufgetreten (2023: 6 %). Der höchste Anteil von Fällen mit Meningitis war unter den 10- bis 14-Jährigen (37 %), während der niedrigste Anteil bei den Menschen mit 80 Jahren und älter

(1 %) lag. Bei 8.522 Fällen (99,4 %) lag eine Angabe zum möglichen Versterben vor. Es wurden 385 Fälle übermittelt (2023: 337), die aufgrund einer invasiven Pneumokokkeninfektion verstorben waren (5 %). Darunter war die Mehrheit 80 Jahre und älter (187/385, 49 %). Dies entsprach für diese Altersgruppe einem Fall-Verstorbenen-Anteil von 8 % (187/2.425, 2023: 10%). Es folgten die Altersgruppen der 70- bis 79-Jährigen und 60- bis 69-Jährigen mit 5 und 3 % (82/1.806 und 60/1.862). In den Altersgruppen unter 60 Jahren verstarben deutlich weniger Personen an einer invasiven Pneumokokkeninfektion bzw. IPD. In der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen Kinder und Kleinkinder wurden 5 (2 %) Todesfälle bei insgesamt 266 Fällen aufgrund der IPD angegeben.

**Impfstatus**

Für die Impfung gegen Pneumokokkeninfektionen sind Konjugat- (PCV) und Polysaccharid-Impfstoffe (PPSV) in der EU zugelassen. Beide Impfstoffarten schützen lediglich gegen eine begrenzte Anzahl der mehr als 100 bekannten Serotypen. Bei den PCV sind 13-, 15- und 20-valente Impfstoffe zugelassen und von der STIKO empfohlen. Bei PPSV ist eine 23-valente Formulierung verfügbar. Die STIKO empfiehlt seit Mitte 2015 eine Grundimmunisierung gegen Pneumokokkeninfektionen bestehend aus 3 Impfstoffdosen mit einem PCV für alle reifgeborenen Säuglinge im Alter von 2, 4 und 11 Monaten (sogenanntes 2 + 1-Impfschema). Für Frühgeborene (vor der vollendeten 37. Schwangerschaftswoche Geborene) empfiehlt die STIKO eine Grundimmunisierung bestehend aus 4 Impfstoffdosen im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten (3 + 1-Impfschema). Bei

**Abb. 6.54.3:** Übermittelte Fälle von invasiven *Streptococcus (S.)-pneumoniae*-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2024 (n=8.575)



<sup>1</sup> Zur Bewertung des Impfschutzes wurden herangezogen: Angaben zur Anzahl der Impfungen, Datum des Erkrankungsbeginns, Datum der letzten Impfung, zu Serotyp und zum verwendeten Impfstoff.  
<sup>2</sup> Ein ausreichender Impfschutz wird angenommen, wenn eine Grundimmunisierung nach Angaben in der Fachinformation erfolgt ist und nach der jeweiligen Impfung mindestens 14 Tage vergangen sind.  
<sup>3</sup> Ein möglicher Impfdurchbruch liegt vor, wenn trotz eines als ausreichend anzunehmenden Impfschutzes eine invasive Pneumokokken-Erkrankung diagnostiziert worden ist.

nicht zeitgerecht begonnener Grundimmunisierung im Säuglingsalter wird die Verabreichung von 2 Impfstoffdosen im Abstand von mindestens 8 Wochen für Kinder im Alter von 12 bis 23 Monaten als Nachholimpfungen empfohlen. Zudem empfiehlt die STIKO seit 2023 eine Standardimpfung für Personen im Alter von 60 Jahren und älter mit einem 20-valenten PCV. Vor 2023 wurde für Personen 60 Jahre und älter die Verwendung des 23-valenten PPSV empfohlen (s. EpidBull 39, 2023). Die Empfehlungsänderung erfolgte aufgrund der anzunehmenden höheren Effektivität von PCV20 gegenüber PPSV23 und der begrenzten Schutzdauer von PPSV23. Des Weiteren gibt es eine Indikationsimpfempfehlung für Personen im Alter von 2 bis 59 Jahren mit angeborenen oder erworbenen Immundefekten, mit chronischen Erkrankungen z. B. des Herz-Kreislauf- oder Stoffwechselsystems oder Erkrankungen der Atmungsorgane sowie für Personen mit anatomischen und fremdkörperassoziierten Risiken für Pneumokokken-Meningitiden z. B. Cochlea-Implantat. Für gesunde Personen zwischen 2 und 59 Jahren wird derzeit keine Pneumokokken-Impfung empfohlen.

Von 8.575 übermittelten Fällen lagen für 3.013 (35 %) Angaben zum Impfstatus vor. Von diesen 3.013 Fällen wurde für 2.484 (82 %) die Angabe übermittelt, nie geimpft worden zu sein und für 529 (18 %) Fälle wurde mindestens eine Impfung gegen Pneumokokken angegeben.

Angaben zum verwendeten Impfstoff, zum nachgewiesenen Serotyp, zur Anzahl der verabreichten Impfstoffdosen und zu einem plausiblen Impfabstand zur Erkrankung (Impfung mehr als 14 Tage vor Erkrankungsbeginn) lagen für 53 geimpfte Fälle vor. Bei 32 dieser Personen wurde ein Serotyp nachgewiesen, der in PCV13, PCV15, PCV20 oder PPSV23 enthalten ist. Unter diesen Fällen sind 3 Kinder unter 5 Jahren mit einer ausreichenden Anzahl an dokumentierten Impfstoffdosen (mindestens 3 Dosen) und 14 Personen 60 Jahre und älter, deren jüngste Impfung weniger als 7 Jahre zurück lag – was einen Impfdurchbruch vermuten lässt. Insgesamt sind die Aussagen zu möglichen 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

Für 1.185 (14 %) der 8.575 übermittelten Fälle wurde ein spezifischer Serotyp des Erregers angegeben. Insgesamt wurden 54 verschiedene Serotypen nachgewiesen. Von diesen 54 angegebenen Serotypen waren 22 in keinem in der EU zugelassenem Pneumokokken-Impfstoff enthalten und somit nicht impfpräventabel. Insgesamt wurden 996/1.185 Fälle (84 %) durch impfpräventable Serotypen und 189 (16 %) durch nicht-impfpräventable Serotypen ausgelöst. Unter allen Fällen mit Angabe zum Serotyp wurde wie im Vorjahr der Serotyp 3 am häufigsten nachgewiesen

(273 [23 %] von 1.185 Fälle; 2023: 30 %). Ebenso wie im Vorjahr folgten die Serotypen 22F und 8 mit 113 (10 %; 2023: 8 %) bzw. 100 (8 %; 2023: 7 %) Fällen. Es folgten die Nachweise der Serotypen 38 (7 %), 9N (6 %), 4 (5 %) und 23A (4 %). Insgesamt 1.125/1.185 (95 %) der übermittelten Fälle mit Angabe eines Serotyps waren 18 Jahre und älter. Die nachgewiesenen individuellen Serotypen der Fälle spiegelten somit überwiegend die Serotypverteilung in der erwachsenen Bevölkerung wider. Spezifische Analysen zur Serotypverteilung bei Kindern und Kleinkindern konnten aufgrund der geringen Fallzahlen mit Angabe eines Serotyps nicht gemacht werden.

### Ausbrüche

Ausbrüche sind sehr selten, da nur invasive Infektionen meldepflichtig sind. Im Jahr 2024 wurden 3 Häufungen mit je 2 Fällen erfasst (2023: 2 Häufungen).

### Datenqualität

Aufgrund der Verwendung veralteter Softwareprodukte in den Gesundheitsämtern wurden noch nicht alle Fälle gemäß aktueller Falldefinition übermittelt (s. Tab. 6.53.1). Das klinische Bild wird nicht bei allen Fällen angegeben, dennoch ist es aufgrund des Nachweises von *S. pneumoniae* aus normalerweise sterilem Material klinisch eine IPD. Trotz der Änderung der Falldefinition, dass der labor diagnostische Nachweis zum Erfüllen der Referenzdefinition ausreicht, ist eine Angabe zum klinischen Bild weiterhin wünschenswert und wichtig.

Die Angabe zum Serotyp fehlte bei 86 % aller übermittelten Fälle. Dieser Anteil ist unbefriedigend hoch. Für ein umfangreiches Bild der IPD ist eine Feintypisierung von Pneumokokken-Isolaten 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. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen Angaben zum Serotyp des Erregers, zum Datum der jüngsten Impfung, zum verwendeten Impfstoff und zur Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Erkrankungsbeginn möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden – was nur für einen geringen Teil der übermittelten invasiven Infektionen bzw. IPD bekannt war.

### Fazit

Mit einer bundesweiten Inzidenz von 10 Infektionen pro 100.000 Einwohner besitzt die invasive Pneumokokkeninfektion und somit IPD 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 bei älteren Menschen, 60 Jahre und älter, auf. Daher empfiehlt die STIKO für alle

Säuglinge, Personen im Alter von 60 Jahren und älter sowie für besonders gefährdete Personengruppen jeden Alters eine Impfung.

Für zukünftige Auswertungen ist maßgeblich, dass der Serotyp und der Impfstatus besser erfasst werden. Nur so können die Effekte, die durch die empfohlene Impfung gegen Pneumokokken erreicht werden können, beobachtet und Impfdurchbrüche erkannt werden. Diese Daten sind eine wesentliche Grundlage für die Prüfung und mögliche Anpassung zu den Pneumokokken-Impfempfehlungen der STIKO.

### Literaturhinweise

- Perriat D, Schlager J, Forschungsstelle für Pädiatrische Epidemiologie der Deutschen Gesellschaft für Kinder- und Jugendmedizin e.V.: *Erhebungseinheit für Seltene Pädiatrische Erkrankungen in Deutschland Jahresbericht 2024: Invasive Pneumokokken-Erkrankungen (IPE)*. 2025. Abrufbar unter: [https://www.unimedizin-mainz.de/fileadmin/kliniken/esped/Jahresberichte/Bericht\\_ESPED\\_2024\\_-\\_bf.pdf](https://www.unimedizin-mainz.de/fileadmin/kliniken/esped/Jahresberichte/Bericht_ESPED_2024_-_bf.pdf)
- Schlager J, Vygen-Bonnet S, Falman A, et al.: *Aktualisierung der Empfehlungen der STIKO zur Standardimpfung von Personen  $\geq 60$  Jahre sowie zur Indikationsimpfung von Risikogruppen gegen Pneumokokken und die dazugehörige wissenschaftliche Begründung*. *Epid Bull.* 2023; 39. <https://doi.org/10.25646/111719.2>
- 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>
- STIKO: *Stellungnahme der STIKO zur Anwendung des 20-Valenten Pneumokokken-Konjugatimpfstoffs (Pcv20) Im Säuglings-, Kindes- und Jugendalter*. *Epid Bull* 2024; 31. <https://doi.org/10.25646/12311>
- STIKO: *Stellungnahme der STIKO zur Anwendung des 20-valenten Pneumokokken-Konjugatimpfstoffs (PCV20) im Säuglings- und Kleinkindalter: erneute Evaluierung unter Berücksichtigung der Ergebnisse einer dynamischen Transmissionsmodellierung*. *Epid Bull.* 2025; 33. <https://doi.org/10.25646/13340>
- Vygen-Bonnet S, Schlager 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>

## 6.55 Poliomyelitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 0
- ▶ Keine Fälle in Deutschland in den vergangenen Jahrzehnten
- ▶ Weltweite Polioeradikation noch nicht erreicht. Auch bislang als poliofrei zertifizierte Länder laufen daher Gefahr, dass Ausbrüche auftreten.
- ▶ Nachweis von Schluckimpfstoff-abgeleiteten Polioviren in Abwasserproben in mehreren Standorten Ende 2024 verdeutlicht die große Bedeutung der Impfung.

### Kurzbeschreibung

Polioviren werden von Mensch zu Mensch übertragen, vorrangig fäkal-oral. Bei Befall des zentralen Nervensystems kann es zu akuten schlaffen Lähmungen kommen (*acute flaccid paralysis*, AFP). Nachdem weltweit Polio-Wildviren (WPV) Typ 2 im Jahr 2015 und Typ 3 im Jahr 2019 als eradiziert erklärt wurden, zirkulierte 2024 nur noch WPV Typ 1 in Afghanistan und Pakistan. Darüber hinaus kommen vom oralen Polio-Impfstoff (OPV) zirkulierende Impfstoff-abgeleitete Polioviren vor (*circulating vaccine-derived poliovirus*, cVDPV, vor allem Typ 2, VDPV2). Diese können zu den gleichen Symptomen wie Infektionen mit WPV führen. Gegen Poliomyelitis 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 2024 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. 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 Nachweis oder Ausschluss von Polioviren.

Im Rahmen eines Forschungsprojekts des Nationalen Referenzzentrums für Poliomyelitis und Enteroviren (NRZ PE) wurden Ende 2024 in Abwasserproben an mehreren Standorten in Deutschland cVDPV2 nachgewiesen. Ebenso gab es Nachweise in vier weiteren europäischen Ländern, die genetisch miteinander verwandt waren (Finnland, Polen, Spanien und Vereinigtes Königreich). Das RKI rief zu erhöhter Wachsamkeit zur Erkennung von klinischen Poliomyelitis-Fällen sowie zur Schließung von Impflücken bei Kindern

auf. Zudem veröffentlichten die Ständige Impfkommission (STIKO) und die Nationale Kommission für die Polioeradikation in Deutschland Stellungnahmen.

### Fazit

Aufgrund des weiterhin bestehenden Risikos einer internationalen Ausbreitung sowohl von WPV als auch von cVDPV wurde bislang die Polio-Situation weltweit im 3-monatigen Rhythmus von der WHO als eine gesundheitliche Notlage von internationaler Tragweite (*Public Health Emergency of International Concern*, PHEIC) bestätigt. Sowohl die von der STIKO empfohlene Grundimmunisierung gegen Poliomyelitis im Säuglingsalter als auch Auffrischimpfungen z. B. im Kontext von Auslandsreisen sind wichtige Bausteine für die Erreichung des Ziels der weltweiten Polioeradikation.

### Literaturhinweise

- Böttcher S, Kreibich J, Wilton T, et al.: *Detection of circulating vaccine-derived poliovirus type 2 (cVDPV2) in wastewater samples: a wake-up call, Finland, Germany, Poland, Spain, the United Kingdom, 2024*. Euro Surveill. 2025; 30(3).  
<https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.3.2500037>.
- RKI: *Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zu Poliomyelitis mit Schwerpunkt Abwasseruntersuchung 2025*. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/SharedDocs/FAQs/DE/Polio/Polio-gesamt.html>
- RKI: *Hinweis auf Schluckimpfstoff-abgeleitete Polioviren in Abwasserproben an mehreren Orten in Deutschland*. Epid Bull. 2024; 48. <https://doi.org/10.25646/12938>
- RKI: *Schluckimpfstoff-abgeleitete Polioviren in Abwasserproben an weiteren Orten in Deutschland nachgewiesen*. Epid Bull. 2024; 49. <https://doi.org/10.25646/12945>
- RKI: *Stellungnahme der Nationalen Kommission für die Polioeradikation zum Nachweis infektiöser Polioviren (cVDPV2) im Abwasser mehrerer deutscher Städte*. 2024. Abrufbar unter: [https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Impfen/Eliminationsprogramme/Kommission-Polioeradikation/Stellungnahme\\_2024-12-20.html](https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Impfen/Eliminationsprogramme/Kommission-Polioeradikation/Stellungnahme_2024-12-20.html)
- RKI: *RKI-Ratgeber Poliomyelitis*. 2025. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- STIKO: *Stellungnahme der STIKO anlässlich des Nachweises von Schluckimpfstoff-abgeleiteten Polioviren im Abwasser in Deutschland*. Epid Bull. 2024; 50. <https://doi.org/10.25646/12958>
- STIKO und Deutsche Gesellschaft für Tropenmedizin Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V et. al.: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e.V. (DTG) zu Reiseimpfungen*. Epid Bull. 2025; 14. <https://doi.org/10.25646/13090.2>

## 6.56 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 95
- ▶ Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr 30 % höher
- ▶ Häufigstes Infektionsland ist Deutschland

### Kurzbeschreibung

Q-Fieber wird durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht. Zecken spielen eine wichtige Rolle im Infektionskreislauf der Wild- und Nutztiere. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt jedoch in der Regel auf dem Luftweg über die erregerbelasteten, getrockneten Ausscheidungen (insbesondere Geburtsprodukte) infizierter Haus- und Nutztiere sowie bei der durch infektiösen Zeckenkot belasteten Schafschur. In etwa der Hälfte der Fälle kommt es zu einer grippeähnlichen Erkrankung, die durch die Entzündung von Lunge, Leber, Herzmuskel oder Gehirn kompliziert werden kann. Chronische Krankheitsverläufe (hauptsächlich Herzklappenentzündungen) sind sehr selten, aber wegen ihrer Krankheitschwere gefürchtet.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.56.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 95 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einw.). Im Vergleich zum Vorjahr (73) war die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 30 % höher (s. Abb. 6.56.1), lag aber weiterhin unter dem Median der Vorjahre (2001 bis 2023: 192 Erkrankungen).

### Geografische Verteilung

Mit der Ausnahme von Sachsen-Anhalt wurden aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurde dabei in Rheinland-Pfalz (0,3 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet.

Für 63 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (66 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) genannt. Bei 49 Erkrankungen (78 %) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

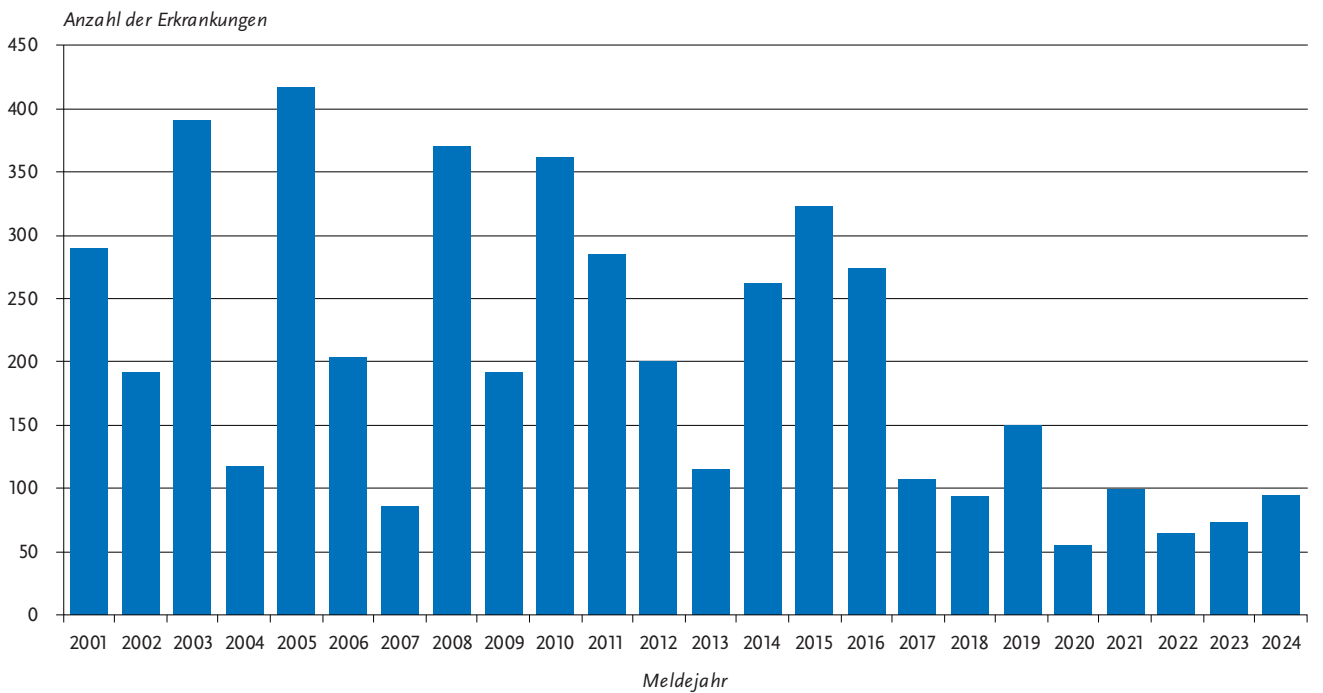
### Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden in allen Altersgruppen übermittelt. Die höchste altersspezifische Inzidenz war bei den 50- bis 69-jährigen Männern (0,2 Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen. Wie in den Vorjahren waren Männer (57 Erkrankungen) stärker betroffen als Frauen (38) (s. Abb. 6.56.3).

**Tab. 6.56.1:**  
Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	73	72 %	95	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	15	15 %	18	15 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	14	14 %	9	7 %
alle	102	100 %	122	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>73</b>	<b>72 %</b>	<b>95</b>	<b>78 %</b>

**Abb. 6.56.1:**  
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.56.2:**  
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 95) im Vergleich mit den Vorjahren

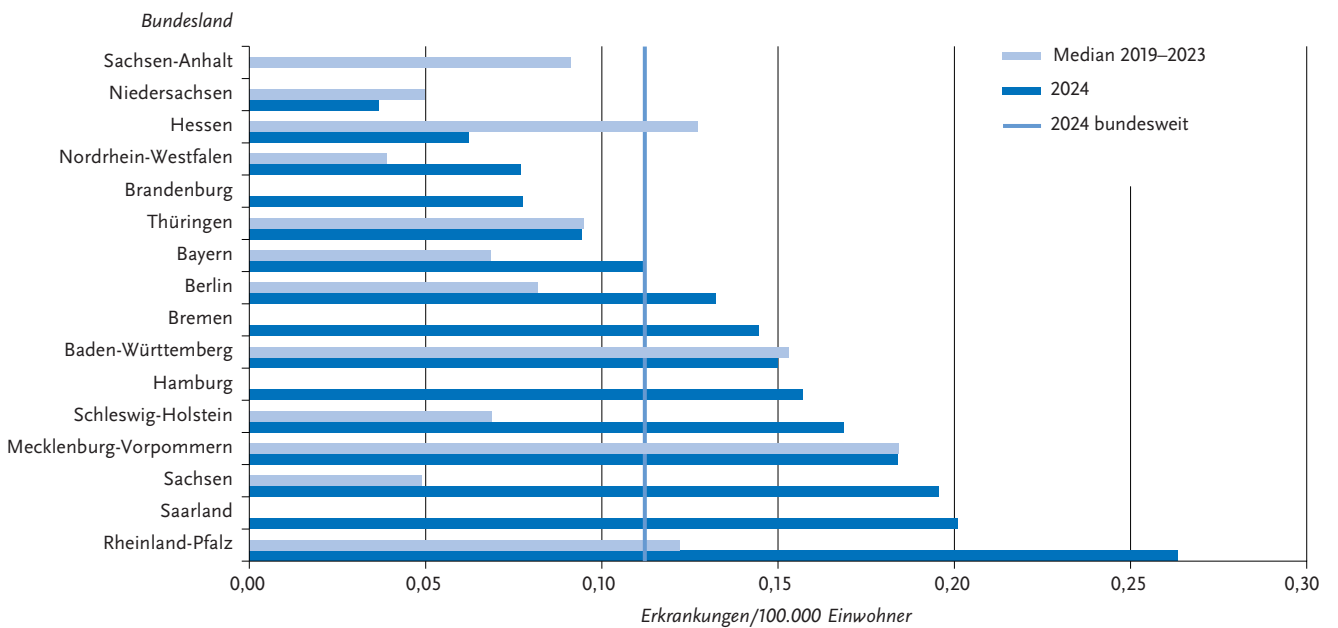
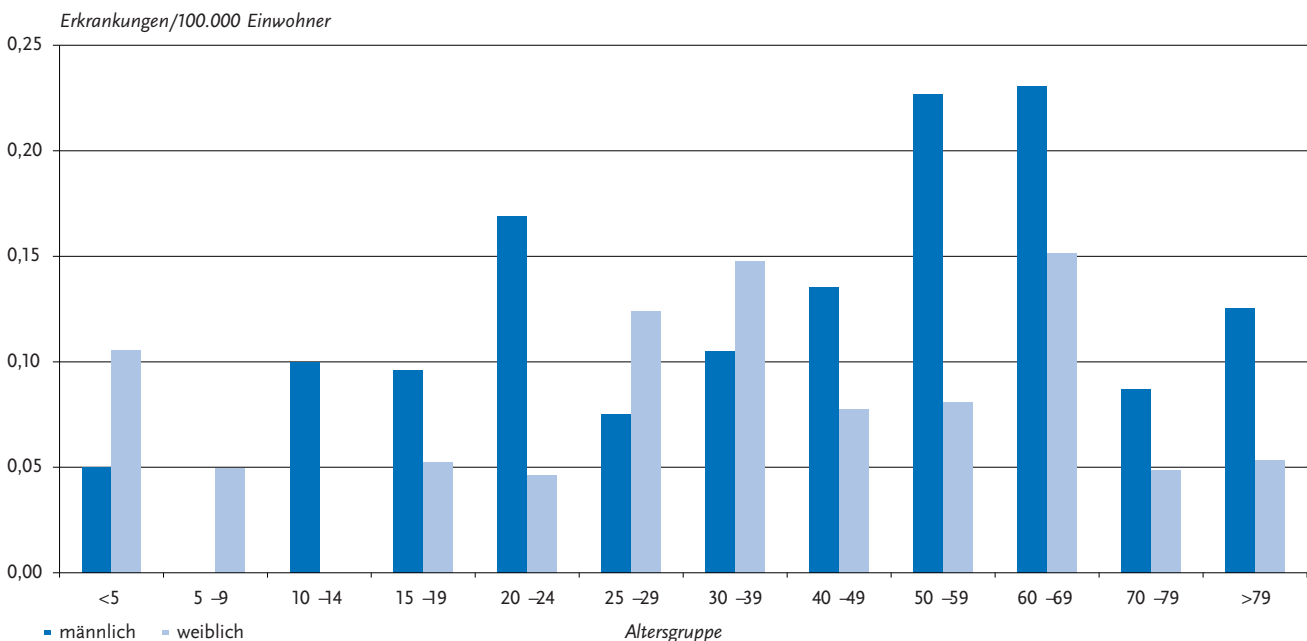


Abb. 6.56.3:  
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 95)



### Klinische Aspekte

Für alle Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 184 Nennungen). Am häufigsten waren dies Fieber (bei 81 % aller Erkrankungen), allgemeine Krankheitszeichen (bei 53 % aller Erkrankungen), Lungenentzündung (bei 32 % aller Erkrankungen). Bei 17 Erkrankungen (18 %) wurden erhöhte Serumtransaminasen übermittelt. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

### Ausbrüche

Es wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankungen aus Baden-Württemberg und Bayern übermittelt. Der Anteil der Q-Fieber-Erkrankungen, die 2024 im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt wurden, war mit 4 % höher als im Jahr 2023 (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 192 Erkrankungen). Seit 2017 sind die

Fallzahlen auf einem relativ niedrigen Niveau, vor allem bedingt durch den Rückgang großer Ausbrüche.

### 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://doi.org/10.3201/eid2307.161693>
- RKI: RKI-Ratgeber Q-Fieber. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- 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>

## 6.57 Rotavirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 21.725
- ▶ 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
- ▶ 527 Ausbrüche mit 3.841 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

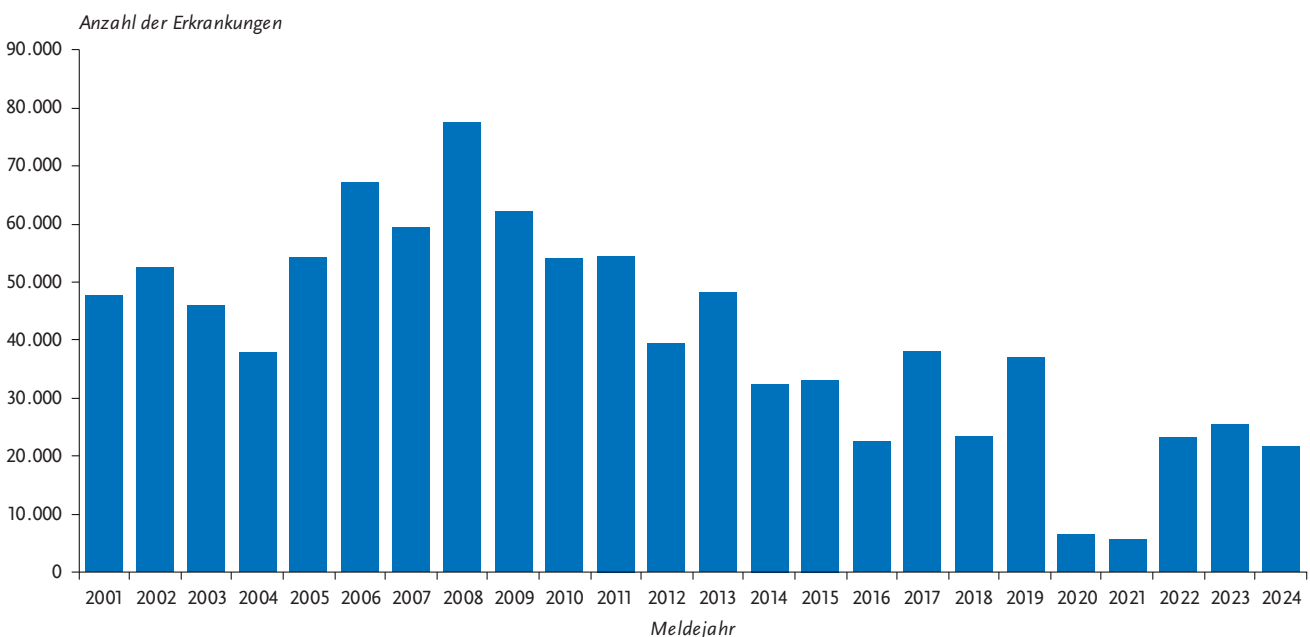
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.57.1).

### Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war in Deutschland 2024 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der Norovirus-Gastroenteritis (77.205) und der *Campylobacter*-Enteritis (46.112). 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 2024 ist die Fallzahl im Vergleich zum Vorjahr um 15 % zurückgegangen und hat sich von 25.475 Fällen auf 21.725 reduziert. Außerdem hat die Zahl der übermittelten Rotavirus-Fälle 2024 ein neues Minimum erreicht und ist geringer als die Fallzahl im Jahr 2016, dem bisher registrierten Minimum von 22.647 Fällen (s. Abb. 6.57.1).

Ab Beginn des Jahres 2024 zeigte sich eine kontinuierliche Zunahme der wöchentlich übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden. Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2024 im Mai. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 906 Erkrankungen übermittelt. Das zwischensaisonale Tief war im Jahr 2024 sehr kurz. Es begann mit weniger als 200 Fällen pro Woche Anfang Oktober 2024 in der 40. Meldewoche. Früher als in den vergangenen Jahren zeichnete sich schon 4 Wochen später ab Kalenderwoche 47 mit einem erneuten Anstieg der Erkrankungszahlen der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison an.

Abb. 6.57.1: Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Tab. 6.57.1:**  
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3.217	10 %	2.565	9 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	22.258	72 %	19.160	71 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	750	2 %	683	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	4.695	15 %	4.750	17 %
alle	30.920	100 %	27.158	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>25.475</b>	<b>82 %</b>	<b>21.725</b>	<b>80 %</b>

**Geografische Verteilung**

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 26 Erkrankungen pro 100.000 Einw. 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, Brandenburg, Sachsen, Sachsen-Anhalt, und Mecklenburg-Vorpommern sowie in Hamburg, Berlin und dem Saarland registriert. Die Inzidenzwerte lagen hier zwischen 28 und 79 Erkr./100.000 Einw., während in den übrigen Bundesländern Werte zwischen 13 und 24 Erkr./100.000 Einw. gemeldet wurden. Ein besonders deutlicher Rückgang im Vergleich zum Median der Vorjahre wurde in Mecklenburg-Vorpommern (-25 %), Sachsen (-25 %) und in Sachsen-Anhalt (-18 %) beobachtet. Ein hingegen besonders ausgeprägter Anstieg von mehr als 25 % im Vergleich zum Vorjahr zeigte sich mit ansteigenden Werten in Niedersachsen, Berlin, dem Saarland und in Thüringen (s. Abb. 6.57.2).

Bei 14.947 (69 %) der übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei wurde bei 97 % der Nennungen (Mehrfachnennungen möglich) Deutschland angegeben.

**Demografische Verteilung**

Rotavirus-Gastroenteritiden treten vermehrt im Kindesalter auf; ein Drittel (33 %) der Erkrankungen betraf Kinder unter 5 Jahren. Die höchsten Inzidenzen wurde bei <1-jährigen Kindern (310 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.57.3). Die Inzidenz nimmt mit steigendem Alter kontinuierlich deutlich ab, befindet sich im Alter zwischen 15 bis 59 Jahren auf einem niedrigen Niveau und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Im Jahr 2024 war die Inzidenz in den älteren Altersgruppen mit 56 Erkr./100.000 Einw. bei den über 79-jährigen Personen am höchsten, insgesamt wurden in dieser Altersgruppe 3.432 (16 %) Erkrankungen übermittelt.

**Abb. 6.57.2:**  
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohnenden nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 21.725) im Vergleich mit den Vorjahren

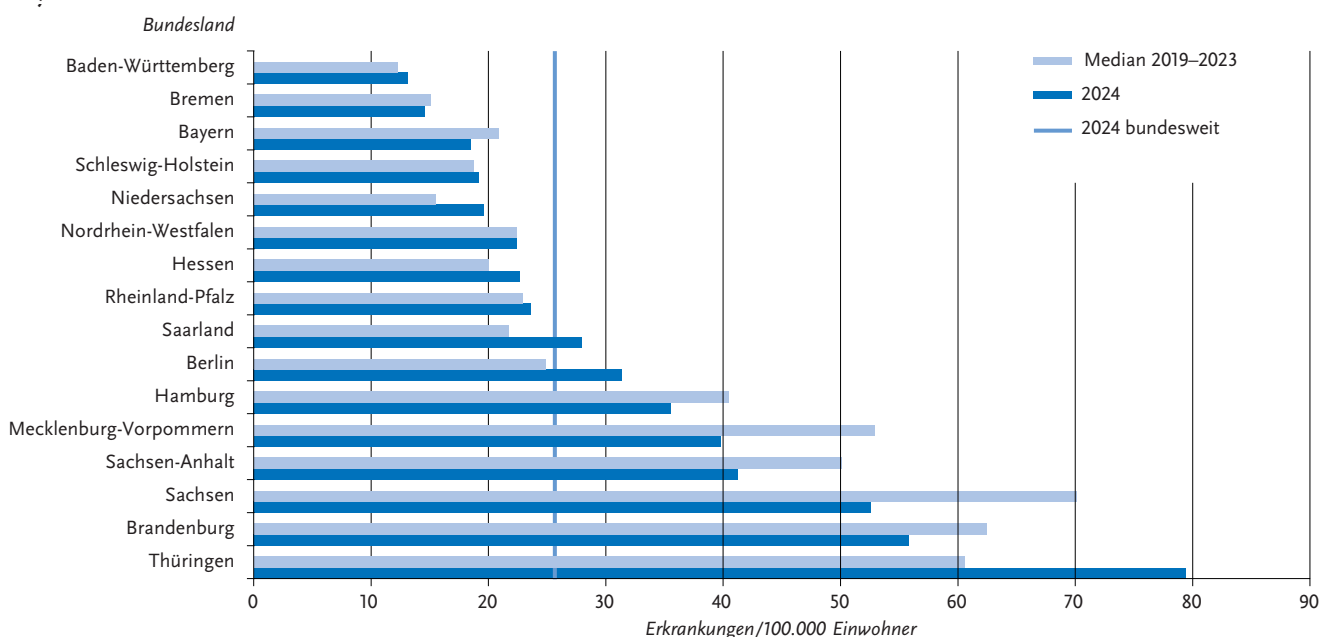
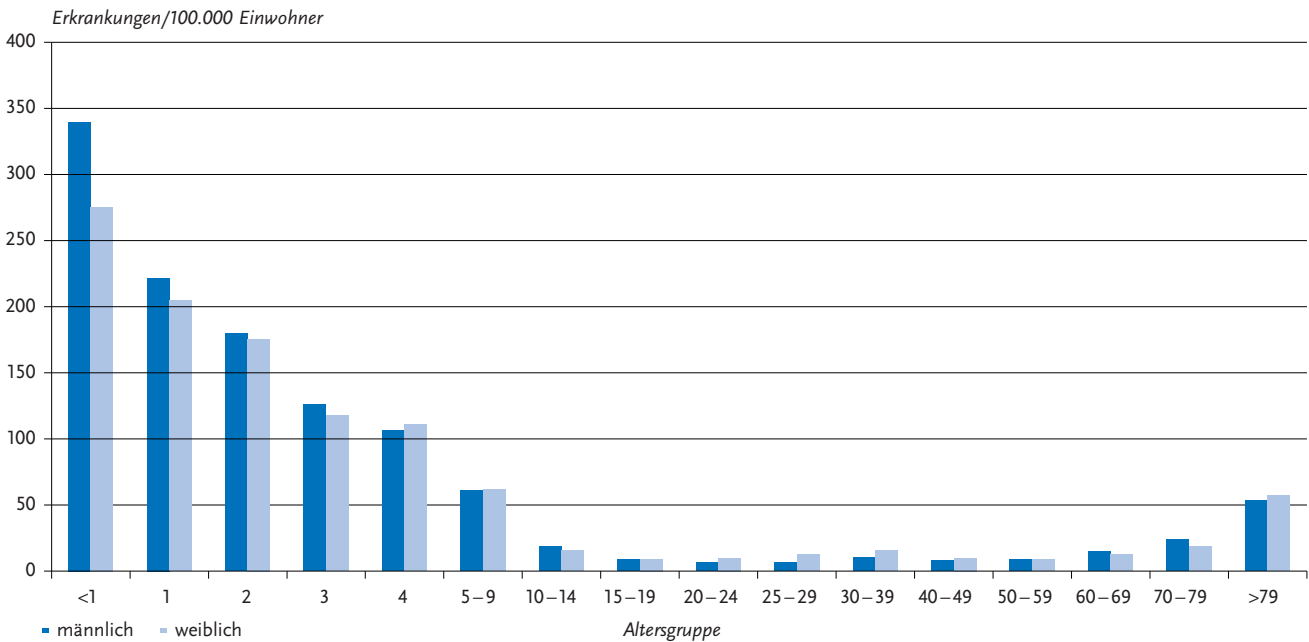


Abb. 6.57.3:

Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohnenden nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 21.566)



Mit Ausnahme der Säuglinge, bei denen die Inzidenz auf dem Niveau des Vorjahres lag, ist die Inzidenz bei Kindern im Alter <15 Jahren deutlich (um 20 bis 38 %) zurückgegangen. In den übrigen Altersgruppen sind die Inzidenzunterschiede im Vergleich zum Vorjahr gering, wobei es als Ausreißer bei den 30- bis 39-Jährigen eine Abnahme von 10 % gab. Es fällt auf, dass im Säuglingsalter Jungen deutlich häufiger betroffen sind als Mädchen.

### Klinische Aspekte

Bei 18.013 Erkrankungen (83 %) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 9.394 Erkrankungen (52 %) wurde eine stationäre Behandlung angegeben. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert wurden, war am höchsten in den Altersgruppen der unter 15-Jährigen (58 %) sowie der über 60-Jährigen (58 %). Bei den 25- bis 39-Jährigen war der Anteil mit unter 25 % am geringsten. Angaben zum Vitalstatus lagen für 99,9 % der Erkrankungen vor. Es wurden 12 Todesfälle übermittelt, für die eine Rotavirus-Gastroenteritis als Todesursache benannt wurde. Betroffen waren Personen im Alter zwischen 60 und 96 Jahren (Altersmedian 88 Jahre). Der Fall-Verstorbenen-Anteil der Rotavirus-Gastroenteritis betrug 0,06 %.

### Impfstatus

Zur Impfung gegen die Rotavirus-Gastroenteritis wurden 2006 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) zwei 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 Impfserie besteht aus 2 (Rotarix) bzw. 3 (RotaTeq)

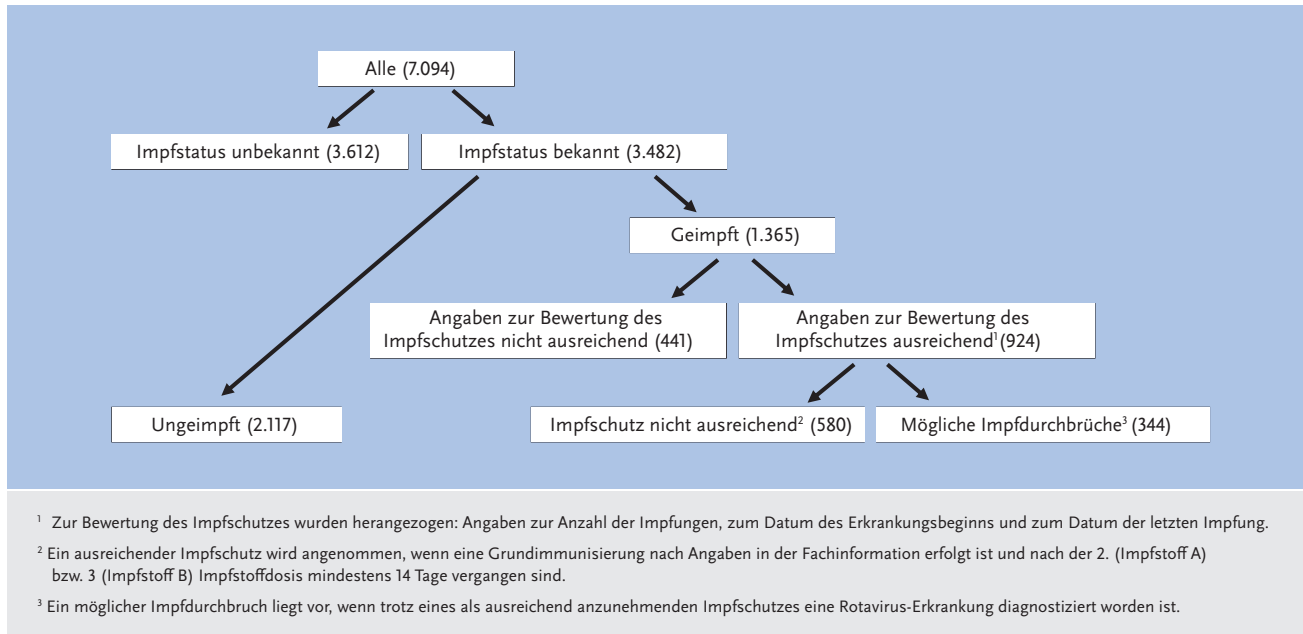
Impfstoffdosen. Zwischen den einzelnen Impfstoffdosen ist bei beiden Impfstoffen ein zeitlicher Abstand von mindestens 4 Wochen einzuhalten. Die Impfserie sollte vorzugsweise bis zum Alter von 16 (Rotarix) bzw. 22 (RotaTeq) Wochen verabreicht werden, muss aber auf jeden Fall bis zum Alter von 24 (Rotarix) bzw. 32 (RotaTeq) Wochen abgeschlossen sein. Ein Impfschutz besteht ab etwa 14 Tagen nach Abschluss der Impfserie.

Seit August 2013 empfiehlt die STIKO eine routinemäßige Rotavirus-Impfung von unter 6 Monate alten Säuglingen. Das primäre Ziel der Impfeempfehlung ist 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 2022 basierend auf den Daten der KV-Impfsurveillance betrug bundesweit 68 %; sie war regional sehr unterschiedlich und reichte von 62 % in Bayern bis 79 % in Mecklenburg-Vorpommern.

Da der Impfstoff keinen lebenslangen Schutz bietet und die Zielpopulation der Impfung Kleinkinder im Alter von unter 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von unter 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

Von den 7.094 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) war der Impfstatus bei 3.482 (49 %) Fällen bekannt. Von diesen wurden 1.365 (39 %) Kinder als geimpft und 2.117 (61 %) als ungeimpft übermittelt (s. Abb. 6.51.4). Bei den geimpften Kindern

**Abb. 6.57.4:**  
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus bei Kindern < 5 Jahren, Deutschland, 2024 (n = 7.094)



waren von 924 (68 %) 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 924 Kindern waren 344 (37 %) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 344 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 266 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung, 68 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung und 10 Erkrankungen nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates. Die Diagnose war bei 305 (89 %) der 344 Erkrankungen labor-diagnostisch gesichert. Von den 344 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 72 (21 %) Kinder < 1 Jahr alt, 91 (26 %) 1 Jahr, 88 (26 %) 2 Jahre, 50 (15 %) 3 Jahre und 43 (13 %) 4 Jahre alt. Insgesamt 158 (46 %) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 8 Erkrankungen zu vermuten ist.

**Ausbrüche**

Im Jahr 2023 wurden 527 Ausbrüche mit insgesamt 3.841 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.57.2). Nach dem deutlichen Rückgang der Rotavirus-bedingten Ausbrüche in den Pandemie-jahren 2020 und 2021 hat die Zahl der Ausbrüche wieder deutlich zugenommen und liegt auf dem präpandemischen Niveau. Insgesamt sind 18 % aller Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 313 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (ins-

gesamt 808 Erkrankungen) und 214 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 3.033 Erkrankungen) auf. Für 97 % der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 39 % dieser Ausbrüche in Einrichtungen der Pflege, 35 % in Kindergärten, 12 % in Krankenhäusern und 7 % in Reha-Einrichtungen.

**Datenqualität**

Auffällig ist der hohe Anteil an Fällen ohne Angaben zum klinischen Bild (17 %). 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 2024 zeigte die Rotavirus-

Epidemiologie ihren typischen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im späten Frühjahr und einem intersaisonalen Tief im Herbst.

### Literaturhinweise

- Koch J, Harder T, von Kries R, Wichmann O: *Risk of intussusception after Rotavirus vaccination*. Dtsch Arztebl Int 2017; 114(15). <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, Steffen A, Feig M, Rau C. *Impfquoten in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus dem RKI-Impfquotenmonitoring*. Epid Bull 2024, 50. <https://doi.org/10.25646/12956.3>
- RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. Epid Bull 2015; 1. <http://doi.org/10.25646/4693>
- RKI: *RKI-Ratgeber Rotaviren-Gastroenteritis*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2025*. Epid Bull 2025; 4. <https://doi.org/10.25646/12971.4>
- 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>

## 6.58 Röteln



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 11
- ▶ Inzidenz: 0,013 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Keine konnatale Röteln-Infektion
- ▶ Klinische Verdachtsfälle sollten unbedingt labor diagnostisch mit einer PCR bestätigt werden.
- ▶ Hohe Impfquoten haben dazu geführt, dass Deutschland den Status der Elimination der Röteln seit 2020 erreicht hat.

### Kurzbeschreibung

Röteln werden durch Viren ausgelöst. Der Mensch ist der einzige bekannte natürliche Wirt für das Rötelnvirus. Die Übertragung erfolgt über Tröpfchen. Besonders im Kindesalter verläuft ein Großteil der Infektionen asymptomatisch. Die Erkrankung ist durch ein kleinfleckiges Exanthem gekennzeichnet, das im Gesicht beginnt, sich über Körper und Extremitäten ausbreitet und nach 1 bis 3 Tagen wieder verschwindet. Weiter können insbesondere Kopfschmerzen, subfebrile Temperaturen (leicht erhöhte Körpertemperatur) und Lymphknotenschwellungen (besonders der nuchalen

[Nackengebiet] und retroaurikulären [hinter den Ohren] Lymphknoten) auftreten. Seltene (jedoch mit zunehmendem Lebensalter der erkrankten Person häufigere) Komplikationen sind Arthralgien (Gelenkschmerzen), Arthritiden (Gelenkentzündungen) 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 Schädigungen (Embryopathien) wie Taubheit, Augenschäden, geistige 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 360 im Jahr 2024 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 11 (3 %) die Referenzdefinition (s. Tab. 6.58.1).

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 labor diagnostischer Nachweis vorliegt. Alle Fälle nach Referenzdefinition waren labor diagnostisch durch eine Serologie bestätigt worden. In keinem Fall wurde eine PCR durchgeführt.

#### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2024 wurden insgesamt 11 Röteln-Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllten, übermittelt (2023: 5). Die höchste Fallzahl wurde im Jahr der Einführung der bundesweiten Meldepflicht verzeichnet und lag bei 58 übermittelten Erkrankungen im Jahr 2013. Seitdem nahm die Anzahl der übermittelten Röteln-Erkrankungen mit erfüllter Referenzdefinition deutlich ab. Die im Jahr 2024 übermittelten Erkrankungen traten im Februar, März, April, Mai, Juli und Oktober auf.

#### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,013 Erkrankungen pro 100.000 Einw. und damit weit unterhalb der von der WHO geforderten Indikatorinzidenz für die Eliminierung der Röteln von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

**Tab. 6.58.1:**  
Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	3	1 %	16	4 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	5	2 %	11	3 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	97	46 %	189	52 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	108	51 %	144	40 %
alle	213	100 %	360	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>5</b>	<b>2 %</b>	<b>11</b>	<b>3 %</b>

Die 11 akuten Röteln-Erkrankungen nach Referenzdefinition waren in Baden-Württemberg, Bayern, Berlin, Brandenburg, Hamburg, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz aufgetreten. Die genannten Expositionsländer der übermittelten Röteln-Erkrankungen waren Deutschland, Indonesien und Italien.

#### Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Alle 11 nach Referenzdefinition übermittelten Fälle traten bei Erwachsenen im Alter von 20 bis 59 Jahren auf.

Bei 3 der 11 übermittelten Röteln-Erkrankungen nach Referenzdefinition war ein männliches und bei 8 ein weibliches Geschlecht angegeben.

#### Klinische Aspekte

Für alle 11 an Röteln erkrankten Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu aufgetretenen Symptomen vor. Bei allen Erkrankten war ein generalisiertes Exanthem aufgetreten. Bei 7 Erkrankten waren Lymphknotenschwellungen und bei 6 Personen waren Arthralgien bzw. Arthritiden beschrieben worden. Röteln-assoziierte Hospitalisationen oder Todesfälle wurden im Jahr 2024 nicht berichtet.

#### Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines rötelnvirushaltigen Impfstoffes (Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln [MMR]) erreicht. Bereits nach der 1. Impfung entwickeln über 95 % der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 1. Röteln- (Mumps-Masern) Impfung im Alter von 11 Monaten und eine 2. Impfung im Alter von 15 Monaten mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung. 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 11 Erkrankungen im Jahr 2024 wurden 4 als geimpft übermittelt.

#### Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurde, wie schon in den Jahren 2020 bis 2023, 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 6.58.1). Darüber hinaus können andere Viruserkrankungen eine den Röteln ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsache 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 mitunter 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 Fehlangabe 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 Rötelnkrankung ein Probenversand (Serum, Rachenabstrich) an das NRZ MMR am RKI erfolgen sollte, um diesen Befund durch weitere Untersuchungen (Immunoblot, IgG-Avidität, RT-PCR) zu bestätigen;
- ▶ nach einem durch ein Labor gemeldeten positiven Befund – zur weiteren Sicherung der Diagnose einer akuten Röteln-Infektion – eine Rücksprache der Gesundheitsämter mit der betroffenen Person und ggf. dem/der einsendenden Arzt/ Ärztin erfolgen sollte, ob ein Verdacht auf eine akute Rötelnkrankung vorliegt.

## Fazit

Die Anzahl der übermittelten Röteln-Fälle im Jahr 2024 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 bestätigt, dass die endemische Zirkulation der Röteln in Deutschland unterbrochen ist. Die Röteln gelten daher seit 2020 in Deutschland als eliminiert.

Die übermittelten Daten von 2024 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. weitere feindiagnostische Untersuchungen erleichtert die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen).

Letztendlich ist das Ziel, konnatale Röteln in Deutschland zu verhindern. Je sensitiver das Surveillancesystem ist, desto schneller kann eine Übertragung auf schwangere Frauen im Falle des Vorliegens der Röteln verhindert werden. Ein Nachweis Röteln-spezifischer IgM-Antikörper in der Schwangerschaft bedarf vor therapeutischen Entscheidungen immer einer Überprüfung des Befundes durch eine weitere Diagnostik (z. B. Immunoblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

## Konnatale Röteln

### Situation in Deutschland

Für das Jahr 2024 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*. Abrufbar unter: <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>

NAVKO: *Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland, 2023*. Abrufbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Impfen/Eliminationsprogramme/Nationale-Verifizierungskommission-Masern-Roeteln/Berichte/berichte-node.html>

Rieck T, Steffen A, Feig M, Rau C: *Impfquoten in Deutschland – aktuelle Ergebnisse aus dem RKI-Impfquotenmonitoring*. *Epid Bull* 2024; 50. <https://www.doi.org/10.25646/12956.3>

RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln*. *Epid Bull*. 2010; 32. <https://doi.org/10.25646/4466>

RKI: *RKI-Ratgeber Röteln*. 2021. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

STIKO: *Empfehlung und wissenschaftliche Begründung für die Angleichung der beruflich indizierten Masern-Mumps-Röteln-(MMR-) und Varizellen-Impfung*. *Epid Bull* 2020; 2. <http://doi.org/10.25646/6447.3>

## 6.59 RSV-Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **46.535**
- ▶ RSV-Welle der Saison 2023/24: 47. MW 2023 bis 10. MW 2024 (16 Wochen)
- ▶ Höchste wöchentliche Inzidenz in der 5. MW 2024
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenz bei Säuglingen unter 1 Jahr
- ▶ 77 Ausbrüche mit mindestens 5 Fällen pro Ausbruch v. a. in Kindergärten/Horten
- ▶ STIKO-Empfehlungen zur RSV-Prophylaxe und RSV-Impfung seit Sommer 2024

### Kurzbeschreibung

Das Respiratorische Synzytial-Virus (RSV) ist einer der bedeutendsten Erreger akuter Infektionen der unteren Atemwege, insbesondere bei Säuglingen und Kleinkindern. RSV wird hauptsächlich durch respiratorische Sekrete in Tröpfchenform 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. RSV-Infektionen treten gehäuft während der RSV-Saisons zwischen der 40. und der 20. Kalenderwoche bzw. hauptsächlich während RSV-Erkrankungswellen auf,

die in Deutschland meistens zwischen November/Dezember und März/April auftreten. In dieser Zeit ist die RSV-Inzidenz am höchsten, in den übrigen Monaten kommen sporadische Infektionen vor.

### Falldefinition

Seit Juli besteht eine bundesweite Meldepflicht für RSV-Infektionen. Im Jahr 2024 wurden 46.535 RSV-Fälle gemäß Referenzdefinition (Falldefinitions-kategorien B, C, D, E) übermittelt (s. Tab. 6.59.1). Davon entfallen 45.636 Fälle (98 %) auf labordiagnostisch bestätigte RSV-Infektionen (Falldefinitions-kategorien C, D, E). Im Folgenden werden Fälle berichtet, die der Referenzdefinition (Falldefinitions-kategorien B, C, D, E) entsprachen.

### Zeitlicher Verlauf

Als RSV-Saison wird der Zeitraum bezeichnet, in dem RSV hauptsächlich zirkulieren. Die RSV-Saison 2023/24 begann mit der 40. Meldewoche (MW) 2023 und endete mit der 20. MW 2024. Gemäß der RKI-Definition begann die RSV-Welle 2023/24 bereits in der 47. MW 2023, so startete das Jahr 2024 bereits mit einer hohen Zahl an RSV-Erkrankungen. Die Anzahl der übermittelten RSV-Fälle erreichte in der 5. MW mit 4.764 Fällen ihren Höhepunkt – sowohl für die Saison 2023/24 als auch im Jahresverlauf 2024 (s. Abb. 6.59.1). Nach der 5. MW sank die Zahl der übermittelten RSV-Fälle deutlich. Die RSV-Welle 2023/24 endete mit der 10. MW, gefolgt von einem weiteren Absinken der Fallzahlen. Mit Start der neuen Saison 2024/25 ab der 40. MW 2024 stiegen die Fallzahlen bis zur 51. MW erneut an. Die Fallzahlen ab der 43. MW waren insgesamt niedriger als zur gleichen Zeit im Vorjahr. Die RSV-Welle 2024/25 begann erst in der 3. MW 2025.

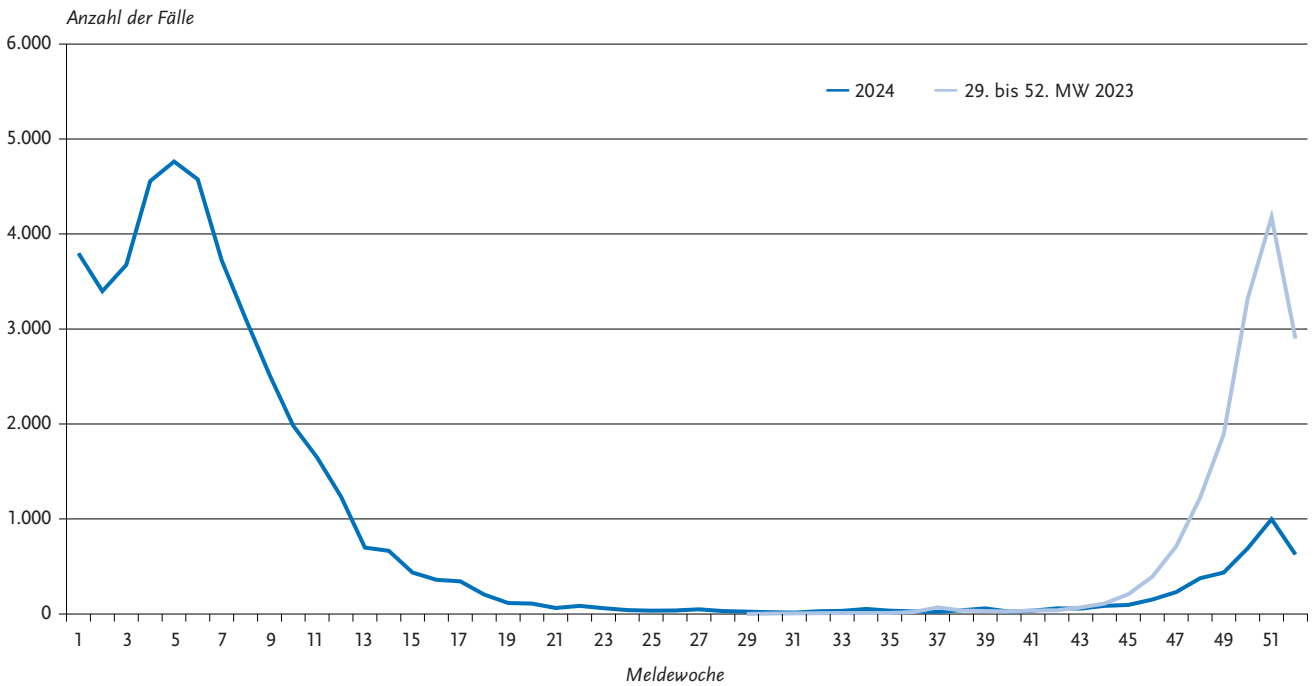
### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für das Jahr 2024 lag bei 55 RSV-Fällen pro 100.000 Einw. Die Inzidenzen variierten deutlich je nach Bundesland zwischen 27 Fällen pro 100.000 Einw. im Saarland und 202 Fällen pro 100.000 Einw. in Sachsen-Anhalt (s. Abb. 6.59.2). Die Inzidenzen lagen in Sachsen-Anhalt, Sachsen (163), Thüringen (129), Brandenburg (92), Mecklenburg-Vorpommern (87) und Bayern (68) über

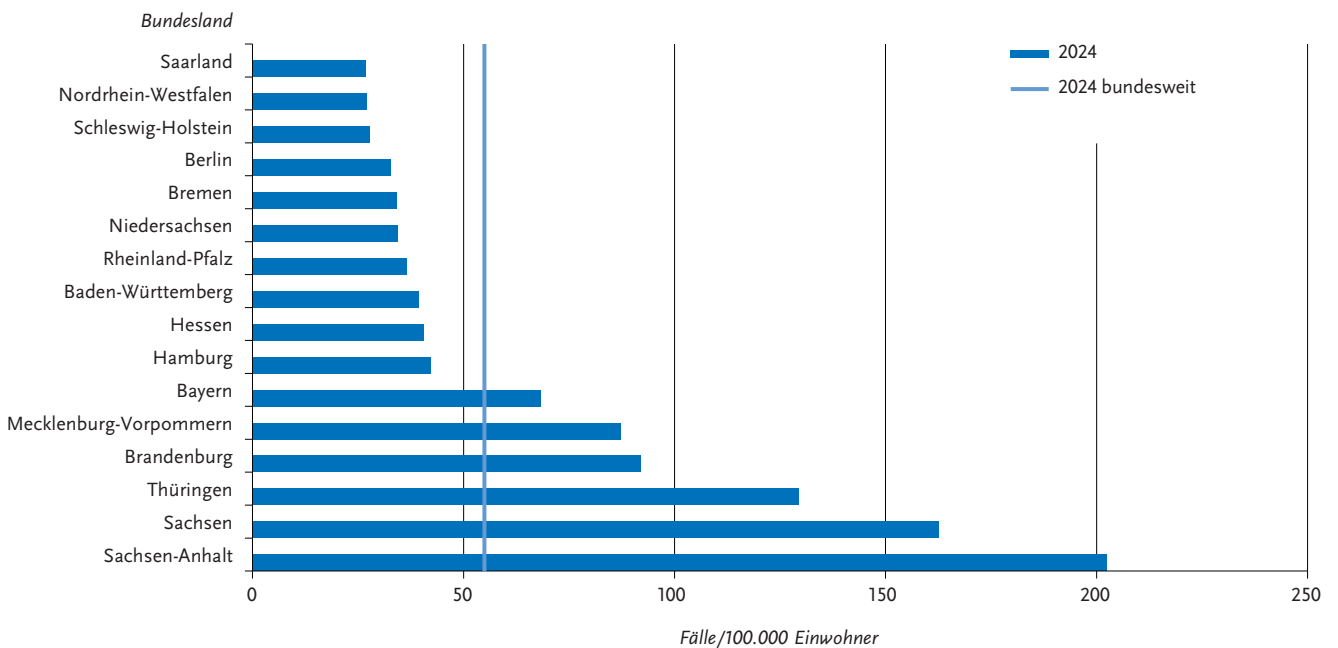
**Tab. 6.59.1:** Übermittelte RSV-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2024 (Beginn der Meldepflicht: 21.07.2023)

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	197	1 %	899	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	8.714	57 %	28.172	61 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.078	7 %	2.186	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	5.315	35 %	15.278	33 %
alle	15.304	100 %	46.535	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C+D+E)</b>	<b>15.304</b>	<b>100 %</b>	<b>46.535</b>	<b>100 %</b>

**Abb. 6.59.1:** Übermittelte RSV-Infektionen nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 46.535) im Vergleich mit dem Vorjahr 2023 ab der 29. Meldewoche



**Abb. 6.59.2:** Übermittelte RSV-Infektionen pro 100.000 Einw. nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 46.535)

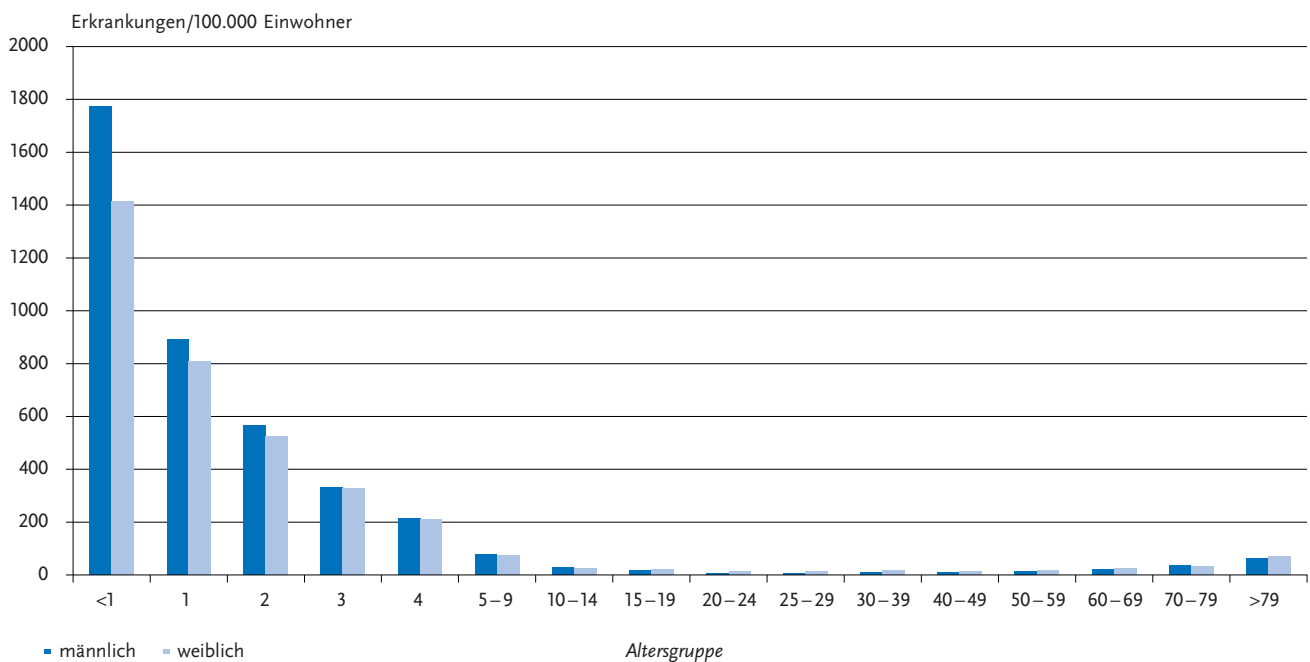


der bundesweiten Inzidenz und in den übrigen Bundesländern darunter. Für 17.901 Fälle (38 %) war ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Unter diesen wurde für nahezu alle Fälle eine Exposition in Deutschland übermittelt, für 0,2 % der Fälle wurde eine Exposition im Ausland angegeben. Damit spielten importierte Fälle für das Infektionsgeschehen in Deutschland keine Rolle.

**Demografische Verteilung**

Für 46.260 Fälle (99 %) lag eine Angabe zu Alter und Geschlecht vor. Der Altersmedian aller übermittelten RSV-Fälle lag 2024 bei 2 Jahren und damit etwas höher als im Vorjahr (1 Jahr). Die altersspezifische Inzidenz war mit 1.609 Fällen pro 100.000 Einw. wie im Vorjahr bei Säuglingen unter 1 Jahr am höchsten. Mit zunehmendem Alter nahm die Inzidenz bis zur Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen

**Abb. 6.59.3:**  
Übermittelte RSV-Infektionen pro 100.000 Einw. nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 46.260)



(10/100.000) deutlich ab. Die Inzidenz stieg ab der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen in den höheren Altersgruppen wieder leicht an bis auf 68 Fälle pro 100.000 Einw. bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.59.3).

Insgesamt war die Inzidenz beim männlichen Geschlecht (56/100.000) leicht höher als beim weiblichen Geschlecht (53/100.000). Bei Säuglingen unter 1 Jahr lag sie bei Jungen (1.773/100.000) deutlich über der bei Mädchen (1.413/100.000).

### Klinische Aspekte

Unter allen übermittelten RSV-Fällen lag für 28.141 Fälle (60 %) eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Davon wurden 13.423 RSV-Fälle (48 %) stationär aufgenommen, etwa die Hälfte der hospitalisierten RSV-Fälle (52 %) war männlich. Unter den hospitalisierten RSV-Fällen waren vor allem Kleinkinder und ältere Erwachsene, darunter 4.477 (33 %) Säuglinge unter 1 Jahr und 1.907 (14 %) Erwachsene über 79 Jahre.

Im Jahr 2024 wurden 161 Todesfälle übermittelt. Dies entspricht 0,3 % aller übermittelten RSV-Fälle. Unter den insgesamt 161 Todesfällen waren 90 % (145 Personen) 60 Jahre oder älter. Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen RSV-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Unter den insgesamt 161 Todesfällen im Jahr 2024 wurde bei 84 Fällen (52 %) angegeben, dass die RSV-Infektion ursächlich zum Tod beigetragen habe. In 48 % der Fälle wurde dokumentiert, dass sie aufgrund anderer Ursachen verstorben sind oder die Todesursache unbekannt ist.

### Impfstatus

In der Europäischen Union (EU) war bis Ende 2022 nur der monoklonale RSV-Antikörper Palivizumab (Synagis) zur Prophylaxe von RSV-Erkrankungen der unteren Atemwege bei Kleinkindern mit hohem Risiko für einen schweren Krankheitsverlauf zugelassen. Im Oktober 2022 hat die EU den monoklonalen RSV-Antikörper Nirsevimab (Beyfortus) zugelassen. Seit Ende Juni 2024 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) allen Neugeborenen und Säuglingen unabhängig von möglichen Risikofaktoren eine RSV-Prophylaxe mit dem monoklonalen Antikörper Nirsevimab (Beyfortus) als Einmaldosis vor bzw. in ihrer ersten RSV-Saison. Im Sommer 2023 wurden in der EU erstmals zwei proteinbasierte RSV-Impfstoffe (Arexvy und Abrysvo) zum Schutz vor RSV-Infektionen zugelassen. Seit Anfang August 2024 empfiehlt die STIKO für alle Personen  $\geq 75$  Jahre eine einmalige RSV-Impfung mit einem RSV-Impfstoff (Arexvy oder Abrysvo) möglichst vor der RSV-Saison als Standardimpfung. Außerdem wird Personen im Alter von 60 bis 74 Jahren mit einer schweren Grunderkrankung oder Personen, die in einer Einrichtung der Pflege leben und somit ein deutlich erhöhtes Risiko für einen schweren RSV-Krankheitsverlauf haben, ebenfalls eine einmalige RSV-Impfung als Indikationsimpfung empfohlen.

Insgesamt lag bei 13.623 Fällen (29 %) eine Angabe zum Prophylaxe- oder Impfstatus vor. Davon wurden 13.373 Fälle (98 %) als ohne Prophylaxe bzw. ungeimpft sowie 250 Fälle (2 %) als mit Prophylaxe oder geimpft übermittelt. In 17 der 250 Fälle (7 %) wurden das Prophylaktikum bzw. der Impfstoff angegeben: Nirsevimab in 9 Fällen, Palivizumab in 7 Fällen und Arexvy in einem Fall.

## Ausbrüche

Im Jahr 2024 wurden 342 RSV-Ausbrüche mit insgesamt 1.545 Ausbruchsfällen übermittelt. Im Durchschnitt gab es 4,5 übermittelte Fälle pro Ausbruch. Die Spanne reichte von 2 bis zu 38 Fällen pro Ausbruch. In der 4. MW wurden die meisten Ausbrüche pro MW übermittelt (47). Der Altersmedian der Ausbruchsfälle lag bei 3 Jahren und lag somit ein Jahr über dem Altersmedian aller übermittelten RSV-Fälle. Die Mehrzahl aller Ausbruchsfälle (1.012, 66 %) war jünger als 5 Jahre und damit im Kindergartenalter. Diese Fälle bilden am ehesten die häufige Meldung und Übermittlung von Ausbrüchen in Kindergärten ab. Ursächlich ist die große Anzahl von Infektionen bei Kindern, die erstmals mit RSV in Kontakt kommen und ohne vorbestehende Immunität leicht erkranken.

Insgesamt 77 (23 %) der übermittelten Ausbrüche hatten mindestens 5 Fälle. Diese traten überwiegend in Kindergärten/Horten auf, aus diesem Setting wurden 62 Ausbrüche (81 %) mit insgesamt 720 Ausbruchsfällen übermittelt. Des Weiteren wurden 6 Ausbrüche (10 %) im Setting Alten-/Pflegeheim mit insgesamt 60 Ausbruchsfällen und 3 Ausbrüche (4 %) im Setting Krankenhaus mit insgesamt 20 Ausbruchsfällen übermittelt.

## Datenqualität

Da die bundesweite Meldepflicht für RSV gemäß IfSG erst im Juli 2023 eingeführt wurde, kann es in den ersten Jahren nach ihrer Einführung noch zu einer Untererfassung von RSV-Infektionen kommen. Dies ist möglicherweise auf das anfangs noch geringe Bewusstsein für die neue Meldepflicht sowie eine eingeschränkte Testhäufigkeit für RSV zurückzuführen. Im Jahr 2024 lag die Inzidenz der übermittelten RSV-Fälle in den östlichen Bundesländern höher als in den anderen Bundesländern. Möglicherweise wurden in den östlichen Bundesländern mehr RSV-Tests durchgeführt und dementsprechend auch mehr Nachweise gemeldet, da z. B. in Sachsen die RSV-Meldepflicht beruhend auf einer Landesverordnung schon lange vor der bundesweiten Einführung bestand.

Zudem treten RSV-Infektionen besonders häufig bei Kleinkindern auf. Daher werden Kleinkinder mit ARE-Symptomen vermutlich häufiger auf RSV getestet. Dagegen werden bei älteren Kindern und Erwachsenen insbesondere bei mild verlaufenden Infektionen im ambulanten Bereich seltener RSV-Tests durchgeführt, was zu einer Untererfassung dieser Personengruppen führen kann.

Bei dem Großteil der übermittelten RSV-Fälle fehlten Angaben zum Prophylaxe- oder Impfstatus, da die STIKO-Empfehlungen zur RSV-Prophylaxe und -Impfung erst im Sommer 2024 eingeführt wurden. Bei der Mehrzahl der übermittelten Fälle, bei denen eine RSV-Prophylaxe oder -Impfung durchgeführt wurde, wurde das Prophylaktikum bzw. der Impfstoff nicht angegeben. Daher ist insbesondere zu Beginn der Umsetzung der STIKO-Empfehlungen mit

einer unvollständigen Erfassung dieser Daten und einer eingeschränkten Aussagekraft zu rechnen.

Positiv hervorzuheben ist, dass die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht der RSV-Fälle im Jahr 2024 hoch war.

Die Vollständigkeit und Aussagekraft der RSV-Melddaten können sich im Laufe der Zeit verbessern, wenn das Bewusstsein für die RSV-Meldepflicht steigt und mehr RSV-Tests durchgeführt werden.

## Fazit

Nach Einführung der RSV-Meldepflicht im Juli 2023 wurden die Daten der übermittelten RSV-Infektionen erstmals für ein komplettes Kalenderjahr (2024) erfasst. Im Jahr 2024 traten RSV-Infektionen zyklisch auf. Die meisten Fälle wurden während der RSV-Welle 2023/24 im Winter sowie gegen Jahresende 2024 beobachtet. Die RSV-Inzidenz war in der 5. MW 2024 am höchsten. Wie im Vorjahr war die altersspezifische RSV-Inzidenz bei Säuglingen unter 1 Jahr am höchsten. Mit zunehmendem Alter nahm die RSV-Inzidenz deutlich ab und stieg bei älteren Erwachsenen wieder leicht an. Insgesamt war die Inzidenz beim männlichen Geschlecht höher als beim weiblichen. Säuglinge und ältere Erwachsene machten den größten Teil der hospitalisierten RSV-Fälle aus, RSV-Todesfälle betrafen überwiegend ältere Erwachsene. Am häufigsten von Ausbrüchen betroffen waren Kindergärten und Horte, wobei die Mehrzahl der Ausbruchsfälle jünger als 5 Jahre und damit im Kindergartenalter waren.

Die STIKO-Empfehlungen zur RSV-Prophylaxe und -Impfung wurden im Sommer 2024 eingeführt. Seitdem können Daten zum Prophylaxe- und Impfstatus der übermittelten RSV-Fälle erfasst werden, jedoch wurden hier bisher nur wenige Daten erfasst. Die RSV-Melddaten ergänzen die Erfassung von RSV-Infektionen im Rahmen der Sentinelsurveillance in Deutschland und unterstützen Analysen zur Veränderung der Epidemiologie von RSV-Infektionen nach Einführung der STIKO-Empfehlungen.

## Literaturhinweise

- 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, 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)*. Stockholm, 2025. Abrufbar unter: <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: *ARE Wochenberichte der AG Influenza.* Abrufbar unter: <https://influenza.rki.de/Wochenberichte.aspx>

RKI: *RKI-Ratgeber RSV-Infektionen.* 2025. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

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. 6.68 und 6.52) behandelt.

**Falldefinition**

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.60.1).

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 12.390 (2023: 10.704) 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. Seit dem Jahr 2022 steigt die Inzidenz wieder an, was sich auch im Jahr 2024 weiter fortgesetzt hat. Die Inzidenz liegt im Jahr 2024 bei 15 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (+35 % im Vergleich zu den Vorjahren), hat aber bisher nicht wieder das Niveau der Jahre 2015 bis 2019 erreicht (s. Abb. 6.60.1).

Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (4.913; 40 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.60.2).

**Geografische Verteilung**

In allen Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2024 über dem jeweiligen Median der fünf Vorjahre (s. Abb. 6.60.3). Besonders stark war der relative Anstieg in den folgenden Bundesländern zu verzeichnen: Berlin (+65 %), Hamburg (+58 %), Schleswig-Holstein (+45 %) und Bayern (+42 %).

**6.60 Salmonellose**



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **12.390**
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Infektionen überwiegend in Deutschland erworben
- ▶ 171 Ausbrüche mit 1.232 Erkrankungen

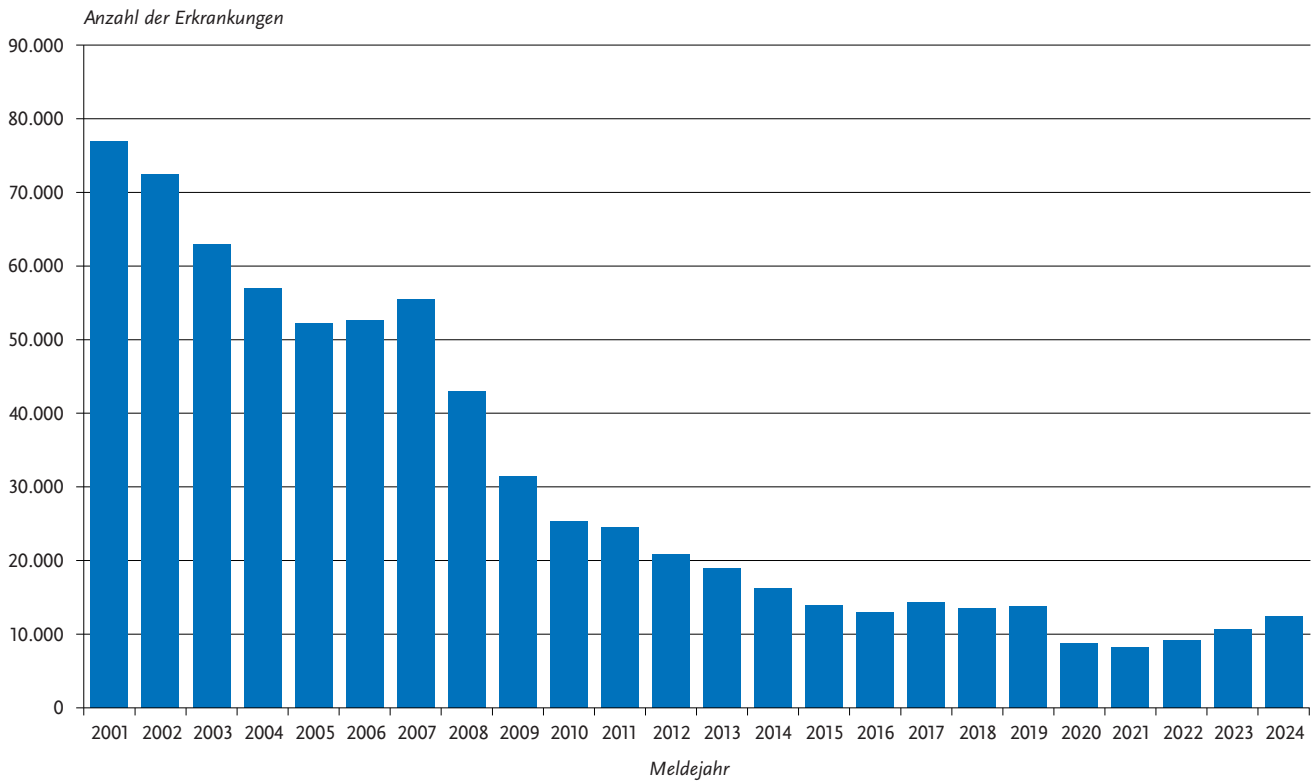
**Kurzbeschreibung**

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.

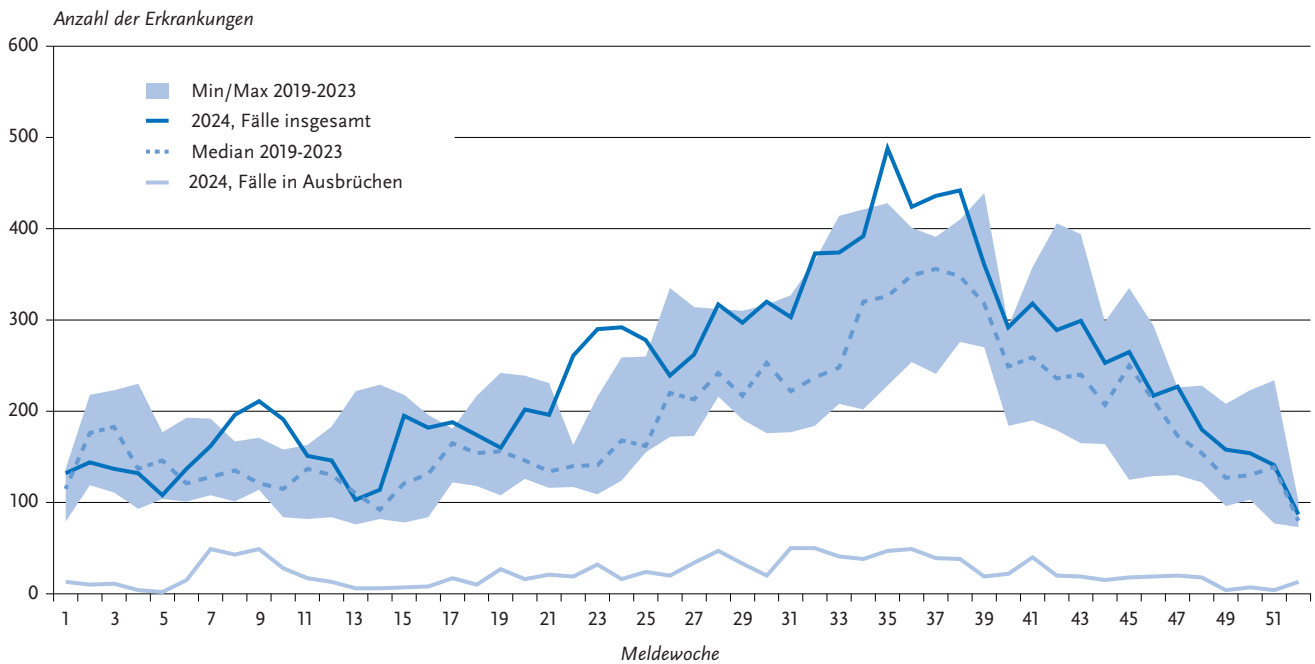
**Tab. 6.60.1:**  
Übermittelte Salmonellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	91	1 %	74	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	10.613	81 %	12.316	81 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	590	4 %	659	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.884	14 %	2.227	15 %
alle	13.178	100 %	15.276	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>10.704</b>	<b>81 %</b>	<b>12.390</b>	<b>81 %</b>

**Abb. 6.60.1:**  
Übermittelte Salmonellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.60.2:**  
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2024 (n = 12.390) im Vergleich mit den Vorjahren (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)

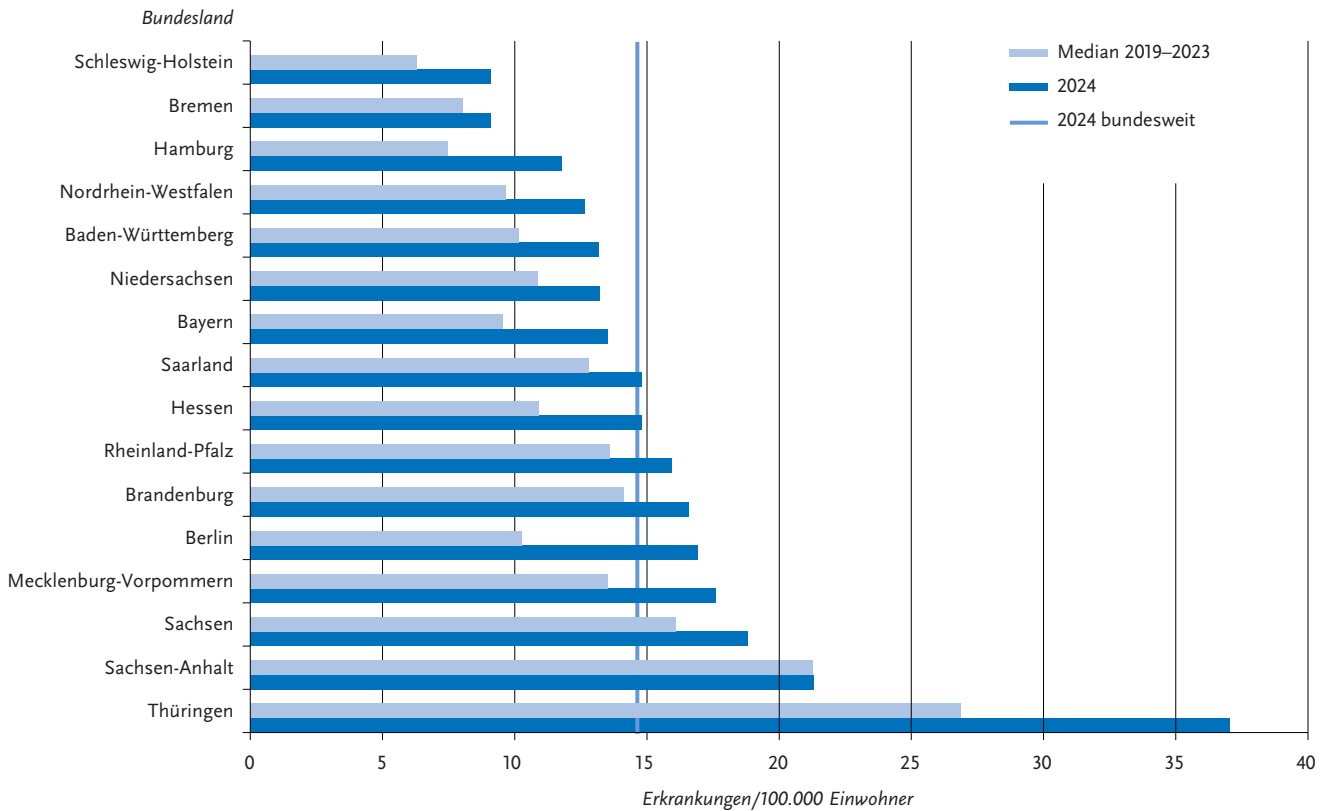


Wie in den Vorjahren war die Inzidenz in Thüringen (37 Erkr./100.000 Einw.) am höchsten.

Bei 8.096 Salmonellosen (65 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (8.273 Nennun-

gen, Mehrfachnennungen möglich); 5.599 der Nennungen entfielen auf Deutschland (68 %). Andere Länder wurden insgesamt deutlich seltener genannt, am häufigsten die Türkei (772 Nennungen), Ägypten (320) und Thailand (140).

**Abb. 6.60.3:**  
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 12.390) im Vergleich mit den Vorjahren

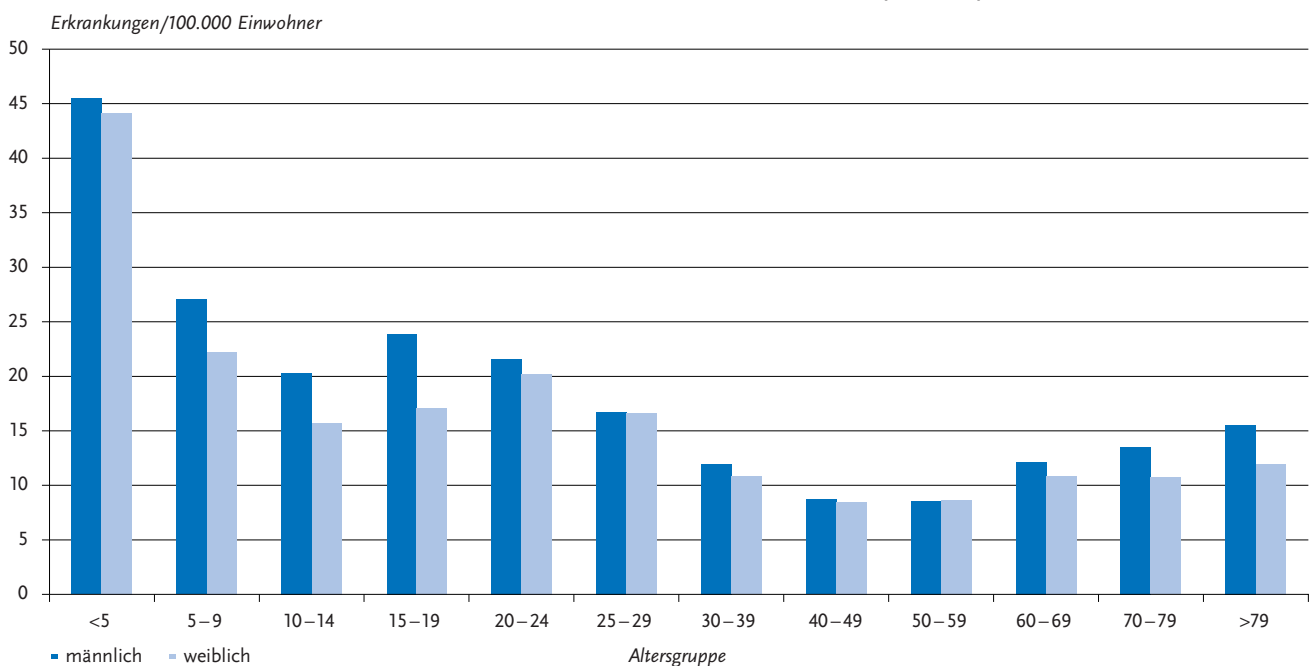


**Demografische Verteilung**

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. 6.60.4). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen (männlich 53 %; weiblich 47 %).

**Abb. 6.60.4:**  
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 12.373)



**Klinische Aspekte**

Für fast alle Erkrankungen (12.388) wurden ein oder mehrere Symptome angegeben (28.044 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Durchfall (96 % der Erkrankungen) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (66 %), Fieber (40 %) und Erbrechen (24 %). Es wurden 29 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermitteln (2023: 21). Betroffen waren 19 Männer und 10 Frauen im Alter zwischen 46 und 92 Jahren (Altersmedian insgesamt bei 75 Jahren). Bei 17 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 8-mal *S. Enteritidis* und jeweils dreimal *S. Typhimurium* beziehungsweise *S. Infantis* sowie jeweils einmal *S. Derby*, *S. Stanleyville* und *S. Umbilo*. Bei vier Todesfällen wurden nur die Serogruppen übermitteln (zweimal Gruppe C und zweimal Gruppe D). Bei acht Todesfällen wurden keine Angaben zum Serovar übermitteln.

**Tab. 6.60.2:**  
Übermittelte Salmonellosen nach Erreger, Deutschland, 2024  
(n = 8.174)

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>S. Enteritidis</i>	2.892	42,8 %
<i>S. Typhimurium</i>	1.823	27,0 %
<i>S. Infantis</i>	385	5,7 %
<i>S. Typhimurium</i> , monophasisch	126	1,9 %
<i>S. Coeln</i>	96	1,4 %
<i>S. Umbilo</i>	80	1,2 %
<i>S. Derby</i>	72	1,1 %
<i>S. Agona</i>	69	1,0 %
<i>S. Chester</i>	67	1,0 %
<i>S. Newport</i>	56	0,8 %
Andere	1.087	16,1 %
<b>Summe</b>	<b>6.753</b>	<b>100 %</b>

**Nachgewiesene Erreger**

Bei 8.174 Fällen (66 %; 2023: 71 %) wurde beim Serovar eine Angabe gemacht. Bei 1.421 Fällen (17 %) davon wurde die Typisierung allerdings nur bis zur Spezies, Subspezies oder Serogruppe des Erregers übermitteln. Eine konkrete Angabe des Serovars liegt also für 6.753 Fälle vor (55 % bezogen auf alle Meldetfälle im Jahr 2024) (Tab. 6.60.2). Die

am häufigsten genannten Serovare waren *S. Enteritidis* (2.892 Nennungen; 43 % der Fälle mit Serovar-Angaben) und *S. Typhimurium* (inklusive der monophasischen Variante 1.949 Nennungen; 29 %). Mit weitem Abstand folgten *S. Infantis* (385 Nennungen), *S. Coeln* (96) und *S. Umbilo* (80). Andere Serovare wurden seltener als je 80-mal genannt. Die am häufigsten genannten Serogruppen waren Gruppe B (493), Gruppe D (228) und Gruppe C (225).

**Ausbrüche**

Es wurden 171 (2023: 141) Ausbrüche mit insgesamt 1.232 Erkrankungen (10 % aller Salmonellosen) übermitteln (s. Tab. 6.60.3), davon 33 Ausbrüche mit fünf oder mehr Erkrankungen. Die beiden größten Ausbrüche umfassten jeweils über 100 übermittelte Erkrankungen und wurden durch *S. Infantis* und *S. Umbilo* ausgelöst.

**Datenqualität**

Der Anteil der übermittelten Salmonellosen, bei denen ein Serovar übermitteln wurde, lag bei 55 %. Im Jahr 2023 wurde die RKI-Falldefinition für Salmonellosen und andere gastrointestinale Infektionen erweitert, so dass auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. PCR, die Kriterien für den labor diagnostischen Nachweis erfüllt. Der Anteil von übermittelten Fällen, bei denen als labor diagnostische Methode ausschließlich ein PCR-Nachweis angegeben war, hat seitdem stark zugenommen hat (2023: 1,7 %; 2024: 12 %). 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 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

**Tab. 6.60.3:**  
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellosen, Deutschland, 2023 und 2024

	2023		2024	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	111	270	138	324
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	30	485	33	908
<b>Alle Ausbrüche</b>	<b>141</b>	<b>755</b>	<b>171</b>	<b>1.232</b>

es während der COVID-19-Pandemie erneut zu einem deutlichen Rückgang. Seit dem Jahr 2022 stieg die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zu den Vorjahren wieder leicht an; es wurde aber bisher nicht das Niveau der Jahre 2017 bis 2019 erreicht. *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* machten zusammen den Großteil der Erkrankungen mit Nennung eines Serovars aus. Da diese beiden Serovare zu den ebenfalls häufig übermittelten Serogruppen D bzw. B gehören, liegt ihr tatsächlicher Anteil an allen Fällen möglicherweise noch höher. Es treten immer wieder zum Teil große lebensmittelbedingte Ausbrüche auf, die auch in einem internationalen Zusammenhang stehen können.

**Literaturhinweise**

ECDC/EFSA: Multi-country outbreak of *Salmonella* Braenderup ST22, presumed to be linked to imported melons. 20 July 2021. 2021. Abrufbar unter: [https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/ROA\\_S\\_Braenderup-ST22\\_UI-719\\_2021.pdf](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 Salmonellose*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

Rosner BM, Simon S, Nielsen S, et al.: *Multinational investigation of a Salmonella Urbilo outbreak reveals rocket salad and baby spinach as the likely infection vehicles, Europe, 2024*. *Euro Surveill*. 2024; 29. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2024.29.46.2400728>

Uelz 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>

**6.61 Shigellose**



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **2.230**
- ▶ Anzahl der Erkrankungen 2-mal höher als im Vorjahr
- ▶ Männer häufiger betroffen als Frauen (56 % zu 44 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 20 und 39 Jahren
- ▶ 30% der Erkrankungen in Deutschland erworben; weitere relativ häufig genannte Infektionsländer sind Ägypten (20 %), Indien und Marokko (jeweils 4 %)

**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. 6.61.1). Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2023 erfüllt auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. mittels PCR, die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis. Als Nukleinsäurenachweis gilt der Nachweis des *ipaH*-Gens oder *Shigella*-spp.-spezifischer Gene.

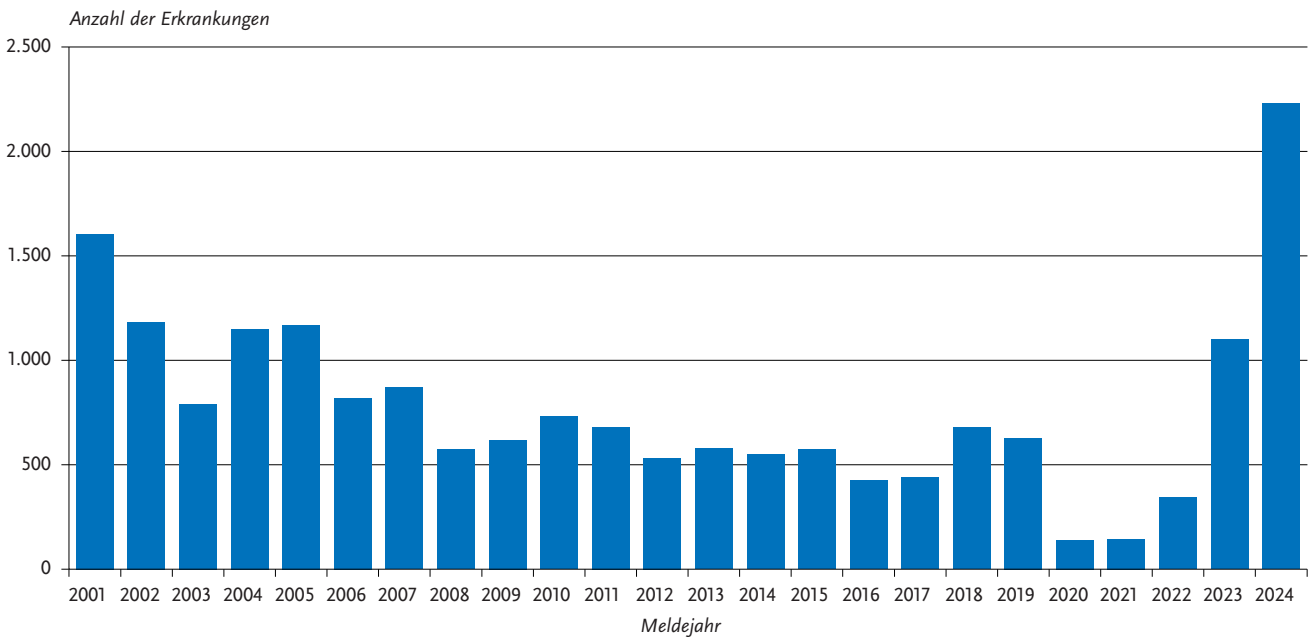
**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden insgesamt 2.230 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen

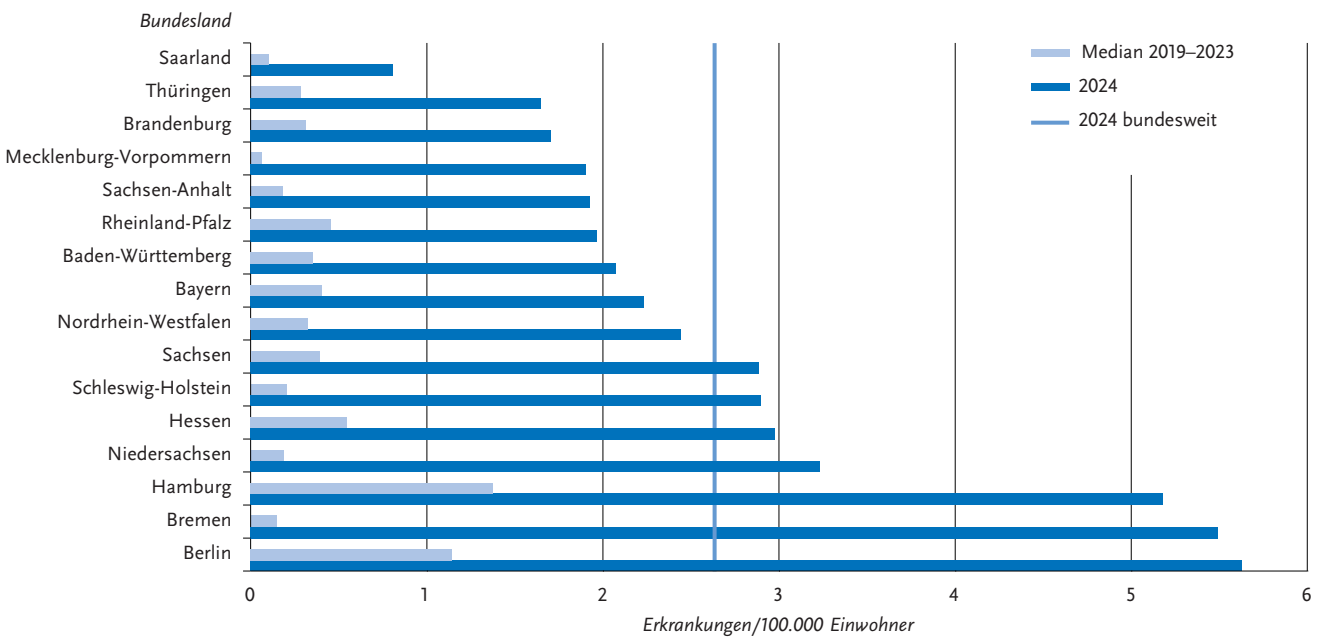
**Tab. 6.61.1:** Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	29	2 %	20	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.070	84 %	2.210	83 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	27	2 %	61	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	141	11 %	379	14 %
alle	1.267	100 %	2.670	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>1.099</b>	<b>87 %</b>	<b>2.230</b>	<b>84 %</b>

**Abb. 6.61.1:**  
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.61.2:**  
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 2.230) im Vergleich zu den Vorjahren



war damit doppelt so hoch wie 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. 6.61.1). Im Jahr 2024 stieg die Zahl der Shigellosen weiter an und erreichte den bisher höchsten Wert seit dem Jahr 2001.

**Geografische Verteilung**

Im Jahr 2024 betrug die Shigellose-Inzidenz 2,6 Erkrankungen pro 100.000 Einw. und war damit 6,5-mal höher als der Median der 5 Vorjahre (0,4).

In allen Bundesländern war die Inzidenz im Jahr 2024 deutlich höher als der jeweilige Median der 5 Vorjahre. Die höchsten Inzidenzen wurden im Jahr 2024 in Berlin (5,6 Erkr./100.000 Einw.), Bremen (5,5) und Hamburg (5,2) registriert (s. Abb. 6.61.2). Die stärkste relative Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre wurde in Bremen (37-fach erhöht), Mecklenburg-Vorpommern (31-fach

erhöht), Niedersachsen (17-fach erhöht), Schleswig-Holstein (14-fach erhöht) und Sachsen-Anhalt (11-fach erhöht) verzeichnet.

Bei 1.860 Erkrankungen (83 %) lagen insgesamt 1.914 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 578 Nennungen (30 %) wurde Deutschland am häufigsten als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, gefolgt von Ägypten (20 %), Indien und Marokko (jeweils 4 %) (s. Tab. 6.61.2).

**Tab. 6.61.2:**

**Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2024 (Mehrfachnennungen möglich; 1.860 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)**

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	578	30 %
Ägypten	391	20 %
Indien	78	4 %
Marokko	72	4 %
Spanien	41	2 %
Türkei	40	2 %
Tansania	37	2 %
Pakistan	37	2 %
Indonesien	35	2 %
Mexiko	34	2 %
Andere	571	30 %
<b>Summe</b>	<b>1.914</b>	<b>100 %</b>

### Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Shigellosen war zweigipfelig. Bei Kindern unter 5 Jahren lag die Inzidenz bei 2,4 Erkr./100.000 Einw. (n = 92). Bei Erwachsenen wurde die höchste Inzidenz in den Altersgruppen der 20- bis 39-Jährigen registriert (20 bis 24 Jahre: 3,5; n = 157; 25 bis 29 Jahre: 4,4; n = 223; 30 bis 39 Jahre: 4,3; n = 474). Insgesamt waren mehr männliche (56 %) als weibliche Personen (44 %) betroffen. In den Altersgruppen der 30- bis 69-Jährigen war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen. Dagegen waren in den Altersgruppen der 10- bis 29-Jährigen weibliche Personen häufiger betroffen als männliche (s. Abb. 6.61.3).

### Klinische Aspekte

Für alle 2.230 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (98 %) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (67 %), Fieber (31 %) und Erbrechen (18 %). Im Jahr 2024 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

### Nachgewiesene Erreger

Bei 618 Erkrankungen (28 %; 2023: 50 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (58 %), *S. flexneri* (23 %), *S. boydii* (4 %) und *S. dysenteriae* (2 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der

Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* (2023: 19 %) und *S. dysenteriae* (2023: 0,9 %) zugenommen, während der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* (2023: 70 %) abgenommen hat. Der Anteil der Infektionen mit *S. boydii* ist in etwa gleichgeblieben (2023: 3 %). Der Anteil der Infektionen, bei denen die *Shigella*-Spezies mit „andere/sonstige“ bezeichnet wurde, war im Jahr 2024 mit 13% höher als im Vorjahr (2023: 7 %).

### Ausbrüche

Es wurden 41 Ausbrüche mit insgesamt 91 Erkrankungen (4 % aller Shigellosen) übermittelt (2023: 18 Ausbrüche mit 82 Erkrankungen). Alle Ausbrüche umfassten jeweils weniger als 5 Erkrankungsfälle. Zwei Ausbrüche wurden mit jeweils 4 Erkrankungsfällen, 5 Ausbrüche mit jeweils 3 Erkrankungsfällen und die übrigen 34 Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankungsfällen übermittelt. Ein Ausbruch mit 4 Erkrankungsfällen ereignete sich in einem Privathaushalt. Eine fäkal-orale Übertragung wurde als wahrscheinlich angesehen. Der zweite Ausbruch mit 4 Erkrankungsfällen ereignete sich in einer Familie und war reiseassoziiert.

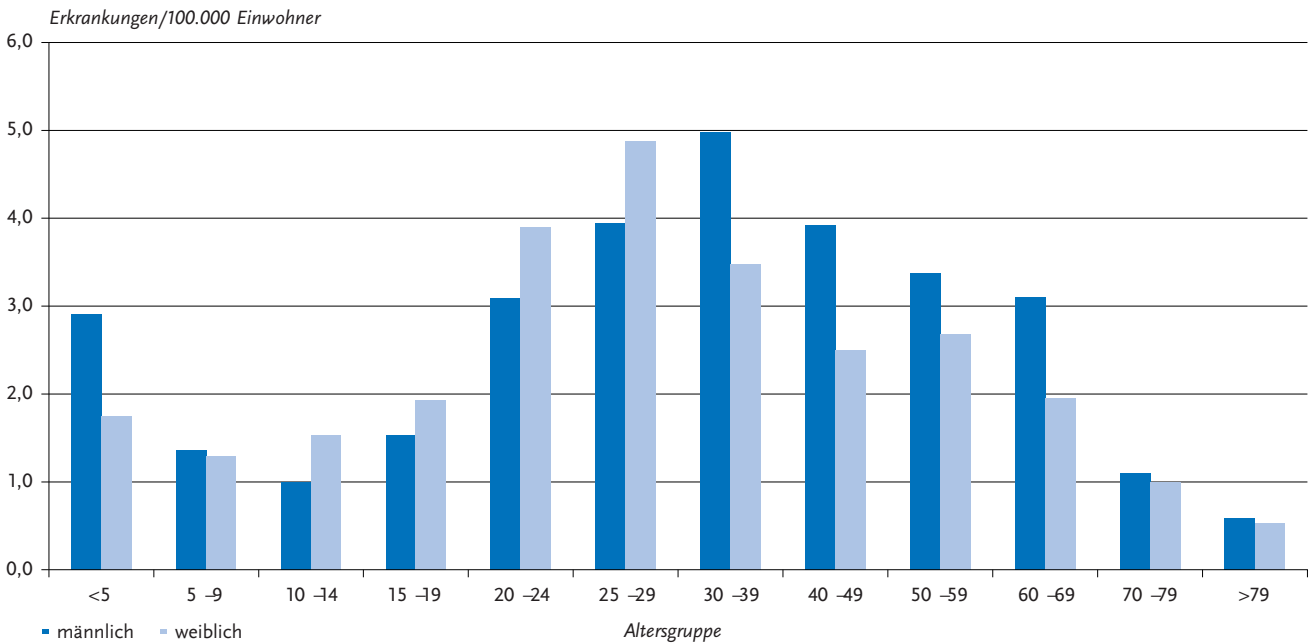
### Datenqualität

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 2024 etwa 53 % (2023: 42 %). Der Anteil von übermittelten Fällen mit kulturellem labordiagnostischem Nachweis hat seit etwa Mitte 2023 abgenommen, während zeitgleich der Anteil von Fällen, bei denen als labordiagnostische Methode ein PCR-Nachweis angegeben war, zugenommen hat.

### Fazit

Die Anzahl der Shigellose-Erkrankungen stieg im Jahr 2024 im Vergleich zum Vorjahr nochmals deutlich an und lag etwa um den Faktor 2 höher. Die Fallzahl im Jahr 2024 war damit die höchste seit dem Jahr 2001. Die starke Zunahme der Shigellose-Fälle in den Jahren 2023 und 2024 hängt mit hoher Wahrscheinlichkeit mit der Zunahme der Anwendung von sogenannten Multiplex-PCR-Panels in der Primärdiagnostik von gastrointestinalen Infektionen zusammen (Die starke Zunahme der Shigellose-Fälle in den Jahren 2023 und 2024 hängt mit hoher Wahrscheinlichkeit mit der Zunahme der Anwendung von sogenannten Multiplex-PCR-Panels in der Primärdiagnostik von gastrointestinalen Infektionen zusammen.)

**Abb. 6.61.3:**  
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 2.228)



## Literaturhinweise

ECDC: *Spread of multidrug-resistant Shigella in EU/EEA among gay, bisexual and other men who have sex with men*. 2023. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/spread-multidrug-resistant-shigella-eueea-among-gay-bisexual-and-other-men-who-have-sex>

Hommel F, Frank C, Faber M, et al.: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten – Importierte Infektionskrankheiten 2024*. *Epid Bull* 2025;48:3-22. DOI 10.25646/13568

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 Shigellose*. 2021. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

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

## 6.62 Syphilis

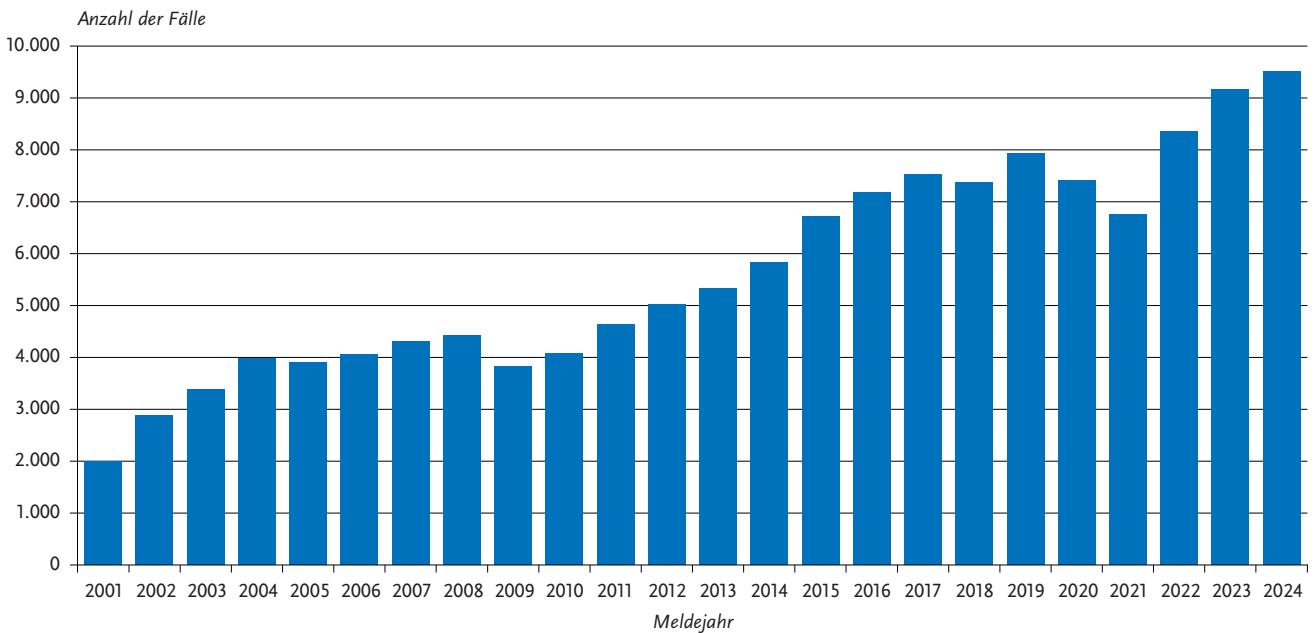


- ▶ Fälle 2024: **9.519**
- ▶ Weiterer Anstieg im Vergleich zum Vorjahr, höchste jemals gemeldete Fallzahl
- ▶ Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- ▶ Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben

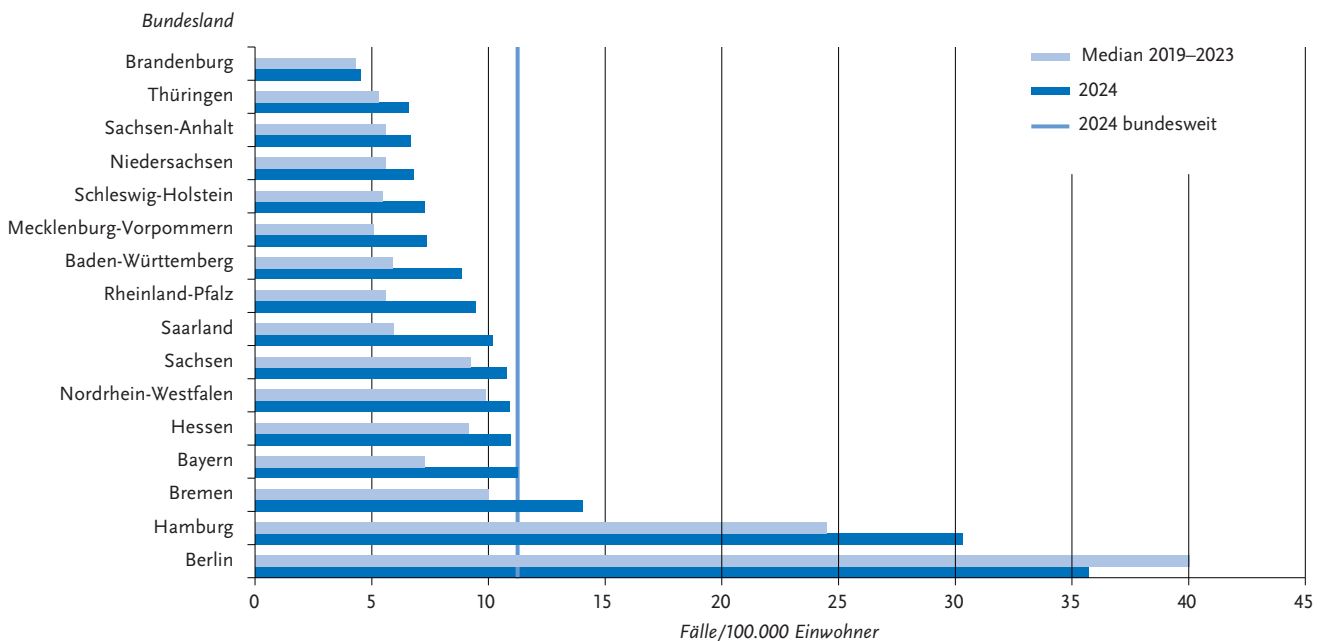
### Kurzbeschreibung

Die Syphilis ist eine bakterielle, durch die Spirochätenart *Treponema pallidum* verursachte Erkrankung, die nur beim Menschen vorkommt und sexuell, durch Blut und

**Abb. 6.62.1:**  
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.62.2:**  
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 9.456) im Vergleich mit den Vorjahren



des Algorithmus beruhen auf den S2k-Leitlinien zur Diagnostik und Therapie der Syphilis.

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden dem RKI 9.519 Syphilis-Fälle gemeldet, 360 (3,9 %) mehr als im Vorjahr. Damit wurde 2024 die höchste jemals gemeldete Fallzahl verzeichnet (s. Abb. 6.62.1).

**Geografische Verteilung**

Bundesweit betrug die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2024 11,2 Fälle pro 100.000 Einw. und lag damit über dem Medi-

an der 5 Vorjahre (9,5). Die Inzidenz stieg in 11 Bundesländern an. Der Anstieg im Vergleich zum Vorjahr war prozentual besonders ausgeprägt im Saarland (von 5,9 auf 10,2 Fälle/100.000 Einw.; + 64 %), in Rheinland-Pfalz (von 6,7 auf 9,5; + 46 %), Mecklenburg-Vorpommern (von 5,1 auf 7,4; + 44 %), Schleswig-Holstein (von 5,5 auf 7,3; + 36 %) sowie Baden-Württemberg (von 7,5 auf 8,9; + 23 %). Die Inzidenz ging in vier Bundesländern in unterschiedlichem prozentualem Ausmaß zurück, so in Brandenburg (von 6,2 auf 4,5 Fälle/100.000 Einw.; - 41 %), Berlin (von 39,3 auf 35,7; - 10 %), Niedersachsen (von 7,2 auf 6,8; - 7 %) und Hessen (von 7,2 auf 6,8; - 1 %).

Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (35,7) und Hamburg (30,3) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz zudem in Bremen (14,0); am niedrigsten im Sachsen-Anhalt (6,7), Thüringen (6,6) und Brandenburg (4,5) (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 Trier (45,2), Köln (44,1), Frankfurt/M. (39,1), München (36,7), Stuttgart (28,9), Mannheim (28,7), Leipzig (28,2) und Nürnberg (26,8) zu verzeichnen (s. Abb. 6.62.3).

Für 6.691 Fälle (70 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (6.159; 92 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (60 Nennungen), Thailand (35), Kolumbien (29), die Türkei (24), Brasilien und Rumänien (je 23) sowie Polen (21).

### Demografische Verteilung

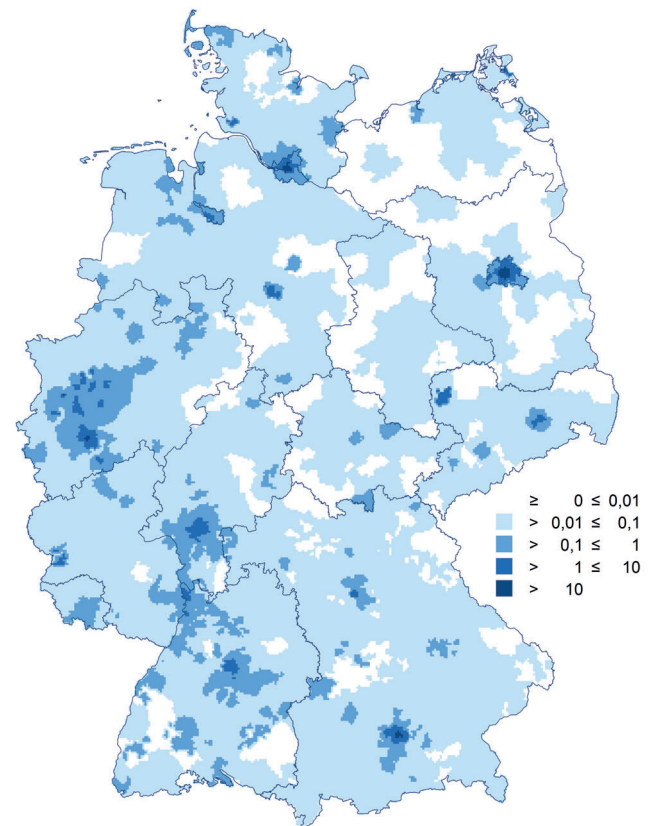
Für 99,4 % der Fälle aus dem Jahr 2024 lag eine Angabe zum Geschlecht vor. Bei diesen Fällen lag der der Frauen-Anteil bei 7,6 % und damit leicht über dem Niveau des Vorjahres (6,8 %). Die absolute Anzahl von Frauen unter den Syphilis-Fällen lag über der des Vorjahres und stieg um 17 % (2023: 617, 2024: 722). Die Anzahl der Fälle von Männern (8.706) stieg gegenüber dem Vorjahr (8.470) um 2,7 %. Für 35 Fälle aus dem Jahr 2024 wurde die Geschlechtsangabe divers gemeldet. Mit 20,8 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,7 Fälle/100.000 Einw.). Die höchste Inzidenz wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (42,8) auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (37,3) und der 40- bis 49-Jährigen (36,5) waren ebenfalls stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen die höchste Inzidenz auf (4,5), gefolgt von den 25- bis 29-Jährigen (4,2) sowie den 30- bis 39-Jährigen (3,8) (s. Abb. 6.62.4).

### Klinische Aspekte

Für 97 % der Fälle aus dem Jahr 2024 lag eine Information zum Erkrankungsstadium bei Diagnosestellung vor. In 26 % dieser Fälle wurde die Syphilis-Diagnose im Primärstadium gestellt, in 18 % im Sekundärstadium und in 1,6 % 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 28 % wurden ebenfalls keine Symptome berichtet, aufgrund fehlender Angaben zum wahrscheinlichen Infektionszeitpunkt konnte hier aber nicht die Dauer der Latenz berechnet werden.

Bei einem Viertel der Fälle des Jahres 2024 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (24 %). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM (Männer, die Sex mit Männern haben) mit 36 % deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (6,5 %).

Abb. 6.62.3:  
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Postleitbereich (geglättet), Deutschland, 2024 (n = 9.456)



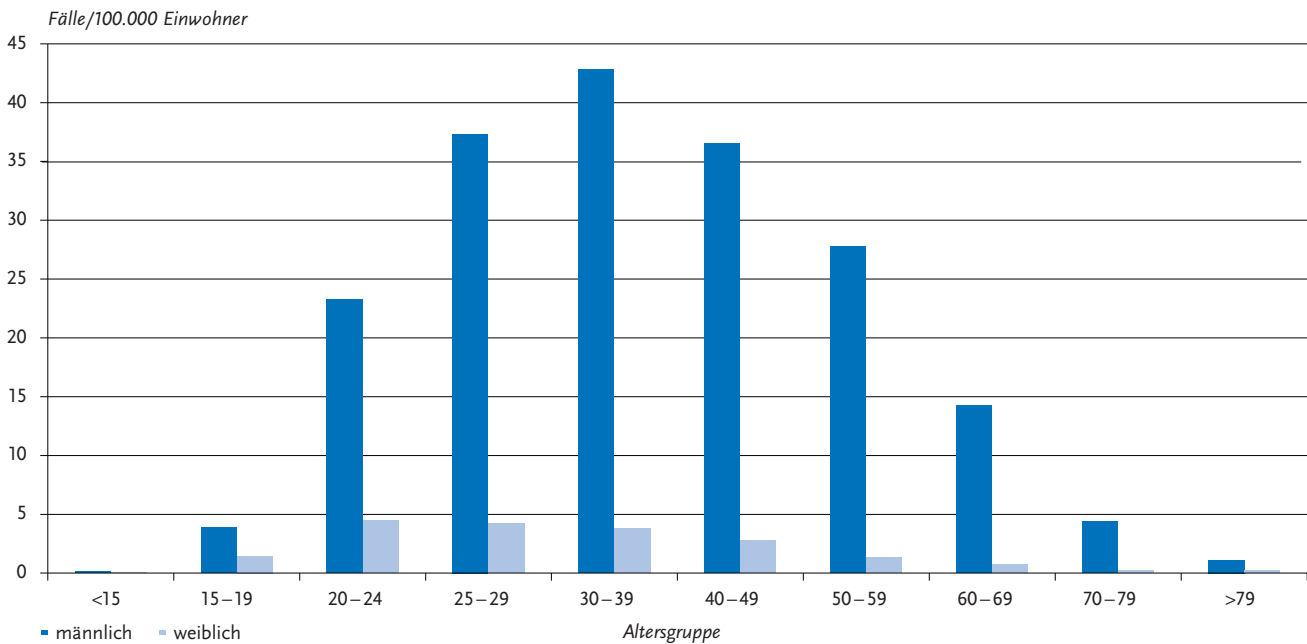
### Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 75 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Infektionen, die wahrscheinlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) erworben wurden, 82 % aus und lag damit auf dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 18 %.

Bei MSM bewegte sich die Anzahl der Fälle gegenüber 2023 deutschlandweit auf dem gleichen Niveau (2023: 5.834; 2024: 5.822). Ein Anstieg von Fällen von MSM fand in neun Bundesländern statt. Der stärkste prozentuale Anstieg war dabei im Saarland (+ 50 %) zu verzeichnen, gefolgt von Mecklenburg-Vorpommern (+ 42 %) und Rheinland-Pfalz (+ 40 %). In sechs Bundesländern nahm die Anzahl der Fälle unter MSM hingegen ab, am stärksten in Brandenburg (- 26 %) und Niedersachsen (- 13 %).

Die Anzahl von Fällen, bei denen Kontakte zu Sexarbeiterinnen und Sexarbeitern als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden, verblieb auf dem Vorjahresniveau (2023=139; 2024=136). Die Anzahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden, stieg demgegenüber auf insgesamt niedrigem Niveau an (2023 = 87; 2024: 131; + 51 %). Die Zahl der bei Neugeborenen bzw. Kindern diagnostizierten Fälle von konnataler Syphilis lag in den Jahren 2001 bis 2023 zwischen ein und 8 Fällen pro Jahr. Im Jahr 2024 wurden 8 Fälle gemeldet.

**Abb. 6.62.4:**  
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 9.383)



### Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, stieg von 11.464 im Jahr 2023 auf 11.994 im Jahr 2024. 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-19-Pandemie stieg deren Anzahl im Jahr 2024 auf einen neuen Höchststand. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf. Hauptbetroffen sind nach wie vor MSM, deutschlandweit allerdings ohne weitere Zunahme von Fällen bei MSM, mit etwas unterschiedlicher Dynamik in den Bundesländern.

Der weitere, gegenüber den Vorjahren deutlich verlangsamte Anstieg von Fällen im Jahr 2024 war insbesondere auf einen leichten Anstieg bei heterosexuell übertragenen Infektionen zurückzuführen.

Für die nach wie vor hohe Fallzahl bei MSM können sowohl ein entsprechendes Transmissionsgeschehen als auch weiter verbesserte diagnostische Angebote wie z. B. zusätzliche allgemeine Testangebote oder auch das regel-

mäßige Screening für Nutzende der HIV-Präexpositionsprophylaxe mögliche Gründe 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. Insbesondere die intensivierten Screening-Maßnahmen können ein relevanter Faktor für die sich stabilisierenden Fallzahlen bei MSM sein.

Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschaftsvorsorgeuntersuchungen in Deutschland ist, auch im internationalen Vergleich, von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle mit 8 gemeldeten Fällen im Jahr 2024. Aufgrund der häufig schweren klinischen Auswirkungen konnataler Syphilis für Neugeborene und Kinder sollten diese Fälle aber weiter Anlass sein, mögliche Lücken in der Schwangerschaftsvorsorge zu identifizieren und Zugangsbarrieren zur Testung weiter zu verringern. 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 2024 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 Potenzial 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 sollte MSM in Abhängigkeit von der Anzahl der Sexualpartner ein regelmäßiges Screening auf Syphilis alle 3 bis 12 Monate angeboten werden. Bei der Einnahme einer HIV-Präexpositionsprophylaxe sind regelmäßige STI-Tests inklusive Syphilis vorgesehen.

### Literaturhinweise

ECDC: *A systematic review and meta-analysis of the prevalence of chlamydia, gonorrhoea, trichomoniasis and syphilis in Europe*. Stockholm; 2024. Abrufbar unter: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/systematic-review-chlamydia-gonorrhoea-trichomoniasis-and-syphilis-prevalence>

ECDC: *Syphilis - Annual Epidemiological Report for 2022*. Stockholm; 2024. Abrufbar unter: <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*. Stockholm, 2019. Abrufbar unter: <http://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-and-congenital-syphilis-europe-review-epidemiological-trends-2007-2018>

Deutsche STI-Gesellschaft: S2k-Leitlinie: *Diagnostik und Therapie der Syphilis*. AWMF-Leitlinie 059/002. 2021. Abrufbar unter: <https://www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html>

RKI: *RKI-Ratgeber Syphilis*. 2020. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.63 Tollwut



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 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 – 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 Unterschätzung darstellt. In etwa zwei Drittel aller Tollwutfälle weltweit werden in Asien gemeldet, ca. ein Drittel in Afrika. Die Hälfte der Fälle betrifft Kinder im Alter von < 15 Jahren.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurde dem RKI kein Tollwutfall übermittelt.

In Deutschland wurden seit dem Jahr 2005 insgesamt fünf Tollwuterkrankungen übermittelt. 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*. 2025. Abrufbar unter: <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 2025; 14. <https://doi.org/10.25646/13090.2>

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; 1012. Abrufbar unter: <https://iris.who.int/handle/10665/272364>

WHO: *Rabies vaccines: WHO position paper – April 2018*. Weekly epidemiological record 2018; 16 (93). Abrufbar unter: <https://www.who.int/publications/i/item/who-wer9316>

## 6.64 Toxoplasmose, konnatale Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 10
- ▶ Es ist von einer hohen Unter- und Fehlerfassung der konnatalen Toxoplasmose auszugehen.

### 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 2024 wurden dem RKI 10 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.64.1). Die Meldungen kamen aus 5 Bundesländern, davon jeweils 3 Fälle aus Bayern und Nordrhein-Westfalen, 2 Fälle aus Sachsen und jeweils ein Fall aus Rheinland-Pfalz und Hessen.

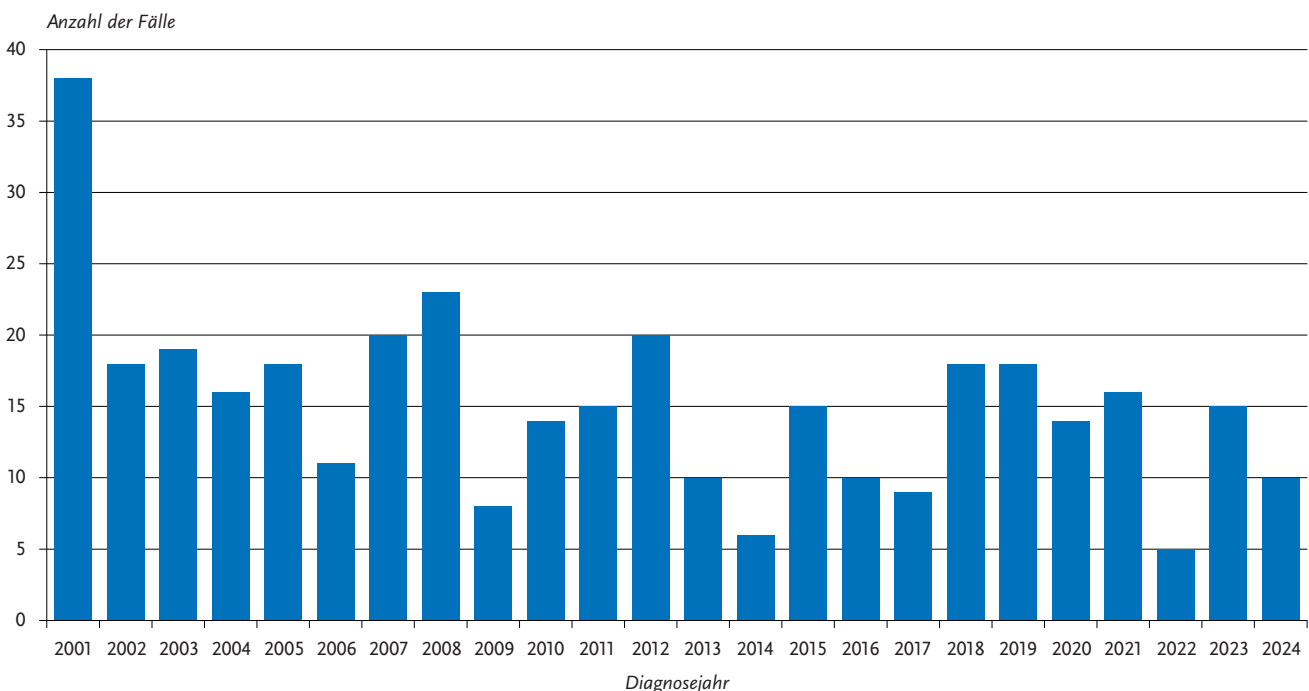
### Datenqualität

Die Anzahl der gemeldeten Diagnosen ist von der Durchführung einer erregerspezifischen Diagnostik abhängig. Es ist daher von einer sehr hohen Untererfassung der konnatalen Toxoplasmose durch das Meldesystem auszugehen. Darüber hinaus ist bei der Bewertung der gemeldeten Angaben zu berücksichtigen, dass mögliche später auftretende Symptome bei bekannten Fällen über die Meldungen gemäß § 7 Abs. 3 IfSG nicht erfasst werden können, da diese nichtnamentlich an das RKI erfolgen und somit Ergänzungen nicht nachgemeldet werden können.

### 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.

Abb. 6.64.1: Gemeldete Fälle konnataler Toxoplasmose nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**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 Toxoplasmose*. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

**6.65 Trichinellose**

 Fälle nach Referenzdefinition 2024: 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 2024 wurden 3 Fälle von Trichinellose übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.65.1). Es handelte sich um 2 Männer und eine Frau zwischen 25 und 49 Jahren. Bei allen 3 Fällen wurde eine Exposition im Ausland übermittelt.

**Fazit**

Die Trichinellose ist eine hierzulande sehr seltene Krankheit. In der Regel tritt sie sporadisch nach Exposition im Ausland auf.

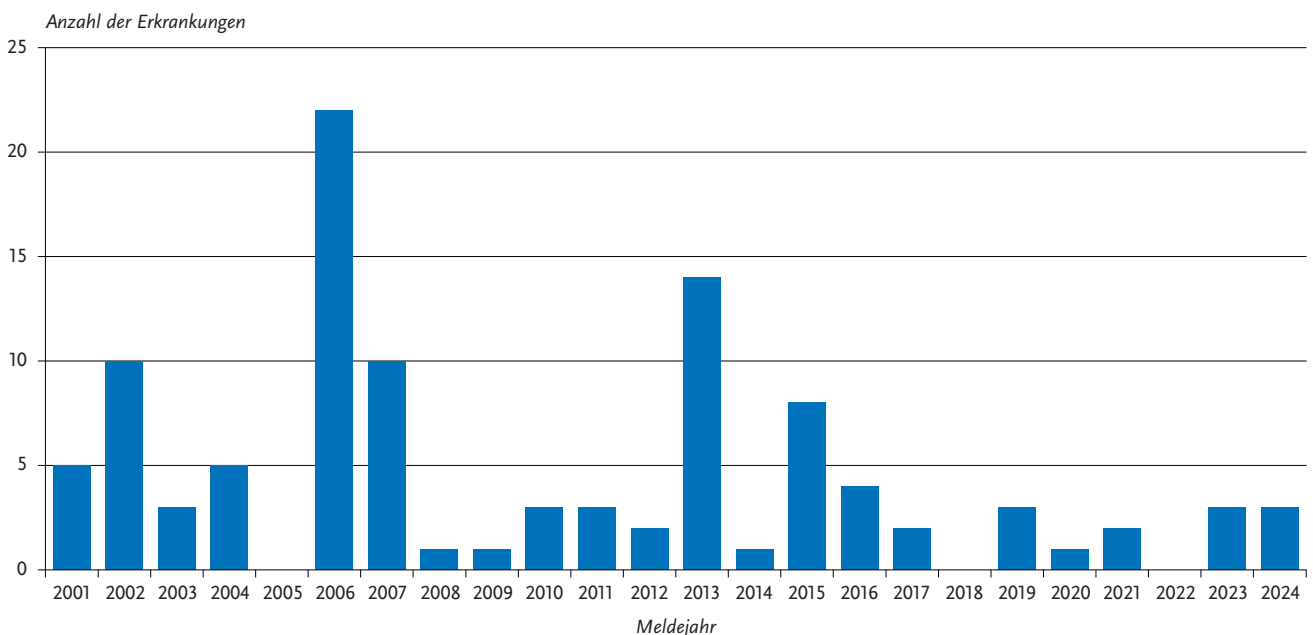
**Literaturhinweise**

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 Trichinellose*. 2018. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

**Abb. 6.65.1:** Übermittelte Trichinellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



## 6.66 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **4.391**
- ▶ Leichter Rückgang der Fallzahlen (-2,3 %) im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei jungen Erwachsenen – insbesondere Männern – im Alter zwischen 25 und 29 Jahren
- ▶ Tuberkulose im Kindesalter (228 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (242 Fälle) gesunken
- ▶ Lungentuberkulosen machen rund drei Viertel (76 %) der Erkrankungen aus, davon etwa 85 % als offene (infektiöse) Form.
- ▶ Die Zahl der Tuberkulosen mit einer Rifampicin-Resistenz (RR/MDR-TB) ist im Vergleich zum Vorjahr von 204 auf 157 Fälle gesunken.
- ▶ Anteil erfolgreicher Behandlungen im Jahr 2023 liegt bei 78 % und ist gegenüber 2022 (79 %) leicht gesunken. Das WHO-Ziel von 90 % Behandlungserfolg wird nicht erreicht.

### Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex werden *Mycobacterium (M.) tuberculosis*, *M. africanum*,

*M. bovis*, *microti*, *M. canetti* u. a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund ist zur Unterbrechung von Infektionsketten eine frühzeitige Diagnose der Tuberkulose, im Idealfall bevor sich eine offene Lungentuberkulose (infektiöse Form) entwickelt, sowie die rasch eingeleitete und konsequent über mindestens 6 Monate durchgeführte Kombinationstherapie von besonderer Bedeutung.

Initial geht die Erkrankung häufig mit unspezifischen Symptomen wie Appetitverlust (Gewichtsabnahme), subfebrilen Temperaturen, Nachtschweiß und Husten einher. In Abhängigkeit von den betroffenen Organen ist eine vielfältige Symptomatik möglich. Tuberkulose ist in der Regel medikamentös heilbar, unbehandelt ist die Krankheit jedoch durch einen langen, schweren Verlauf gekennzeichnet.

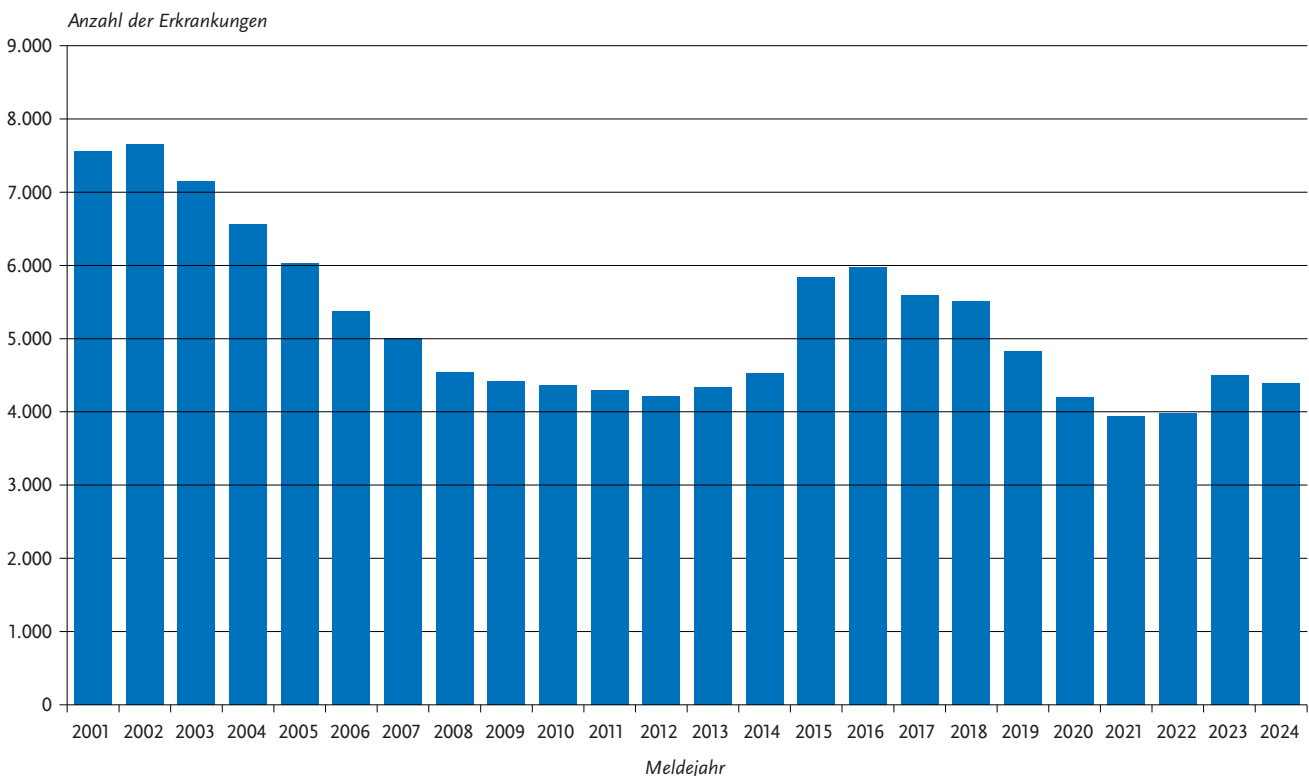
### Faldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, welche die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.66.1).

### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2024 wurden dem RKI 4.391 Fälle übermittelt. Dies entspricht einer Inzidenz von 5,2 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (2023: 4.494 Fälle; 5,3 Erkr./100.000 Einw.; 2022: 3.985 Fälle; 4,7 Erkr./100.000 Einw.). Seit dem Anstieg der Tuberkulosefallzahlen in den Jahren 2015 und 2016 auf rund 6.000 Fälle (Abb. 6.66.1), sank die Anzahl der erkrankten Personen bis zum Jahr 2021 auf unter 4.000 und einer Inzidenz von 4,7 Erkr./100.000 Einwohnerinnen und Ein-

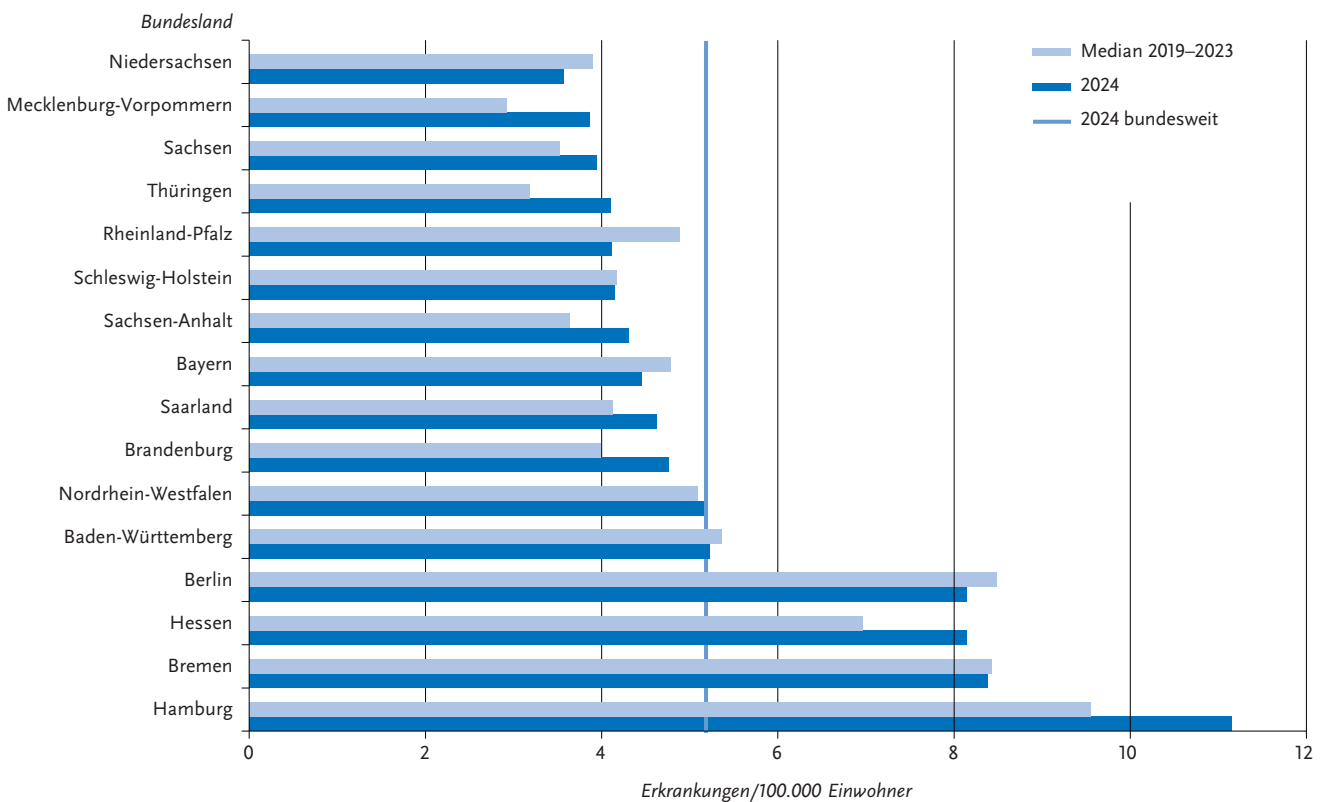
Abb. 6.66.1: Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2024



**Tab. 6.66.1:**  
Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	837	18 %	812	18 %
klinisch-epidemiologisch (B)	59	1 %	72	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.598	79 %	3.507	78 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	38	1 %	55	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	22	0 %	72	2 %
alle	4.554	100 %	4.518	100 %
<b>Referenzdefinition (A+B+C)</b>	<b>4.494</b>	<b>99 %</b>	<b>4.391</b>	<b>97 %</b>

**Abb. 6.66.2:**  
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n=4.391) im Vergleich mit den Vorjahren



wohner. Der Anstieg, der 2022 und 2023 erstmals seit 2016 wieder zu beobachten war, setzte sich im Jahr 2024 nicht fort. Zwar war im Jahr 2024 ein leichter Rückgang um 2,3 % gegenüber dem Vorjahr zu beobachten, die Gesamtzahl der Tuberkulosefälle blieb jedoch über dem Niveau von 2022 (s. Abb. 6.66.1).

### Geografische Verteilung

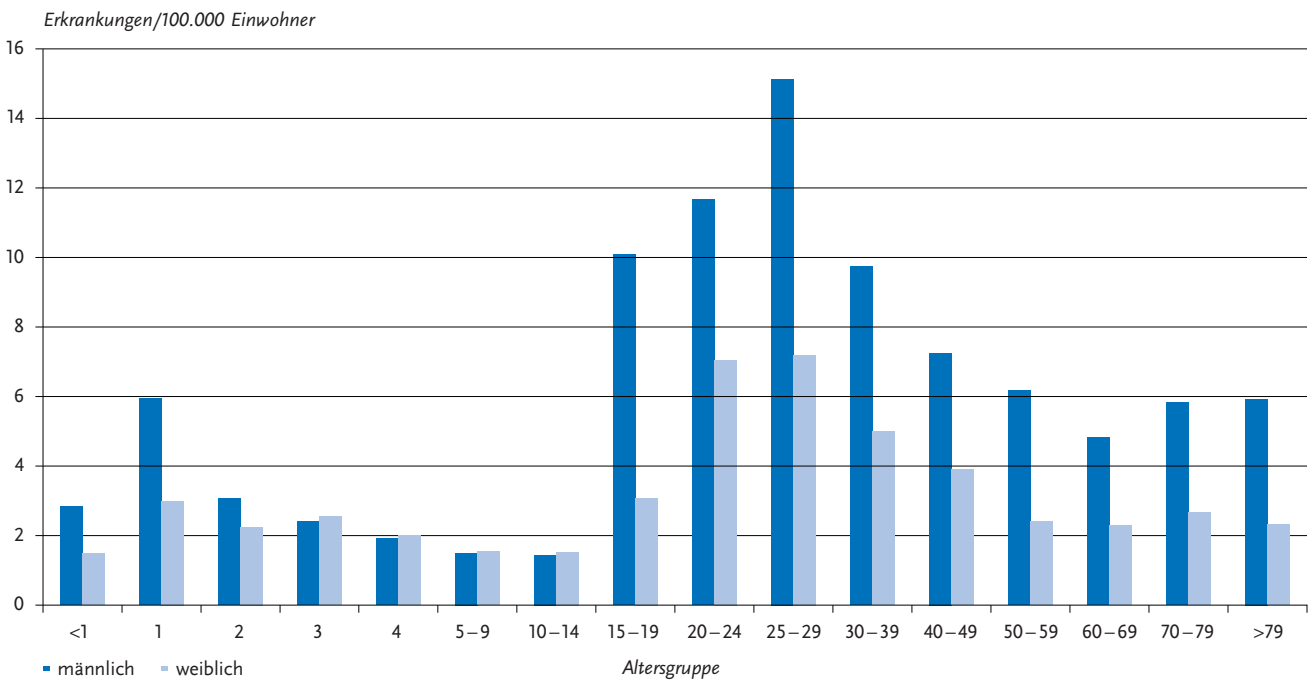
Die Inzidenz lag im Jahr 2024 in 7 von 16 Bundesländern, insbesondere in den bevölkerungsschwächeren, unter dem Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.66.2). Eine deutliche Zunahme der Inzidenz im Vergleich zum Median der Vorjahre wurde in Mecklenburg-Vorpommern (3,9), Thüringen (4,1), Sachsen-Anhalt (4,3), Brandenburg (4,8), Hessen (8,1) sowie in Hamburg (11,2) als bevölkerungsdichtem

Stadtstaat beobachtet. Insgesamt weisen die östlichen Bundesländer – mit Ausnahme Berlins – bundesweit die niedrigsten Inzidenzen auf, während die Stadtstaaten Bremen (8,4), Berlin (8,1) und Hamburg sowie das dicht besiedelte Hessen die höchsten Inzidenzen verzeichneten.

### Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkuloseerkrankungen bei Kindern unter 15 Jahren ist mit 228 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (242) gesunken. Insgesamt erkrankten mehr Jungen (125) als Mädchen (103). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 1,9 Erkr./100.000 Kinder und sank damit im Vergleich zum Vorjahr (2,0) leicht. Wie in den vergangenen Jahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren höher als bei älteren Kindern (2,8; 107 Erkrankungen).

**Abb. 6.66.3:**  
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n=4.386)



Bei Erwachsenen wurde die höchste Inzidenz in der Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen beobachtet (11,4 Erkr./100.000 Einw. [Männer: 15,1; Frauen: 7,2]). Während die Inzidenz in den folgenden Altersgruppen bis 69 Jahre kontinuierlich abnahm, zeigte sich ab der Altersgruppe der über 69-Jährigen wieder ein langsamer Anstieg.

Insgesamt betrug die Inzidenz bei Männern 7,0 Erkr./100.000 Einw. und war damit mehr als doppelt so hoch wie bei Frauen (3,4). Ab dem 15. Lebensjahr erkrankten Männer in allen Altersgruppen deutlich häufiger an einer Tuberkulose als Frauen (s. Abb. 6.66.3).

### Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 76 % (3.323 von 4.355 Erkrankungen mit entsprechenden Angaben) trat die Tuberkulose überwiegend als Lungentuberkulose auf. Ausschließlich extrapulmonal manifestierten sich 24 % der Erkrankungen (1.032), womit der Anteil im Vergleich zum Vorjahr geringfügig anstieg.

Unter den extrapulmonalen Tuberkulosen waren die Lymphknoten mit insgesamt 12 % der Erkrankungen (524) am häufigsten betroffen. Davon entfielen 8,6 % (373 Erkrankungen) auf extrathorakale und mit 3,5 % (151 Erkrankungen) auf intrathorakale Lymphknoten.

Unter den Lungentuberkulosen lag der Anteil der offenen, d.h. bakteriologisch bestätigten Form bei 85 % (2.820 von 3.323 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 57 % der Fälle (1.597 Erkrankungen) um die mikroskopisch positive Form, die infektiöser ist als eine ausschließlich kulturell bestätigte Lungentuberkulose. Der Anteil der

geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 15 % (503 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde bei 100 von 4.375 Erkrankungen mit entsprechenden Angaben übermittelt. Dies entspricht einer Letalität von 2,3 %, wobei diese in der Altersgruppe der über 79-Jährigen mit 28 Todesfällen am höchsten war. Bei Kindern wurde kein Todesfall registriert.

### Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger wurden für 3.905 (89 %) der 4.391 Fälle übermittelt. Für 486 Fälle (12 %) lagen keine näheren Angaben vor.

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des (11,2) *M. tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 2.291 (59 %) der 3.905 Erkrankungen mit Erregerangabe vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 57 % (2.213 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. bovis* wurde bei 42 Erkrankten (1,1 %) angegeben; *M. africanum* wurde 34-mal (0,9 %) und *M. canetti* zweimal genannt.

Für 1.599 (41 %) der 3.905 Erkrankungen mit Erregerangabe wurde lediglich die Angabe »*Mycobacterium tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt. Dies ist ein deutlicher Anstieg im Vergleich zum Vorjahr (34 %).

Im Jahr 2024 wurden 157 Fälle von Rifampicin-resistenter (RR-TB) oder multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) übermittelt (zum Vergleich: 2023 waren es 204 RR/MDR-TB Fälle).

## Häufungen

Für das Jahr 2024 wurden 85 Häufungen mit insgesamt 230 Erkrankungen übermittelt. Jeweils eine Häufung umfasst 8 bzw. 7 Fälle, drei Häufungen jeweils 5 Fälle. Bei den anderen 80 Häufungen mit insgesamt 200 Erkrankungen handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 4 assoziierten Erkrankungen.

## Behandlungsergebnis für 2023

Die folgenden Angaben gelten für das Jahr 2023. Entsprechende Daten für 2024 liegen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Für nur 3.842 der 4.494 im Jahr 2023 gemäß Referenzdefinition übermittelten Erkrankungen (85 %) wurden Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt. Der Anteil von übermittelten Behandlungsergebnissen sank damit erneut, um mehr als 2 % im Vergleich zum Vorjahr. Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung – wurde für 3.002 Erkrankte (67 %) übermittelt und ist damit im Vergleich zu 2022 (2.769 erfolgreich behandelte Fälle; 69 %) leicht gesunken. Die Zielsetzung der WHO, die einen 90%-igen Behandlungserfolg vorsieht, wurde weiterhin deutlich verfehlt.

In 120 Fällen (2,7 %) dauert die Behandlung noch an, so dass für diese noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 272 Erkrankte (6,1 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da die Patientinnen und Patienten während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 127 Erkrankungen (2,8 %) wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Ein Versagen der Behandlung wurde für zwei der im Jahr 2023 registrierten Fälle übermittelt. Insgesamt 317 Erkrankte (7,1 %) verstarben, davon insgesamt 135 Erkrankte (3,0 %) ursächlich an Tuberkulose sowie 182 (4,0 %) an anderen Ursachen.

## 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 erfüllten, haben sich mit 2,8 % (127 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (1,3 %; 60 Fälle) verdoppelt. Eine mögliche Ursache für den erhöhten Anteil an Fällen, die in den vergangenen Jahren die Referenzdefinition nicht erfüllten, könnte darin liegen, dass vermehrt bereits in Therapie befindliche Personen 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 die nachlassende Datenqualität, die bereits in den Vorjahren zu beobachten war, gilt es diesem Trend durch einen adäquat ausgestatteten Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) entgegenzuwirken. Denn eine hohe Datenqualität stellt die Basis für eine aussagekräftige Surveillance dar.

## Fazit

Die Entwicklung der Tuberkulosefallzahlen 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 höheren Tuberkulosefallzahlen als in den Vorjahren. Hintergrund ist, dass mehr als eine Million Menschen aus der Ukraine Schutz in Deutschland suchten. Menschen aus der Ukraine haben 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.

Vor dem Hintergrund der EndTB-Strategie 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 Maß-

nahmen 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.

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.

Komplexe Erkrankungen wie die multi-, präextensiv und extensiv resistente Tuberkulose benötigen ein kompetentes, bedarfsgerechtes Fallmanagement durch gut ausgebildete und erfahrene Ärztinnen und Ärzte in spezialisierten Behandlungszentren oder in enger Kooperation mit diesen. 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 Tuberkulosekontrolle – gerade auch in Bezug auf die internationale Migration – eine wichtige Public-Health Aufgabe in Deutschland.

## 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*. Abrufbar unter: [www.dzk-tuberkulose.de](http://www.dzk-tuberkulose.de)

ECDC: *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2022–2020 data*. 2022. Abrufbar unter:

<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 Tuberkulose*. 2024. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

WHO: *Global tuberculosis report 2022*. 2022. Abrufbar unter: <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>

## 6.67 Tularämie



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 200
- ▶ Langfristig ansteigender Trend der Fallzahlen
- ▶ Überwiegende Zahl der Fälle wurde aus dem Süden und Osten Deutschlands übermittelt.
- ▶ Inzidenzgipfel im höheren 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.

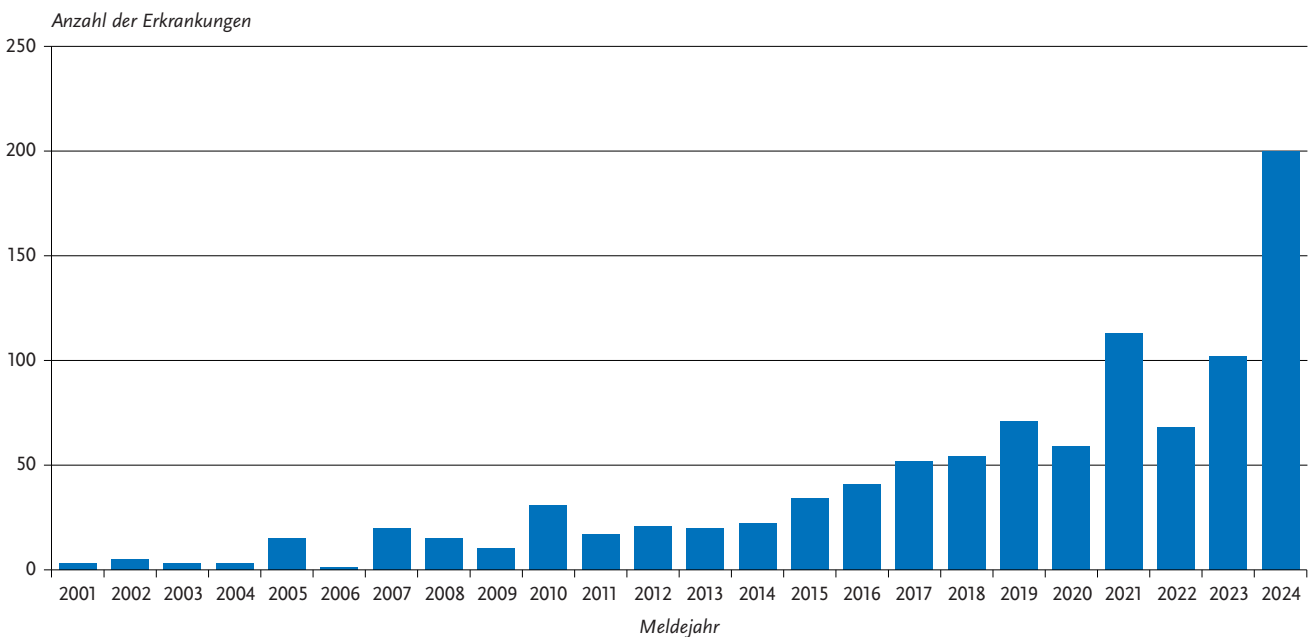
### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.67.1).

**Tab. 6.67.1:**  
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	102	96 %	200	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3	3 %	7	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	1 %	7	3 %
alle	106	100 %	214	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>102</b>	<b>96 %</b>	<b>200</b>	<b>93 %</b>

**Abb. 6.67.1:**  
Übermittelte Tularämie-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 200 Erkrankungen an Tularämie übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme der Fallzahlen um 96 % im Vergleich zum Vorjahr und ist mit Abstand die höchste Fallzahl, die seit 2001 registriert wurde (s. Abb. 6.67.1). Die Inzidenz lag im Jahr 2024 bei 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner. Wie bereits in den Vorjahren traten die meisten Infektionen in der zweiten Jahreshälfte auf.

### Geografische Verteilung

Die Erkrankten kamen aus allen Bundesländern außer Bremen und Schleswig-Holstein (s. Abb. 6.67.2). Die bundeslandspezifischen Inzidenzen lagen in Bayern, dem Saarland, Baden-Württemberg und Sachsen-Anhalt mit mehr als 0,4 Erkr./100.000 Einw. deutlich über der bundesweiten Inzidenz. Für 158 von 175 (90 %) Nennungen zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben.

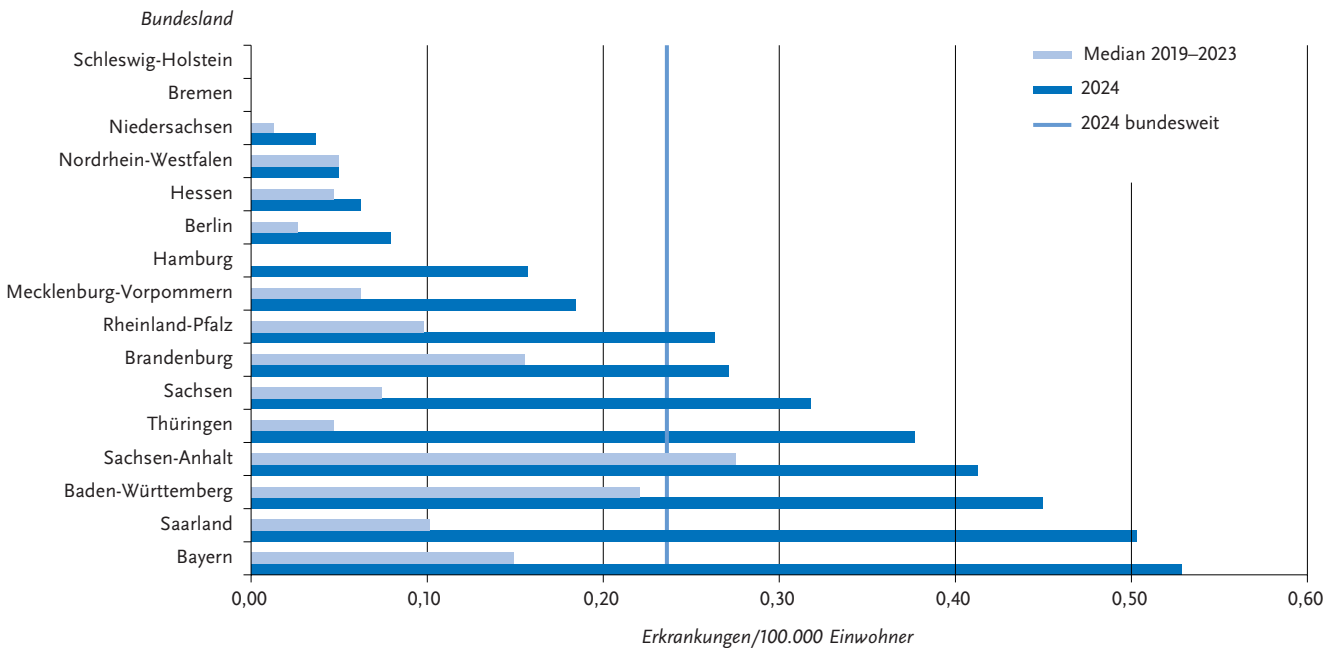
### Demografische Verteilung

Im Jahr 2024 waren insgesamt 138 Erkrankte (69 %) männlich. Die Inzidenz ist bei Altersgruppen unter 20 Jahren sehr niedrig (<0,1 Erkr. pro 100.000 Einw.) und zeigt kaum Unterschiede zwischen den Geschlechtern. Ab dem jungen Erwachsenenalter nimmt die Inzidenz allmählich zu, besonders bei Männern. Ab 50 Jahren steigt sie deutlich an, wobei Männer (0,6) mehr als doppelt so hohe Werte wie Frauen (0,2) aufweisen (s. Abb. 6.67.3). Bei Kindern waren Erkrankungen vergleichsweise selten (<0,1 Erkr./100.000 Einwohner).

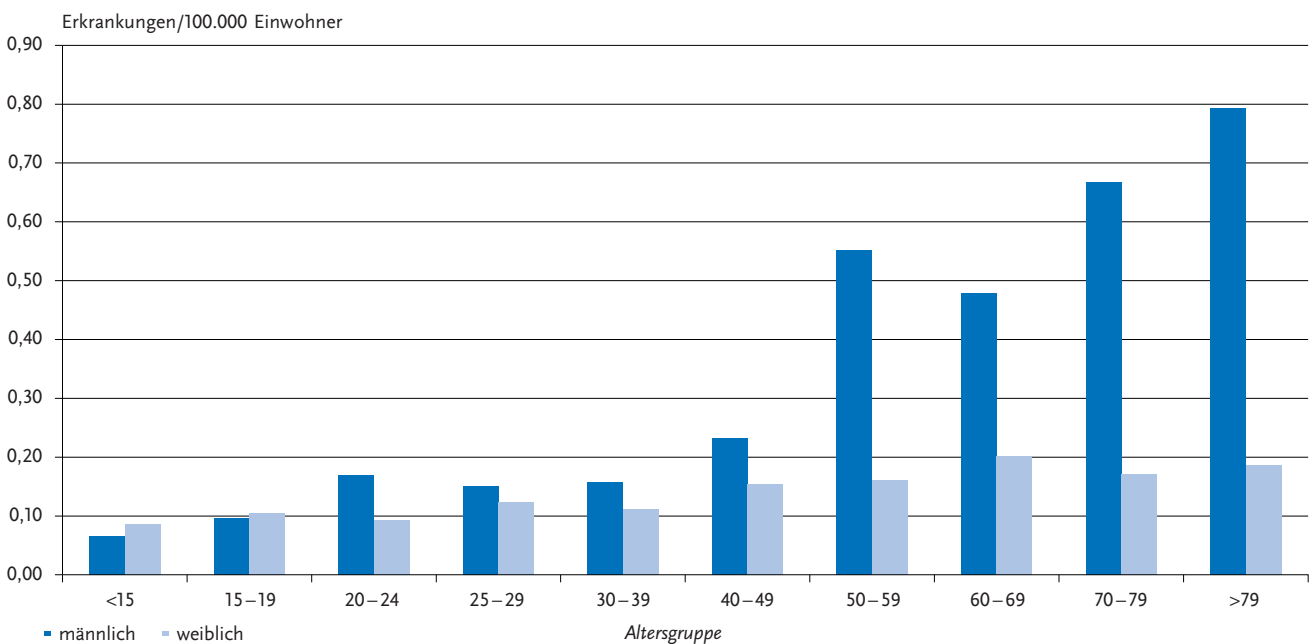
### Klinische Aspekte

Es wurden 2 Todesfälle als Folge einer Tularämie übermittelt. Betroffen waren 2 Frauen in der Altersgruppe der >79-jährigen.

**Abb. 6.67.2:** Übermittelte Tularämie-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 200) im Vergleich mit dem Median der Vorjahre (2019 – 2023)



**Abb. 6.67.3:** Übermittelte Tularämie-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 200)



**Ausbrüche**

Im Jahr 2024 wurden 4 Erkrankungen in 2 Ausbrüchen mit jeweils 2 Fällen 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, 2023 und besonders 2024 ist nicht bekannt.

**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>

Nothdurfter S, Linde J, Sting R, Tomaso H, Heuner K, Meincke M, et al. *Epidemiology of Tularemia among Humans and Animals, Baden-Wuerttemberg, Germany, 2012-2022*. Emerg Infect Dis. 2025;31(4). <https://doi.org/10.3201/eid3104.240414>

RKI: *Tularämie – eine differentialdiagnostische Herausforderung*. Epid Bull 2015; 46. <https://doi.org/10.17886/EpiBull-2015-017>

RKI: *RKI-Ratgeber Tularämie*. 2016. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

**6.68 Typhus abdominalis**

 Fälle nach Referenzdefinition 2024: 74

- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Ungeimpften
- ▶ Altersspanne der übermittelten Erkrankungen: 0 bis 61 Jahre

**Kurzbeschreibung**

Typhus abdominalis wird durch das Serovar Typhi der Bakterienart *Salmonella enterica* verursacht. Es handelt sich um eine systemische Erkrankung, die mit hohem Fieber, Kopfschmerzen und Benommenheit einhergehen kann. Einziges bekanntes Erregerreservoir ist der Mensch. Die Übertragung erfolgt vorwiegend durch verunreinigte Lebensmittel oder verunreinigtes Wasser; dagegen ist die direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der betroffenen

Personen 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. 6.68.1).

**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2024 wurden 74 Erkrankungen übermittelt, 5 weniger als im Vorjahr (s. Abb. 6.68.1). Die meisten übermittelten Erkrankungen wurden im September (17) übermittelt.

**Geografische Verteilung**

Die Gesamtinzidenz lag unter 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnerinnen und Einwohner. Erkrankungen wurden aus den 12 Bundesländern Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen (je 14), Hessen (12), Berlin, Bayern (je 10), Brandenburg, Rheinland-Pfalz (je 3), Hamburg, Sachsen, Niedersachsen (je 2), Thüringen und Sachsen-Anhalt (je 1) übermittelt.

Für 72 Erkrankungen lagen 73 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Für 2 Erkrankungen wurde Deutschland als einziges Infektionsland genannt. Die häufigsten genannten wahrscheinlichen Infektionsländer außerhalb Deutschlands waren Indien (35), Pakistan (15) und Bangladesch (5).

**Demografische Verteilung**

Von den Erkrankungen betrafen 41 weibliche und 33 männliche Personen im Alter zwischen 0 und 61 Jahren (Median 27 Jahre). Die höchste Inzidenz betraf Jungen in der Altersgruppe 5-9 Jahre und Mädchen in der Altersgruppe 10-14 Jahre.

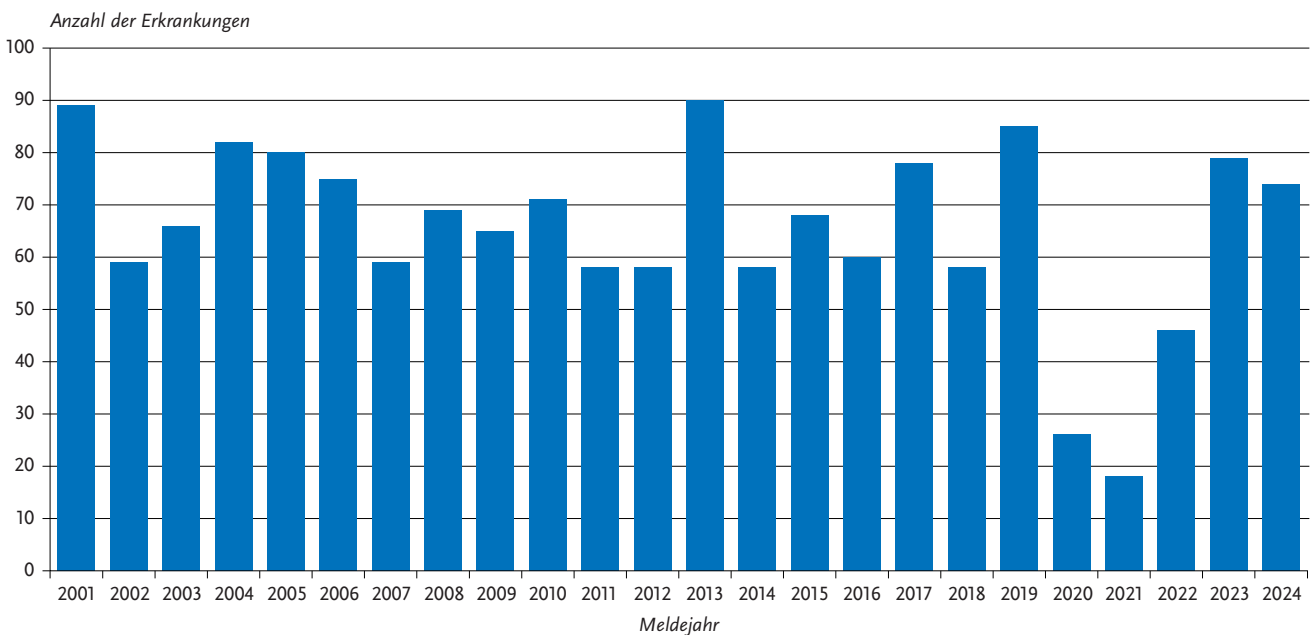
**Klinische Aspekte**

Unter Erkrankten war das am häufigsten genannte Symptom Fieber (100 %), gefolgt von Durchfall (78 %), Bauchschmerzen (64 %), Kopfschmerzen (21 %), Husten (14 %) Obstipation (5,4 %). Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

**Tab. 6.68.1:** Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	79	94 %	73	92 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4	5 %	3	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	1 %	2	3 %
alle	84	100 %	79	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>79</b>	<b>94 %</b>	<b>74</b>	<b>94 %</b>

**Abb. 6.68.1:**  
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Impfstatus**

Für 56 (76 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen waren 3 Personen gegen Typhus geimpft und 53 (95 %) ungeimpft.

**Ausbrüche**

Es wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Fällen nach Auslandsaufenthalten übermittelt.

**Fazit**

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Ungeimpften.

**Literaturhinweise**

Enkelmann J, Simon S, Trost E, Stark K, Frank C: *Epidemiological characteristics and trends of notified enteric fevers in Germany, 2001 to 2023*. Eurosurveillance 2025, 30(14) <https://doi.org/10.2807/1560-7917.Es.2025.30.14.2400314>

Hommes F, Frank C, Faber M, et al: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten- Importierte Infektionskrankheiten 2024*. Epid Bull 2025; 48: <http://doi.org/10.25646/13568>

Kling K, Külper-Schiek W, Rothe C, Boecken G, Bogdan C, Feldt T, et al. *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (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>

RKI: *Infektionen mit extensiv antibiotikaresistenten (XDR) Salmonella Typhi bei Reiserückkehrern aus Pakistan*. Epid Bull 2019; 30. <https://doi.org/10.25646/6812>

RKI: *RKI-Ratgeber Typhus abdominalis, Paratyphus*. 2023. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

**6.69 Virale Hämorrhagische Fieber**



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 0
- ▶ Keine Fälle von Lassa-, Ebola- oder Marburgfieber
- ▶ Kein Fall von Gelbfieber - Fälle im Zusammenhang mit einer Gelbfieberimpfung erfüllen seit Mitte 2023 nicht mehr die Faldefinition

**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 Aufhalten 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 2024 wurden dem RKI keine Lassafieber-Erkrankungen übermittelt.

Zuletzt wurden in Deutschland 2 Lassafieber-Erkrankungen im Jahr 2016 übermittelt: ein Patient, der zur medizinischen Behandlung aus Togo eingeflogen wurde und wenige Stunden nach Ankunft verstarb sowie ein in Deutschland infizierter Sekundärfall, der die Erkrankung überlebte.

### Ebola- und Marburgfieber

#### Kurzbeschreibung

Ebola- und Marburgviren bilden zusammen die Familie der Filoviren. Ebolaviren kommen in einigen zentral- und westafrikanischen Ländern vor, Marburgviren in Zentral- und vereinzelt auch in Westafrika. Sie können beim Menschen zu schweren, fieberhaften Krankheitsverläufen mit Blutungen führen. Bei den bisher untersuchten Ausbrüchen lag die Sterblichkeit zwischen 30 und 90 %. Ausbrüche entstehen in der Regel durch eine oder einige wenige Infektionen beim Menschen durch Kontakt zu infizierten Menschenaffen oder Fledermäusen. Die weitere Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt dann in der Regel durch Kontakt mit erregerehaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten und führt zu größeren Ausbrüchen (= kein endemisches Auftreten). Mittlerweile stehen spezifische Therapeutika und Impfstoffe (gegen Ebolavirus) zur Verfügung, die bei den letzten Ausbrüchen (z. B. Demokratische Republik Kongo 2018 - 2020, Guinea 2021), verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Zaire, erfolgreich eingesetzt wurden. Im Osten der Demokratischen Republik Kongo gab es 2022 eine einzelne genotypisch noch zu einem früheren Ausbruch gehörende Erkrankung, im Westen des Landes einen kleinen Ausbruch von 5 Fällen (beide verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Zaire). In Uganda gab es 2022 einen Ausbruch verursacht durch die Ebolavirus-Spezies Sudan.

#### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 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. Symptome einer Impfreaktion im zeitlichen Kontext einer Gelbfieberimpfung mit Nachweis des Virus erfüllen seit Mitte 2023 nicht mehr die Referenzdefinition.

#### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurde dem RKI keine Erkrankung an Gelbfieber übermittelt.

Zum ersten Mal seit 2001 waren dem RKI 2018 Gelbfieberfälle übermittelt worden: 2 reiseassoziierte Infektionen nach Brasilienaufenthalt und eine Impfreaktion.

### 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 2024 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 2024 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

Neben den hier explizit erwähnten Infektionen wurden 2024 auch keine anderen Erkrankungen durch virale hämorrhagische Fieber-Erreger an das RKI übermittelt. 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>
- Ehlikes 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/10.25646/12884.2>

- Frank C, Wilking H, Lachmann R. Re: 'Marburg virus disease outbreak in Rwanda 2024' by Grobusch et al. Clin Microbiol Infect. 2025;31(5). <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2025.01.032>
- 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 Gelbfieber*. 2022. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- RKI: *RKI-Ratgeber Lassafieber*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://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>

## 6.70 West-Nil-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 49 (davon 35 autochthon)
- ▶ Gebiet mit autochthonen Fällen nach Nordwesten ausgeweitet
- ▶ Menschliche autochthone Fälle begrenzt auf Gebiete mit bekannter West-Nil-Virus-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 substanzialen 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, 2022 12 Infektionen und 2023 6 Infektionen autochthon in Deutschland erworben – vermutlich durch Mückenstiche. WNV ist sehr eng mit dem Usu-

tivirus verwandt. In der Labordiagnostik kommt es zu relevanten Kreuzreaktionen zwischen WNV, Usutu- und teilweise auch anderen Flaviviren.

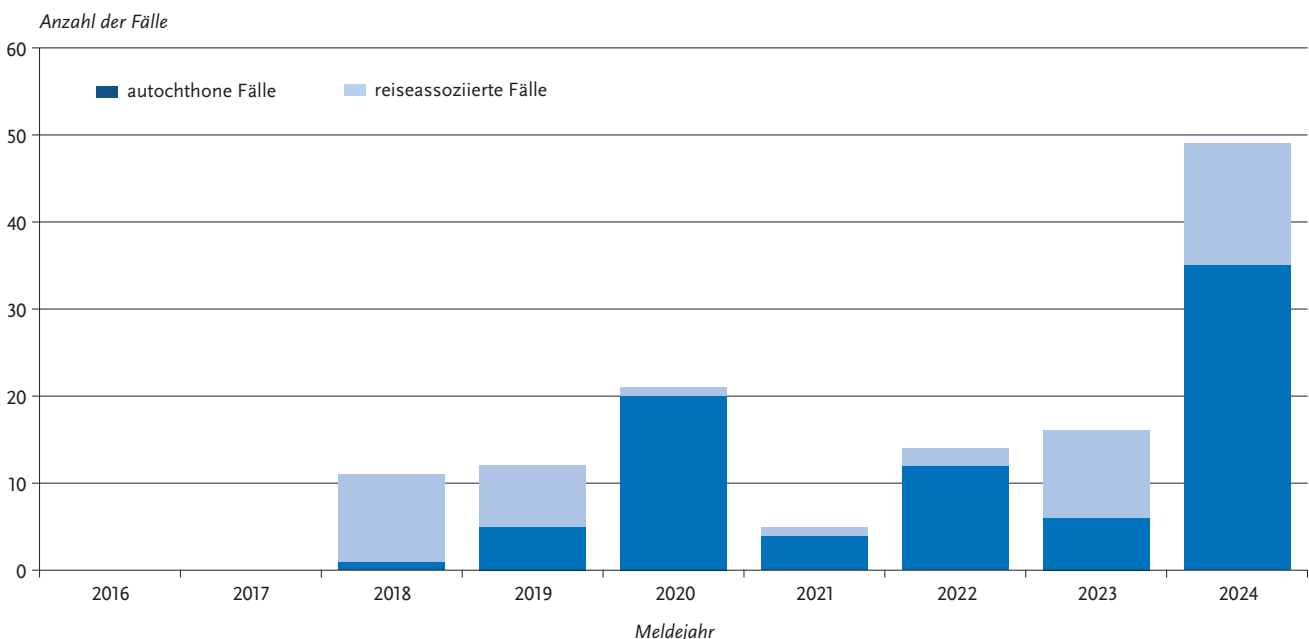
### Situation in Deutschland

Im Jahr 2024 wurden 49 WNV-Infektionen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Erkrankten waren zwischen 20 und 86 Jahre alt (Median: 61 Jahre), 25 waren weiblich und 24 männlich. Bei 15 Fällen (31 %) wurden Anzeichen einer neuroinvasiven Erkrankung übermittelt (2023: 19 %). Todesfälle wurden nicht übermittelt.

Die Infektionen von 14 Personen waren reiseassoziiert, nach Aufenthalten in Griechenland (4 Nennungen), Bosnien-Herzegowina und Italien (je 2 Nennungen) sowie vereinzelt aus anderen Ländern. Die anderen 35 Personen hatten sich in Deutschland infiziert: je 8 Nennungen in Brandenburg und Sachsen, 6 in Sachsen-Anhalt, 5 in Berlin, je 3 in Niedersachsen und Schleswig-Holstein, ein Fall in Thüringen und bei einem Fall kamen zeitlich Aufenthalte in Düsseldorf oder Hamburg als Infektionsorte in Frage. Bei 14 autochthonen Fällen mit WNV-typischen Symptomen lagen Daten zum Erkrankungsbeginn vor; alle erkrankten zwischen Juli und September; die 5 autochthonen Fälle mit neuroinvasivem Krankheitsbild erkrankten im August und September. Unter den übrigen Fällen wurden 10 als asymptomatisch übermittelt, bei weiteren 11 war das Krankheitsbild unbekannt oder erfüllte nicht die Kriterien eines akuten West-Nil-Fiebers.

Für die 35 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

**Abb. 6.70.1:** Übermittelte West-Nil-Fieber-Fälle nach Meldejahr und Status autochthon bzw. reiseassoziiert, Deutschland, 2018 bis 2024



mittels 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 2024 und den Vorjahren hatten eine Exposition in Gebieten mit WNV-Nachweisen bei Vögeln oder Pferden (vgl. WNV-Seite des Friedrich-Loeffler-Institutes, abrufbar unter: <https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/west-nil-virus/>). Im Jahr 2024 hat sich das Endemiegebiet, welches lange im südlichen Ostdeutschland konzentriert lag, nach Nordwesten ausgeweitet. In diesem Gebiet wurden 2024 insgesamt 7 autochthone menschliche Fälle (20 %) verzeichnet.

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. Der deutliche Anstieg der Fallzahlen von 2023 auf 2024 betraf auch reisassoziierte Fälle (von 10 auf 14), aber vor allem autochthone Fälle (von 6 auf 35), wozu auch die Ausweitung des Endemiegebietes in Deutschland beigetragen hat.

Ärztinnen und Ärzte sollten 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

- Brüssow H, Figuerola J.: *The Spread of the Mosquito-Transmitted West Nile Virus in North America and Europe*. Microb Biotechnol. 2025;18(3). <https://doi.org/10.1111/1751-7915.70120>
- 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>
- 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>
- Nat. Expertenkommission für Stechmücken am FLI: *Das West Nil-Virus in Deutschland*. 2022. Abrufbar unter: [https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar\\_derivate\\_00045763/WNV-in-Deutschland\\_Basisinfo\\_2022-04-26.pdf](https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00045763/WNV-in-Deutschland_Basisinfo_2022-04-26.pdf)
- Offergeld R, Schmidt-Chanasit J, Frank C: *West Nil-Virus in Deutschland – Relevanz für die Transfusionssicherheit*. Hämotherapie 2022; 38. Abrufbar unter: <https://www.drk-haemotherapie.de/beitraege/west-nil-virus-in-deutschland-relevanz-fur-die-transfusionssicherheit>
- 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, Santos PD, Groschup MH, Hattendorf C, Eiden M, Hoper D, et al.: *West Nile Virus Epidemic in Germany Triggered by Epizootic Emergence, 2019*. Viruses. 2020;12(4). <https://doi.org/10.3390/v12040448>

## 6.71 Windpocken



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **19.733**
- ▶ Anstieg der Erkrankungszahlen im Vergleich zum Vorjahr (11 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 10 Jahren
- ▶ Wirksame Schutzimpfung verfügbar
- ▶ Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- ▶ Weiterer Anstieg der Ausbrüche: insgesamt 1.312 Ausbrüche mit 5.317 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,

**Tab. 6.71.1:**  
Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	11.560	65 %	12.481	63 %
klinisch-epidemiologisch (B)	4.697	26 %	5.240	27 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.587	9 %	2.012	10 %
alle	17.844	100 %	19.733	100 %
<b>Referenzdefinition (A+B+C)</b>	<b>17.844</b>	<b>100 %</b>	<b>19.733</b>	<b>100 %</b>

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. 6.71.1).

**Zeitlicher Verlauf**

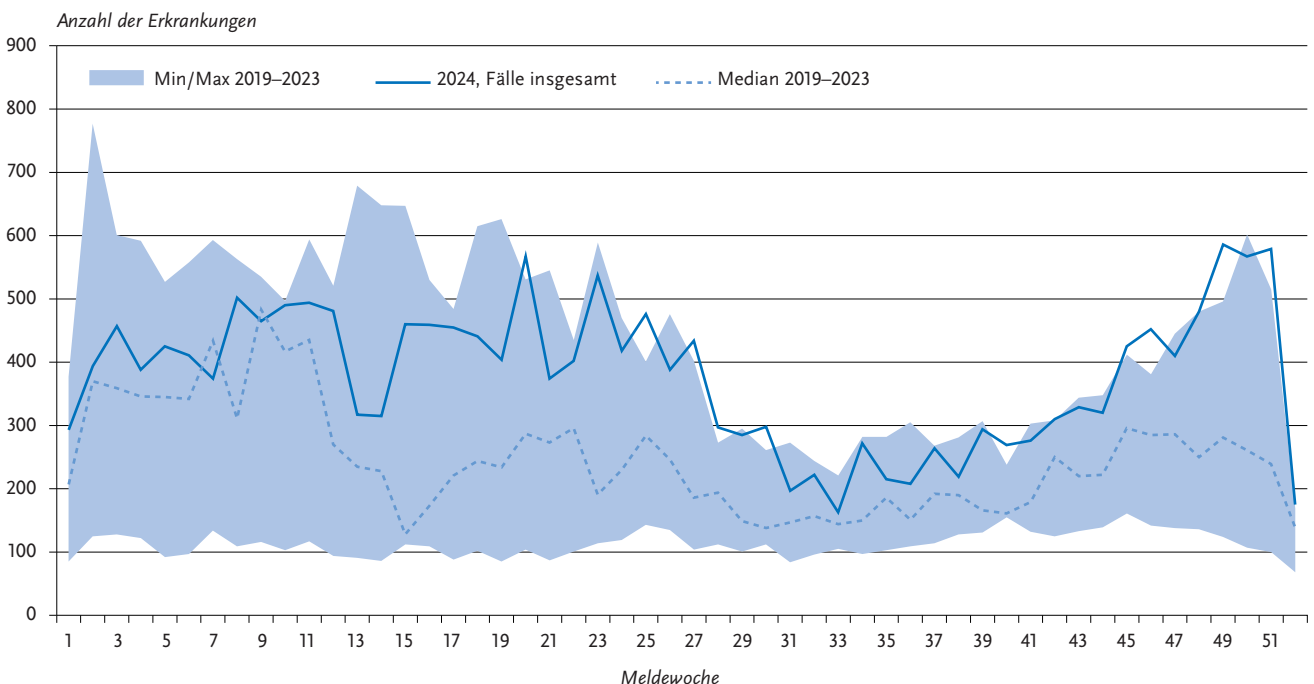
Für das Jahr 2024 wurden insgesamt 19.733 Windpocken-Erkrankungen übermittelt. Das sind 11 % mehr Erkrankungen als im Vorjahr (2023: 17.844), sodass weiterhin ein Anstieg der Fallzahlen zu erkennen ist, die noch nicht das

präpandemische Niveau der Jahre 2014 bis 2019 mit jeweils mehr als 20.000 Erkrankungen erreicht haben. Die übermittelten Fälle lagen im Jahr 2024 abgesehen von Woche 7 und 9 über dem Fünfjahresmedian (2019 bis 2023). Die Zahl der wöchentlich übermittelten Fälle war seit Januar 2024 anhaltend hoch im dreistelligen Bereich, mit Maxima in der 49. und der 51. Meldewoche mit 586 und 579 übermittelten Erkrankungen. Die Anzahl der übermittelten Fälle war im ersten und zweiten Quartal höher als im dritten und stieg zum Jahresende besonders stark an. Damit wurde eine typische Windpocken-Saisonalität beobachtet, mit weniger Fällen um das dritte Quartal herum (Woche 28 bis 44) und einem wiederholten Anstieg der Fälle zum Ende des Jahres (s. Abb. 6.71.1).

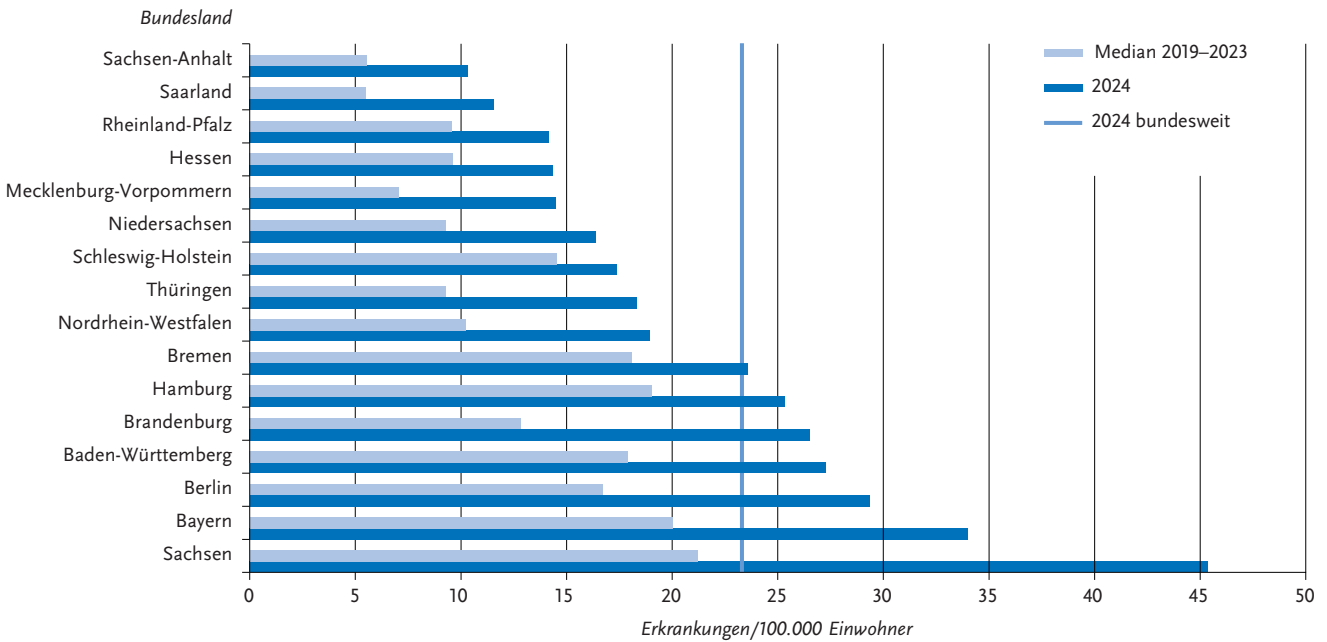
**Geografische Verteilung**

Die bundesweite Inzidenz lag mit 23,3 Erkrankungen pro 100.000 Einw. 11% höher als im Vorjahr (2023: 21) und

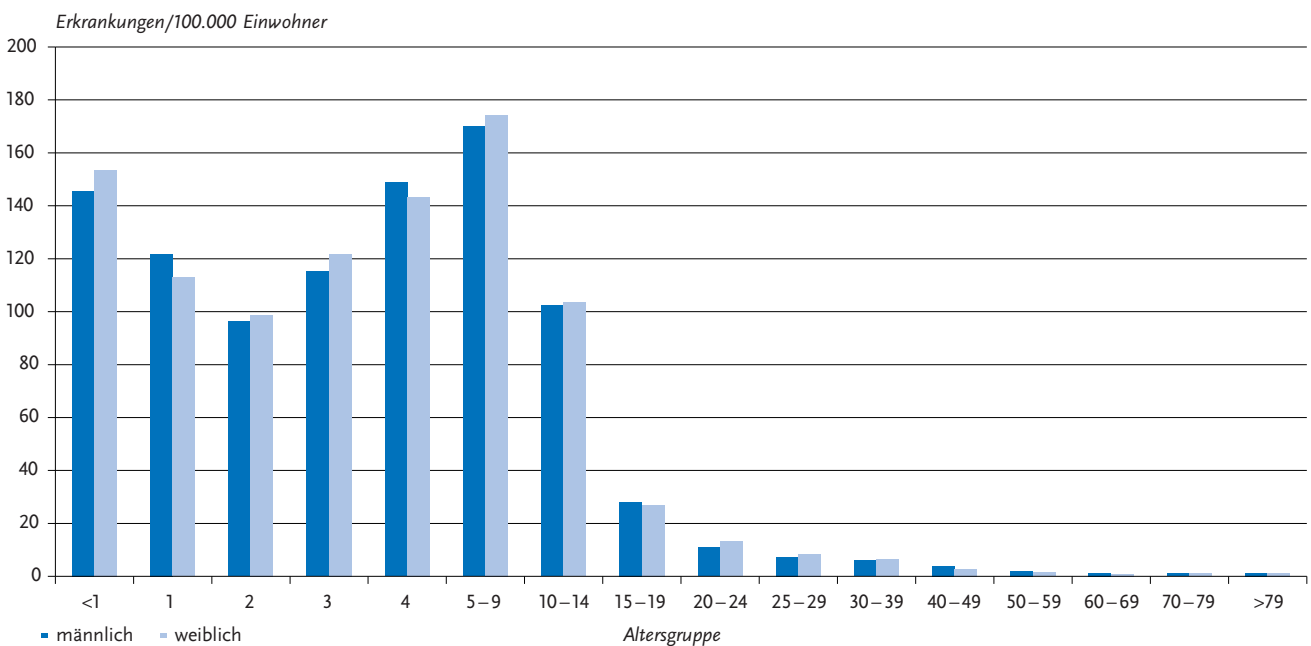
**Abb. 6.71.1:**  
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche (n = 19.733), Deutschland, 2024 im Vergleich mit den Vorjahren (Median 2019 bis 2023)



**Abb. 6.71.2:** Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n = 19.733) im Vergleich zum Median der Vorjahre (2019 bis 2023)



**Abb. 6.71.3:** Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n = 19.607)



überschritt deutlich den Median der Inzidenz der fünf Vorjahre (2019 bis 2023: 13,7). Der Inzidenzanstieg im Vergleich zum Median der Inzidenz der fünf Vorjahre betraf alle Bundesländer. Über dem bundesweiten Wert lag die Inzidenz für das Jahr 2024 in Sachsen (45,4), Bayern (34,0), Berlin (29,3), Baden-Württemberg (27,3), Brandenburg (26,5), Hamburg (25,3) und Bremen (23,6). Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Sachsen-Anhalt (10,3) und im Saar-

land (11,6) verzeichnet. In allen anderen Bundesländern lagen die Inzidenzen zwischen 14,2 (Rheinland-Pfalz) und 18,9 (Nordrhein-Westfalen) (s. Abb.6.71.2).

**Demografische Verteilung**

Die Altersverteilung der Fälle zeigte, dass 61 % aller Erkrankungen im Jahr 2024 bei Kindern unter 10 Jahren auftraten (2023: 65 %). Die höchsten Inzidenzen hatten Kinder von

5 bis 9 Jahren (173 Erkr./100.000 Einw.) und Kinder unter einem Jahr (151) sowie die 4-Jährigen (147). Kinder im Alter von 10 bis 14 Jahren zeigten eine Inzidenz von 104, ab einem Alter von 15 Jahren war die Inzidenz niedriger und lag bei den 15- bis 19-Jährigen bei 28, bei den 20- bis 49-Jährigen zwischen 12 und 3, und ab einem Alter von 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 bei den unter einjährigen und in den Altersgruppen 2 und 3 Jahre, 5 bis 14, 20 bis 39 und ab 80 Jahren, in den übrigen Altersgruppen etwas höhere Werte bei Jungen und Männern beobachtet (s. Abb. 6.71.3).

### Klinische Aspekte

Im Jahr 2024 wurde ein Todesfall bei einem männlichen Jugendlichen 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 zwei 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 Zeitpunkt der Impfung entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt zu einer an Varizellen erkrankten Person und die Impfung konnte den Infektion nicht mehr verhindern oder es entwickelten sich in sehr seltenen Fällen sogenannte Impfvirizellen 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 15.957 (81 %) von 19.733 Erkrankungen vor. Die meisten Erkrankten waren nicht geimpft ( $n = 12.479$ ; 78 % der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz). Von den 3.478 als geimpft übermittelten

Erkrankten waren bei 1.952 (56 %) die Angaben zum Impfstatus vollständig und valide. Da für die übrigen Fälle keine oder keine konsistenten Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum Impfdatum, zum Impfabstand oder zum Erkrankungsbeginn vorlagen, konnte für diese Erkrankten keine Einschätzung über den Impfschutz zum Zeitpunkt der Erkrankung vorgenommen werden. Von den 1.952 Erkrankten mit ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfschutzes waren 918 (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 zwei zeitgerechten Impfungen an Windpocken erkrankt waren. Dies betraf im Jahr 2024 insgesamt 1.034 Erkrankungen (6% der Erkrankten mit Angaben zum Impfstatus) (s. Abb. 6.71.4).

### Ausbrüche

Etwa 27 % ( $n = 5.317$ ) der Erkrankungen waren insgesamt 1.312 Häufungen zugeordnet. Damit lag die Zahl der übermittelten Häufungen und die darin erfassten Erkrankungen über denen des Vorjahrs (2023: 1.162 Häufungen mit insgesamt 4.809 Erkrankungen). Den 283 Häufungen mit 5 oder mehr Erkrankten im Jahr 2024 wurden insgesamt 2.722 Fälle zugeschrieben, was einer weiteren Zunahme an Häufungen und Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr entspricht (2023: 274 Häufungen mit 2.576 Fällen). In insgesamt 6 % (81) Häufungen wurden 10 Fälle oder mehr erfasst.

Der größte registrierte Ausbruch mit 71 Erkrankungen ereignete sich von November 2024 bis Januar 2025 in einer Schule in Bayern.

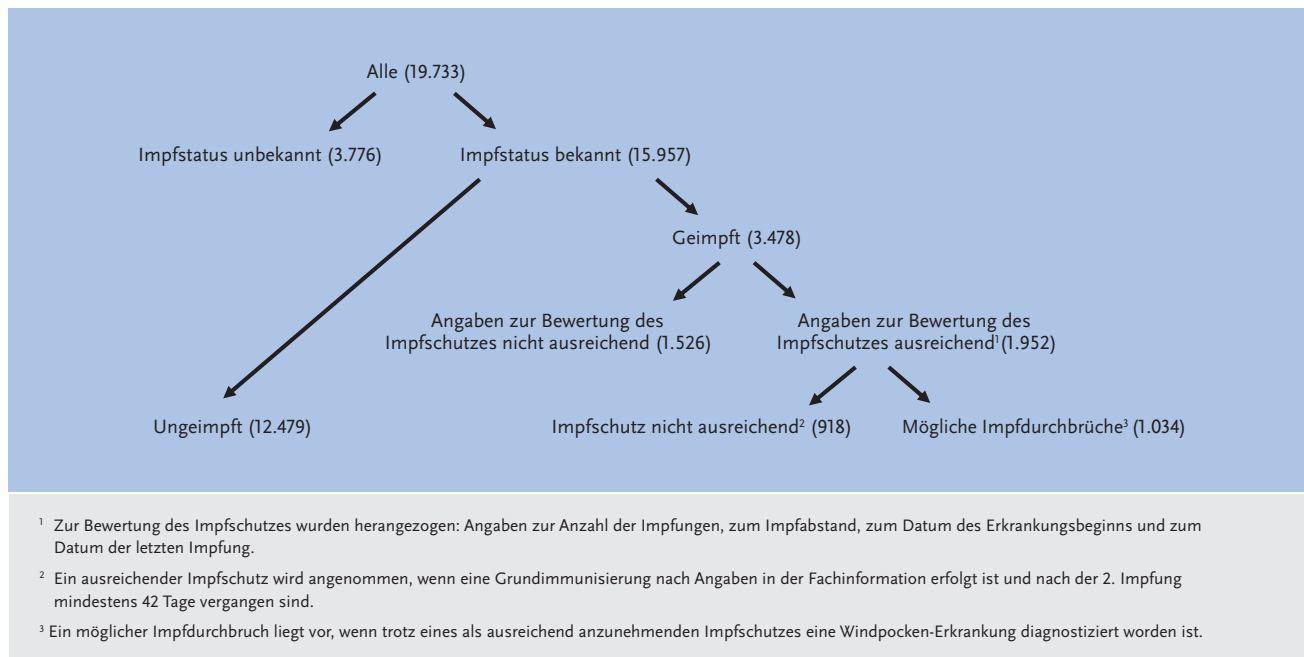
### Datenqualität

Eine Abgrenzung der beiden Krankheitsformen Windpocken und Herpes Zoster, die beide durch das Varicella-Zoster-Virus hervorgerufen werden, erfolgt aufgrund der übermittelten klinischen Kriterien. Hier kann es aufgrund unvollständiger Angaben zu Fehlzuordnungen kommen. Vollständige und konsistente Angaben zum Impfschutz lagen bei rund 73 % der Erkrankten (12.479 Ungeimpfte sowie 1.952 Geimpfte) 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 in den Jahren 2023 und 2024 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 2024 zu denen mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen (Sachsen-Anhalt, Hessen und

Abb. 6.71.4: Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2024 (n = 19.733)



Mecklenburg-Vorpommern). Umgekehrt gehörten einige der Bundesländer mit den niedrigsten Impfquoten (Sachsen, Bremen, Bayern, Baden-Württemberg) zu den Bundesländern, deren Windpocken-Inzidenzen über dem Bundesdurchschnitt lagen.

Die überwiegende Anzahl der im Jahr 2024 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 Geimpfter. 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](http://www.rki.de/ratgeber)

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>

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>

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut 2022*. Epid Bull 2022; 4. <https://doi.org/10.25646/9285.3>

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/10.25646/6447.3>

STIKO: *Evaluation der Varizellen-Impfempfehlung durch die STIKO, 2019*. Epid Bull 2020; 3. <https://doi.org/10.25646/6453>

## 6.72 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: **3.040**
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern, insbesondere bei ein- und 2-jährigen Kindern
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ 8 Ausbrüche mit 17 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. Durchfall, 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. 6.72.1). 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 erfüllt nicht nur die kulturelle Erregerisolierung, sondern auch ein Nukleinsäurenachweis, z. B. PCR, die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis. 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 2024 wurden 3.040 Erkrankungen übermittelt (2023: 1.947). Dies entsprach einer Inzidenz von 3,6 Erkrankungen pro 100.000 Einw. (2023: 2,3). Nach einem stetig fallenden Trend der Erkrankungszahlen seit 2002, mit Ausnahme von 2011, ist die Anzahl der jährlich übermittelten Erkrankungen von 2012 bis 2017 in etwa gleichgeblieben (zwischen 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. 6.72.1). Nachdem die Fallzahlen in den Jahren 2020 bis 2023 etwa auf demselben Niveau geblieben waren (zwischen 1.813 und 1.947 Erkrankungen), wurde 2024 erstmals eine deutliche Zunahme verzeichnet. Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war nicht erkennbar. Die höchsten Fallzahlen wurden im zweiten Quartal (n = 920) des Jahres 2024 verzeichnet.

### Geografische Verteilung

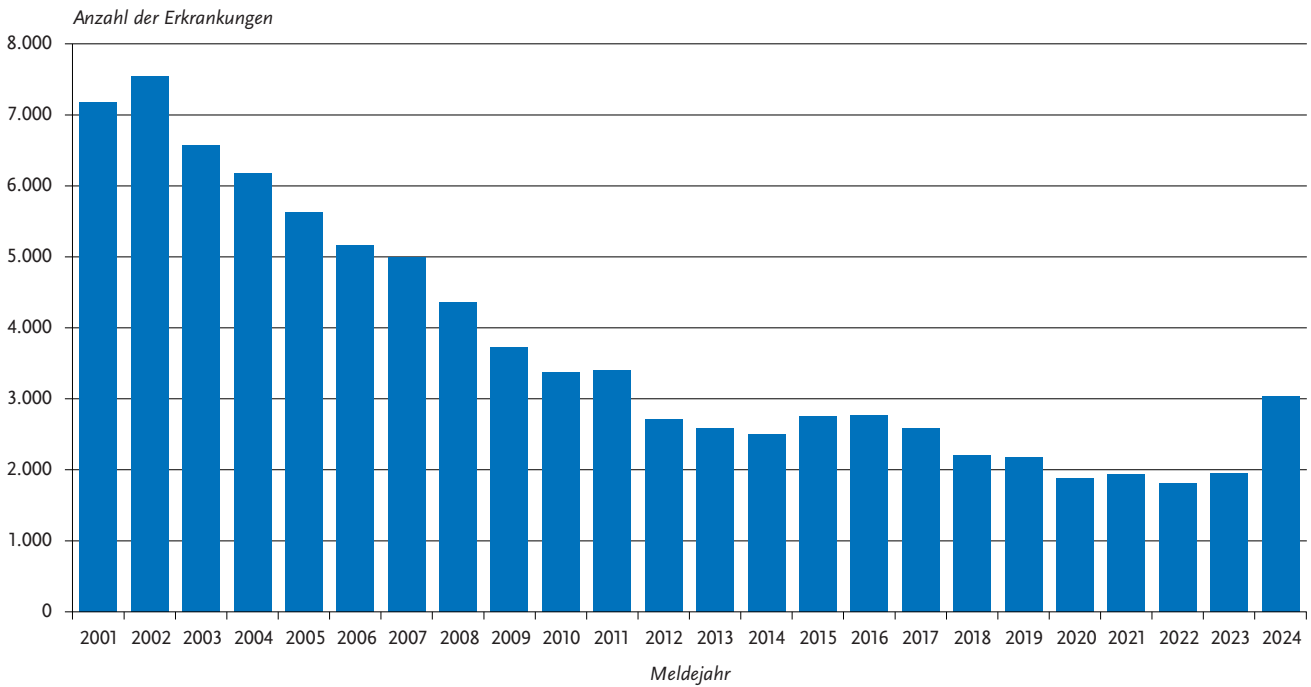
In Sachsen, Thüringen, Sachsen-Anhalt, Bremen, Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern und Rheinland-Pfalz lag die Inzidenz im Jahr 2024 über der bundesweiten Inzidenz (3,6 Erkr./100.000 Einw.). Hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Sachsen (8,7) und Thüringen (8,5) registriert (s. Abb. 6.72.2). In diesen Bundesländern sowie in Sachsen-Anhalt wurde eine hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 47 Erkr./100.000 Einw.; Sachsen: 39; Sachsen-Anhalt: 36). In allen Bundesländern, mit Ausnahme von Brandenburg, war im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre eine Zunahme der Inzidenz zu verzeichnen (s. Abb. 6.72.2). Die relative Zunahme war in Bremen (+ 475 %), Niedersachsen (+ 192 %), Schleswig-Holstein (+ 182 %), Hamburg (+ 111 %) und Baden-Württemberg (+ 109 %) am größten. In Brandenburg lag die Inzidenz im Jahr 2024 leicht unter dem Median der 5 Vorjahre (- 3 %).

Für 1.697 Erkrankungen (56 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (1.723 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 89 % der Nennungen auf Deutschland (1.531 Nennungen). Die

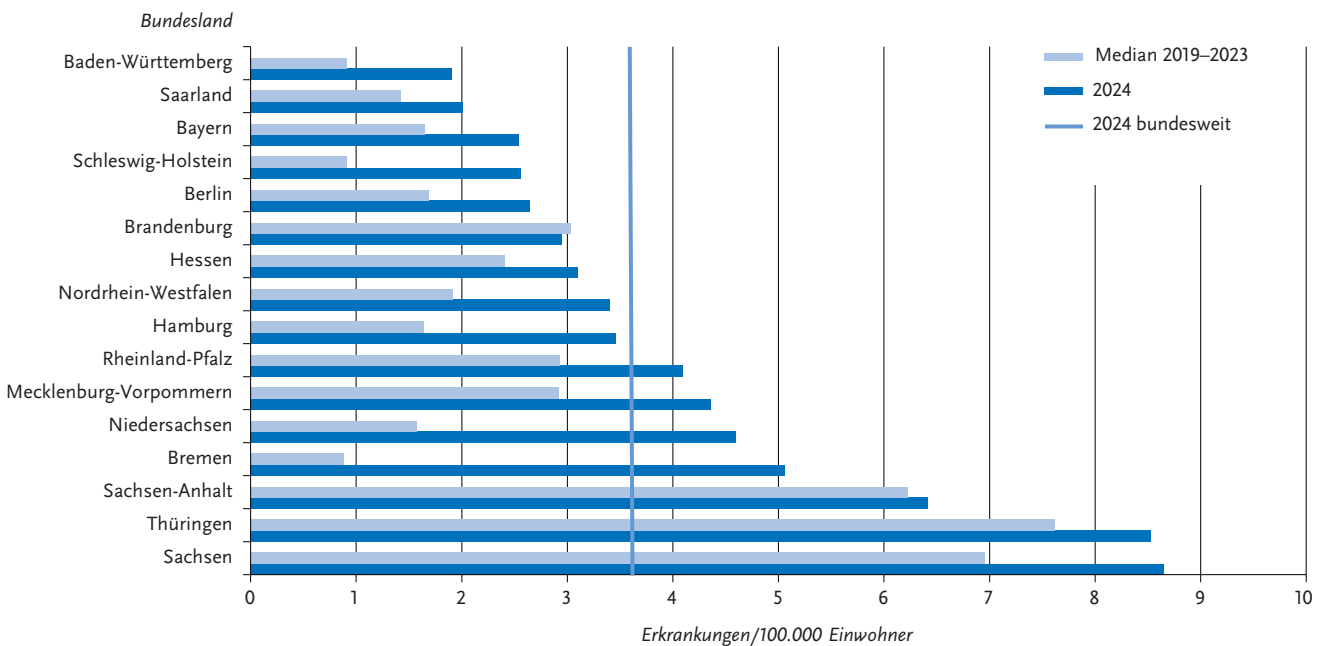
Tab. 6.72.1:  
Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	10	0 %	10	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.937	77 %	3.030	79 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	100	4 %	147	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	468	19 %	649	17 %
alle	2.515	100 %	3.836	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>1.947</b>	<b>77 %</b>	<b>3.040</b>	<b>79 %</b>

**Abb. 6.72.1:**  
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2024



**Abb. 6.72.2:**  
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2024 (n=3.040) im Vergleich mit den Vorjahren



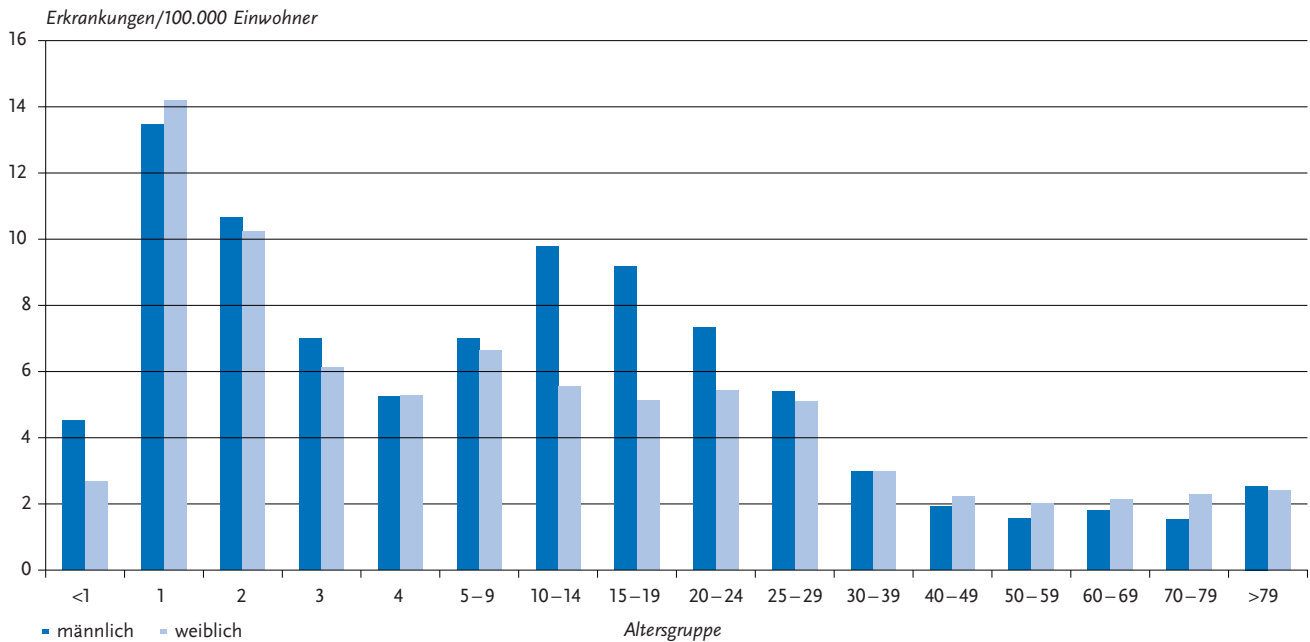
am häufigsten genannten weiteren Länder waren Spanien (29 Nennungen), Ägypten (15), Frankreich (11) und Griechenland (10).

**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

blieb in den Altersgruppen ab 40 Jahren auf relativ niedrigem Niveau ( $\leq 2,5$  Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.72.3). Männliche Personen (53 % der Erkrankungen) waren häufiger betroffen als weibliche (47 %) und hatten dementsprechend eine höhere Inzidenz (3,8 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 3,4). In den Altersgruppen der 10- bis 24-Jährigen lagen die Inzidenzen bei männlichen Personen deutlich höher als bei weiblichen.

**Abb. 6.72.3:**  
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2024 (n=3.037)



### Klinische Aspekte

Für alle 3.040 übermittelten Yersiniosen wurden Symptome angegeben (6.227 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (87 % der Erkrankungen), Bauchschmerzen (71 %) und Fieber (27 %). Im Jahr 2024 wurden 2 Todesfälle in Zusammenhang mit einer Yersiniose als „krankheitsbedingt verstorben“ übermittelt. Es handelte sich um 2 Personen im Alter von  $\geq 70$  Jahren.

### Nachgewiesene Erreger

Für 2.996 der 3.040 übermittelten Yersiniosen (99%) lagen Angaben zur nachgewiesenen Erregerspezies vor. Davon waren 2.986 (99,7 %) Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* und 9 (0,3 %) Erkrankungen durch *Y. pseudotuberculosis* verursacht. Bei 572 (19 %) Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* lagen Angaben zum Serotyp vor. Am häufigsten wurde der Serotyp O:3 nachgewiesen (80 %; n = 457). Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (8 %, n = 47) oder O:5,27 (4 %, n = 21) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Serotyp, wurde bei 4 % (n = 22) der Erkrankungen mit Angaben zum Serotyp genannt. Bei 4 % (n = 25) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* wurde als Serotyp „anderer“ angegeben.

### Ausbrüche

Es wurden 8 Ausbrüche mit insgesamt 17 Erkrankungen übermittelt (2023: 8 Ausbrüche mit 19 Erkrankungen). Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug weniger als ein Prozent (0,6 %). Ein Ausbruch betraf 3 Personen und 7 Ausbrüche betrafen jeweils 2 Personen. 4 der 8 Ausbrüche wurden als lebensmittelbedingt übermittelt. Bei 3 dieser 4 Ausbrüche wurde Mett oder

Hackepeter als ein verdächtiges Lebensmittel angegeben, bei einem wurde kein verdächtiges Lebensmittel genannt. Von den 8 Ausbrüchen ereigneten sich 7 in Privathaushalten, bei einem Ausbruch wurde als Infektionsumfeld „anderes/sonstiges“ angegeben.

### 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 labor diagnostischer 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 und mit der starken Zunahme der übermittelten Erkrankungen im Jahr 2024 im Vergleich zu den Vorjahren in Zusammenhang stehen.

### 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 2024 lagen deutlich über dem Niveau der Vorjahre 2019 bis 2023.

### Literaturhinweise

RKI: Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland. Epid Bull 2012; 6. <https://doi.org/10.25646/4544>

RKI: *RKI-Ratgeber Yersiniose*. 2019. Abrufbar unter: [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

Rosner BM, Stark K, Höhle M, Werber D: *Risk factors for sporadic Yersinia enterocolitica infections in Germany, 2001–2010*. *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>

### 6.73 Zikavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2024: 34
- ▶ 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. 6.73.1).

#### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2024 wurden 34 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2023: 16). Die Inzidenz ist somit im Vergleich zum Vorjahr gestiegen und liegt bei 0,04 Erkrankungen/100.000 Einwohner.

#### Geografische Verteilung

Die meisten Zikavirus-Erkrankungen wurden aus Bayern (9 Fälle), Berlin (7 Fälle), Hamburg (6 Fälle) und Baden-Württemberg (5 Fälle) übermittelt. Aus Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Saarland und Sachsen wurden jeweils ein oder 2 Fälle übermittelt. Die meisten Nennungen des wahrscheinlichen Infektionslandes entfielen auf Thailand (15 Fälle), gefolgt von den Malediven und Sri Lanka (je 4), Vietnam (3) und Kamerun (2). Vereinzelt wurden weitere Länder genannt.

#### Demografische Verteilung

Unter den Erkrankten waren jeweils 17 (50 %) Frauen und Männer. In der Altersgruppe der 10- bis 39-Jährigen wurden 20 Fälle (59 %) übermittelt, darunter 10 Frauen. In der Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen wurden 14 Fälle (41 %) registriert, darunter 7 Frauen.

#### Klinische Aspekte

Von 30 Erkrankungen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus wurde bei 4 Erkrankungen (13 %) eine Hospitalisierung vermerkt.

#### Ausbrüche

Es wurden im Jahr 2024 keine Ausbrüche berichtet.

Tab. 6.73.1: Übermittelte Fälle von Zikavirus-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2023 und 2024

Kategorie	2023		2024	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	16	67 %	34	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	29 %	5	13 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	4 %	0	0 %
alle	24	100 %	39	100 %
Referenzdefinition (B+C)	16	67 %	34	87 %

### 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 2024 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/10.25646/12884.2>

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>

Willing H, Faber M, Stark K, et al.: *Zikavirus-Infektionen: Tropische Krankheit mit Relevanz für Deutschland*. *Dtsch Arztebl* 2016; 113(12). <https://doi.org/10.25646/2224>

## Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2024  
Robert Koch-Institut, Berlin, 2026

### Herausgeber

Robert Koch-Institut, Nordufer 20, 13353 Berlin

Internet: [www.rki.de](http://www.rki.de), E-Mail: [zentrale@rki.de](mailto:zentrale@rki.de), Soziale Medien: [www.rki.de/socialmedia](http://www.rki.de/socialmedia)

### Redaktion

Silke Buda

Hermann Claus

Johannah Cramer

Michaela Diercke

Timo Greiner

Andreas Hicketier

Katrin Kremer-Flach

Annika Langenfeld

Mirjam Rupprecht

Heike Schulze

Benjamin Tittmann

Alexander Ullrich

Abteilung für Infektionsepidemiologie

### Satz

[INDEGO GmbH, Berlin](http://www.indego.de)

### Bezugsquelle

Das Jahrbuch ist NUR online abrufbar unter [www.rki.de/jahrbuch](http://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 2024, Berlin 2026

### ISBN

ISBN: 978-3-89606-338-0

DOI: 10.25646/13601

### Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.dnb.de> abrufbar.



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.