

Masernelimination in Deutschland: fast erreicht – und doch zurückgeworfen?

Die globale Strategie zur Masernelimination verfolgt ein klares Ziel – die Unterbrechung der endemischen Transmission des Masernvirus (MV) und damit eine nachhaltige Reduktion der Krankheitslast. Elimination ist dabei nicht mit der vollständigen Virusausrottung gleichzusetzen. Vielmehr geht es darum, durch Virusimporte ausgelöste Übertragungsketten innerhalb einer Region frühzeitig zu erkennen und rasch zu unterbrechen. Für Deutschland bedeutet dies: Entscheidend ist nicht die absolute Zahl der Masernfälle, sondern wie schnell Infektionsketten nach einem Import erkannt und effektiv unterbrochen werden. Die Weltgesundheitsorganisation (WHO) definiert Elimination entsprechend als einen Zustand, in dem keine Virusvariante länger als zwölf Monate kontinuierlich zirkuliert – und dies über einen Zeitraum von mindestens drei Jahren.

Grundvoraussetzung für die Elimination ist eine hohe Immunität in der Bevölkerung. Es wird davon ausgegangen, dass eine Immunität von mindestens 95 % erforderlich ist, um eine endemische Transmission nachhaltig zu verhindern. Der Eliminationsprozess wird durch die Nationale Verifizierungskommission Masern/Röteln (NAVKO) am Robert Koch-Institut (RKI) begleitet. Seit 2019 kommen die Expertinnen und Experten zu dem Schluss, dass die endemische Transmission der Masern in Deutschland unterbrochen ist – eine Einschätzung, die von der Europäischen Regionalen Verifizierungskommission für die Masern- und Rötelnelimination der WHO (RVC) für die Jahre 2022 und 2023 bestätigt wurde. Deutschland stand damit kurz vor der offiziellen Anerkennung der Masernelimination.

2024: gute Daten – jedoch differenzierte Bewertung notwendig

Für das Jahr 2024, ein Jahr mit hoher MV-Aktivität in Europa, wurden 645 Masernfälle an das RKI übermittelt. Für 532 Fälle (83 %) lagen Angaben zur Exposition oder molekulare Daten vor; damit wurde

der WHO-Qualitätsindikator von $\geq 80\%$ erreicht. Für 113 Fälle bestanden Datenlücken. Dabei handelte es sich überwiegend um sporadische Fälle, bei denen keine Exposition ermittelt werden konnte und für die nicht rechtzeitig Proben gewonnen wurden.

Auch wenn global weiterhin hohe Fallzahlen auftreten, hat sich im Zuge der fortschreitenden Eliminationsbemühungen und der weltweit hohen Impfaktivität die genetische Diversität der zirkulierenden MV-Varianten deutlich verringert. Im Gegensatz zu früheren Jahren werden weltweit nur noch Varianten des Genotyps B3 und D8 beobachtet. Dadurch ist die Aussagekraft der molekularen Charakterisierung auf Basis der Standardgenotypisierung eingeschränkt. Vor diesem Hintergrund könnte die über das gesamte Jahr 2024 hinweg nachgewiesene Sequenzvariante D8-5963 – trotz häufiger, epidemiologisch belegter Virusimporte – als Hinweis auf eine endemische Transmission interpretiert werden (s. Abb. 1). Die Analyse mittels Ganzgenomsequenzierung zeichnet jedoch ein differenzierteres Bild:

Es lassen sich zwei klar unterscheidbare Übertragungskategorien der Variante D8-5963 identifizieren (s. Abb. 2):

► Importassoziierte, kurzzeitige Transmissionen (DEU 24):

Im ersten Halbjahr 2024 traten mehrere kurze, teils bundeslandübergreifende Infektionsketten mit sehr geringer genetischer Distanz auf. Diese standen in engem phylogenetischem Zusammenhang zu Virusvarianten, die bereits im Jahr 2023 in Europa zirkulierten, und konnten auf wiederholte Importereignisse zurückgeführt werden. Die Transmission brach jeweils nach kurzer Zeit ab.

► Regional begrenzter Ausbruch mit eigener Variante (SH 24):

Im Herbst/Winter 2024 kam es zu einem regional begrenzten Ausbruch ausgehend aus Baden-Württemberg, der durch eine genetisch einheit-

Bundesland	2024												2025											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Hessen	1	2						1					1 (1)	2										
Rheinland-Pfalz															2 (1)	2								
Hamburg						1																		
Nordrhein-Westfalen	4 (3)	4	2	1	1	2 (1)	3						1	2			2	1	2					
Brandenburg					1																			
Berlin				3		2			2									2						
Bayern	3 (2)			4 (2)			1 (1)						1 (1)					1 (1)	1 (1)					
Niedersachsen				2 (2)													10							
Bremen																								
Baden-Württemberg			1 (1)		1 (1)				2	21	9 (1)	9	1 (1)	1										
Sachsen																	1							

Abb. 1 | Darstellung der Nachweise der Masernvirus-Variante D8-5963 (MVVs/Patan.IND/16.19) in den Jahren 2024 und 2025 nach Monat und Bundesland. Die Anzahl der importierten Fälle ist in Klammern angegeben.

liche, jedoch klar abgrenzbare Variante von D8-5963 charakterisiert war. Die phylogenetische Distanz zu den übrigen Fällen spricht für einen separaten Import ohne relevante Weiterverbreitung im Bundesgebiet.

Die Analysen des gesamten Genoms liefern insbesondere bei fehlenden epidemiologischen Daten entscheidende Hinweise zur Einordnung von Infektionsketten. Die Ergebnisse zeigen, dass der kontinuierliche D8-5963-Nachweis nicht Ausdruck einer durchgehenden endemischen Transmission ist, sondern vielmehr ein **diffuses Geschehen mit mehrfachen Virusimporten eng verwandter D8-5963-Varianten** sowie einem **zeitlich und räumlich begrenzten Ausbruch einer weiteren Variante widerspiegelt**. Die Ganzgenomdaten widerlegen damit die Annahme einer über ≥ 12 Monate andauernden Transmission.

Bewertung und Einordnung

Die NAVKO kam daher auch für das Jahr 2024 zu dem Schluss, dass in Deutschland keine endemische Maserntransmission vorliegt.

Die RVC folgte dieser Bewertung im Januar 2026 jedoch nicht. Ausschlaggebend waren insbesondere Datenlücken hinsichtlich der Exposition und der molekularen Charakterisierung, allerdings vor allem bei den sporadischen Fällen, nicht bei den länger

anhaltenden Übertragungsketten. Die für die langanhaltenden Übertragungsketten vorliegenden Ganzgenomdaten, die eine differenzierte Bewertung des Übertragungsgeschehens ermöglichen, wurden in der Entscheidung der RVC aus diesem Grunde nicht berücksichtigt.

Unabhängig davon bestehen weiterhin Herausforderungen: Die Impfquoten, insbesondere für die zweite Masern, Mumps, Röteln-(MMR-)Impfung (z. B. 78% bei 24 Monate alten Kindern des Geburtsjahrgangs 2022), sind weiterhin zu niedrig, und ungeimpfte Kleinkinder, insbesondere in den ersten beiden Lebensjahren, sind überproportional von Maserninfektionen betroffen.

Deutschland wurde damit – nach zwei Jahren mit bestätigter unterbrochener Transmission – im Status auf eine erneut etablierte endemische Transmission zurückgestuft. Der Nachweis der Unterbrechung muss nun, beginnend mit dem Jahr 2025, erneut über einen Zeitraum von drei Jahren erbracht werden.

Epidemiologische und molekularbiologische Daten aus dem Jahr 2025 zeigen niedrigere Fallzahlen und kurze Übertragungsketten. Diese Daten werden im Juni der NAVKO vorgelegt, die bewertet wird, ob für das Jahr 2025 erneut von einer unterbrochenen endemischen Transmission in Deutschland ausgegangen werden kann.

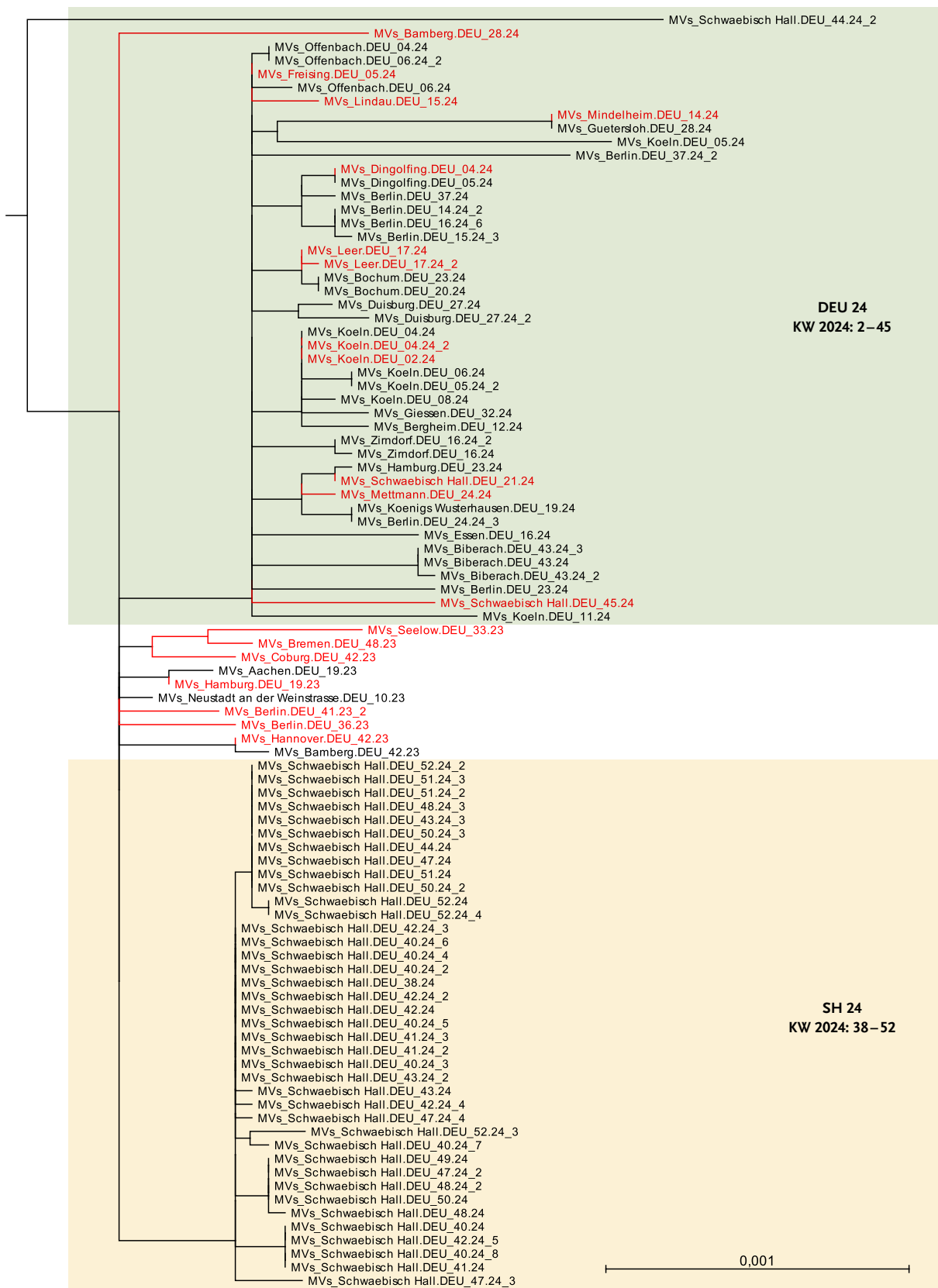


Abb. 2 | Phylogenetische Analyse auf der Basis der Ganzgenomsequenz von Masernviren, die der N-450-Variante D8-5963 zugeordnet sind. Importierte Fälle sind in roter Schrift gekennzeichnet. Es zeigen sich zwei genetisch distinkte Cluster von D8-5963, die im Jahr 2024 auf unterschiedliche Importereignisse zurückgingen.

DEU = Deutschland; KW = Kalenderwoche; SH = Schwäbisch Hall

Fazit: Ziel in Reichweite – Datenqualität entscheidend

Trotz dieses Rückschritts ist die Ausgangslage derzeit günstig: niedrige Fallzahlen, eine hohe Immunität in weiten Teilen der Bevölkerung und eine zunehmend hochauflösende molekulare Surveillance.

Um den Eliminationsstatus im nächsten Anlauf zu erreichen, gilt: **Jeder Fall zählt!** Eine vollständige

epidemiologische Aufklärung, insbesondere zur Exposition, sowie eine konsequente molekulare Charakterisierung sind entscheidend, um Transmissionsketten sicher einordnen und die erreichten Fortschritte auch international belegen zu können. Bitte senden Sie deshalb von allen Masernverdachtsfällen Rachenabstriche zur Sequenzierung an das [Nationale Referenzzentrum für Masern, Mumps, Röteln](#) am RKI.

Autoren

^{a)} Prof. Dr. Annette Mankertz | ^{b)} Dr. Dorothea Matysiak-Klose, MPH | ^{c)} Prof. Dr. Heidemarie Holzmann

^{a)} Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten, FG 12 Masern, Mumps, Röteln und Viren bei Abwehrschwäche

^{b)} Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie, FG 33 Impfprävention

^{c)} Medizinische Universität Wien, Zentrum für Virologie

Korrespondenz: MankertzA@rki.de,
Matysiak-KloseD@rki.de,
heidemarie.holzmann@meduniwien.ac.at

Interessenkonflikt

Die Autorinnen geben an, dass keine Interessenkonflikte bestehen.

Vorgeschlagene Zitierweise

Mankertz A, Matysiak-Klose D, Holzmann H: Masernelimination in Deutschland: fast erreicht – und doch zurückgeworfen?

Epid Bull 2026;20:4-7 | DOI 10.25646/14186

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](#)