



SAISONBERICHT

Bericht zu akuten respiratorischen Erkrankungen in der Saison 2025/26

Inhalt

1	Einleitung	4
2	Abkürzungsverzeichnis	6
3	Akute Atemwegserkrankungen	7
3.1	Zusammenfassung: Akute Atemwegserkrankungen in 2025/26	7
3.2	Bevölkerungsebene (GrippeWeb)	9
3.2.1	Syndromische Surveillance auf Bevölkerungsebene	9
3.2.2	Virologisch-mikrobiologische Surveillance auf Bevölkerungsebene (GrippeWeb-Plus)	12
3.3	Ambulanter Bereich	14
3.3.1	ARE-Praxis-Sentinel: syndromische Surveillance	14
3.3.2	ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance	19
3.4	Stationärer Bereich	24
3.4.1	SARI-Krankenhaus-Sentinel: syndromische Surveillance	24
3.4.2	SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance	29
4	Influenzavirus-Erkrankungen	34
4.1	Zusammenfassung: Influenzavirus-Erkrankungen in der Wintersaison 2025/26	34
4.2	Epidemiologische Analysen	38
4.2.1	Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance, Partizipatives Surveillancesystem)	38
4.2.2	Ambulanter Bereich	41
4.2.3	Stationärer Bereich	45
4.2.4	Influenza-/RSV-assoziierte Übersterblichkeit	50
4.2.5	Influenza-Meldungen gemäß IfSG	52
4.3	Weiterführende virologische und genomische Analysen	55
4.3.1	Molekulare Analysen von Influenzaviren	55
4.3.2	Antigene Charakterisierung von Influenzaviren	59
4.3.3	Resistenzprüfung von Influenzaviren	61
4.3.4	Vergleich genomischer Daten aus den virologischen Sentinel-Systemen	62
4.4	Influenza-Impfungen	63
4.4.1	Zusammensetzung des Impfstoffes in der Wintersaison 2025/26	63
4.4.2	Impfempfehlung in der Wintersaison 2025/26	63
4.4.3	Impfquoten	65
4.4.4	Schätzung der Impfeffektivität gegen Influenza	65
4.5	Internationale Situation in der Wintersaison 2025/26	70
4.6	Zoonotische Influenza	72
4.6.1	Aviäre Influenza	72
4.6.2	Porcine Influenza	75
4.6.3	Fazit zu Influenza an der Schnittstelle zwischen Mensch und Tier	76
5	SARS-CoV-2 und COVID-19	77
5.1	Zusammenfassung: SARS-CoV-2 und COVID-19 im Sommer 2025 und in der Saison 2025/26	77
5.2	Epidemiologische Analysen	81
5.2.1	Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance und Partizipative Surveillance)	81

5.2.2	Ambulanter Bereich.....	84
5.2.3	Stationärer Bereich.....	86
5.2.4	COVID-19-assoziierte Übersterblichkeit	89
5.2.5	COVID-19-Meldungen gemäß IfSG	90
5.3	Virologische und genomische Analysen.....	93
5.3.1	Integrierte genomische Surveillance für SARS-CoV-2	93
5.3.2	AMELAG Abwassersequenzierung	96
5.3.3	Häufigkeit bestimmter SARS-CoV-2-Varianten in verschiedenen Surveillance-Systemen	98
5.4	COVID-19-Impfungen.....	99
5.4.1	Zusammensetzung des Impfstoffes in der Wintersaison 2025/26	99
5.4.2	Impfempfehlung in der Wintersaison 2025/26	99
5.4.3	Impfquoten	100
5.5	Internationale Situation im Sommer 2025 und in der Wintersaison 2025/26.....	100
6	RSV-Erkrankungen.....	102
6.1	Zusammenfassung: RSV-Erkrankungen in der Wintersaison 2025/26	102
6.2	Epidemiologische Analysen	105
6.2.1	Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance und Partizipative Surveillance)	105
6.2.2	Ambulanter Bereich.....	108
6.2.3	Stationärer Bereich.....	110
6.2.4	RSV-/Influenza-assoziierte Übersterblichkeit.....	113
6.2.5	RSV-Meldungen gemäß IfSG	113
6.3	Weiterführende virologische und genomische Analysen	117
6.3.1	Ergebnisse des Konsiliarlabors für respiratorische Syncytialviren (RSV), Parainfluenzaviren (PIV) und humane Metapneumoviren (HMPV).....	117
6.4	RSV-Immunisierung	119
6.4.1	Aktuelle Empfehlungen zur Immunisierung bzw. Impfung gegen RSV in der Wintersaison 2025/26	119
6.4.2	Impfquoten	119
6.5	Internationale Situation in der Wintersaison 2025/26.....	119
Glossar		121
Tabellen		133
Abbildungen		136
Literaturverzeichnis		144
Danksagungen		149
Autorinnen und Autoren (alphabetisch sortiert)		151
Impressum		152

1 Einleitung

In diesem Bericht werden die Ergebnisse der Überwachung akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) in Deutschland, basierend auf verschiedenen Surveillance-Systemen des Robert Koch-Instituts (RKI), für den **Sommerzeitraum 2025 (21. KW 2025 bis 39. KW 2025)** sowie die **Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026)** zusammengefasst und bewertet. Zudem werden die postpandemischen Vorsaisons, beginnend ab Sommer 2023 zum Vergleich herangezogen [1]. Sofern nicht anders beschrieben, gilt für die dargestellten Auswertungen der Datenstand 2.6.2026.

Akute Atemwegserkrankungen verursachen jährlich eine hohe Krankheitslast in der Bevölkerung und führen zu einer hohen Belastung des ambulanten und stationären Gesundheitssektors sowie einer hohen Zahl an Schulfehltagen, Arbeitsausfällen und Todesfällen. Sie unterliegen einer saisonalen Dynamik, die jedoch von Saison zu Saison sowie für verschiedene Altersgruppen abweichen kann. Akute Atemwegserkrankungen werden oft durch unterschiedliche Viren ausgelöst, die anfänglich ähnliche Symptome hervorrufen, aber sehr unterschiedlich verlaufen können. Besonders relevant für die epidemiologische Überwachung sind die Atemwegserreger Influenzaviren, SARS-CoV-2 und Respiratorische Synzytialviren (RSV).

Die **Influenza** ist als jährlich auftretende, alle Altersgruppen betreffende, impfpräventable Erkrankung, die in schweren Saisons zu einer deutlichen Übersterblichkeit führt, von großer Bedeutung für die öffentliche Gesundheit. **SARS-CoV-2** bleibt auch nach dem Ende der COVID-19-Pandemie weiterhin von besonderer epidemiologischer Bedeutung, da es fortwährend weltweit zirkuliert und **COVID-19** weiterhin zu Hospitalisierungen und Todesfällen führt. **RSV** ist wie Influenzaviren ein saisonal auftretender Atemwegserreger, der jedoch insbesondere bei Kleinkindern und in vulnerablen Bevölkerungsgruppen mit schweren Krankheitsverläufen auftritt.

Die Surveillance akuter Atemwegserkrankungen in Deutschland dient der zeitnahen ganzjährigen Überwachung und Berichterstattung zum Verlauf, zur Stärke der Aktivität sowie zur Krankheitslast akuter Atemwegserkrankungen auf verschiedenen Ebenen des Gesundheitssystems bzw. der Krankheitsschwere. Ein spezieller Fokus wird dabei auf die Bewertung der Aktivität von Influenza, COVID-19 und RSV-Erkrankungen gelegt sowie auf die spezifischen Merkmale der jeweils zirkulierenden Influenzaviren, SARS-CoV-2 und RSV. Die Daten bilden u. a. die Grundlage für möglichst zielgerechte und evidenzbasierte Empfehlungen zur Prävention und Therapie von Erkrankungen mit Atemwegserregern, speziell Influenzaviren, SARS-CoV-2 und RSV.

Im Rahmen dieses Berichts werden **Daten aus verschiedenen Erfassungssystemen** analysiert und bewertet, um eine umfassende Einschätzung der Situation akuter Atemwegserkrankungen zu ermöglichen. Ziel ist die Beschreibung der zeitlichen Dynamik, der betroffenen Altersgruppen sowie der Krankheitsschwere im Sommerzeitraum 2025 sowie in der Wintersaison 2025/26 und eine Einordnung im Vergleich zu zwei Vorsaisons.

Dazu werden Daten aus den Systemen der **syndromischen Surveillance** des RKI ausgewertet. Diese basieren auf erfassten Symptomen bzw. ärztlichen Diagnosecodes:

- GrippeWeb (Bevölkerung, symptomatische Atemwegserkrankungen)
- ARE-Praxis-Sentinel (ambulanter Bereich, Arztkonsultationen wegen akuter Atemwegserkrankungen)

- SARI-Krankenhaus-Sentinel (stationärer Bereich, Hospitalisierungen wegen schwerer akuter respiratorischer Infektionen)

Ergänzt werden diese Systeme durch Daten aus den begleitenden Systemen der **virologischen Surveillance**, die ebenfalls die Ebenen Bevölkerung (GrippeWeb-Plus), ambulanter Bereich sowie stationärer Bereich abdecken und Informationen zu zirkulierenden Atemwegserregern liefern.

Darüber hinaus werden Daten aus der **Abwassersurveillance**, **Mortalitätsdaten von DESTATIS** sowie **Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz** zu Influenza, COVID-19 und RSV-Erkrankungen analysiert. Dazu kommen weitergehende **genomische Analysen** zu Influenzaviren, SARS-CoV-2 und RSV. Des Weiteren wird auf die **internationale Situation** im Sommer 2025 sowie der Wintersaison 2025/26 in Bezug auf Influenza, COVID-19/SARS-CoV-2 und RSV eingegangen und auch die Möglichkeit der Prävention durch **Immunisierung bzw. Impfung** erläutert.

Der Bericht betrachtet in verschiedenen Kapiteln zunächst *Akute Atemwegserkrankungen* unterschiedlicher Schwere insgesamt und fokussiert sich dann in weiteren Kapiteln auf *Influenzavirus-Erkrankungen, SARS-CoV-2 und COVID-19* sowie *RSV-Erkrankungen*. Zu jedem Kapitel gibt es eine kurze Zusammenfassung sowie eine Übersichtstabelle mit verschiedenen Eckdaten, die im nachfolgenden Kapitel zur Einordnung der ARE-Saison relevant sind. Methodische Details und Fachbegriffe werden am Ende des Berichts kurz im *Glossar* erläutert.

2 Abkürzungsverzeichnis

ARE	Akute respiratorische Erkrankungen
AMELAG	Abwassermonitoring für die epidemiologische Lagebewertung
COVID-19	Corona Virus Disease 2019 (Coronavirus-Krankheit 2019)
ECDC	European Centre for Disease Prevention and Control (Europäische Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten)
Einw.	Einwohnerinnen und Einwohner
DESTATIS	Statistisches Bundesamt
HA	Hämagglutinin
HHT	Hämagglutinationshemmtest
HCoV	Humane Coronaviren
HMPV	Humane Metapneumoviren
ICD	International Statistical Classification of Diseases and Related Health Problems (Internationale statistische Klassifikation der Krankheiten und verwandter Gesundheitsprobleme)
ICOSARI	ICD-10-Code basierte Surveillance schwerer akuter respiratorischer Infektionen
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IGS	Integrierte Genomische Surveillance
ILI	Influenza-like illness (Grippe-ähnliche Erkrankung)
IMSSC2	Integrierte molekulare Surveillance von SARS-CoV-2
ITS	Intensivstation
KI	Konfidenzintervall
KW	Kalenderwoche
MW	Meldewoche
NA	Neuraminidase
NRZI	Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren
PCR	Polymerase chain reaction (Polymerasekettenreaktion)
PIV	Parainfluenzaviren
PR	Positivenrate
RKI	Robert Koch-Institut
RSV	Respiratorische Synzytialviren
SARI	Schwere akute respiratorische Infektionen
SARS-CoV-2	Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2
SEED ^{ARE}	Sentinel zur elektronischen Erfassung von Diagnosecodes akuter respiratorischer Erkrankungen
STIKO	Ständige Impfkommission
VE	Vaccine effectiveness (Impfeffektivität)
VUM	Variant under monitoring
WHO	World Health Organisation (Weltgesundheitsorganisation)

3 Akute Atemwegserkrankungen

3.1 Zusammenfassung: Akute Atemwegserkrankungen in 2025/26

Im Rahmen der syndromischen Sentinel-Surveillance werden akute respiratorische Erkrankungen (ARE) auf Bevölkerungsebene (GrippeWeb) und im ambulanten Bereich (ARE-Praxis-Sentinel) sowie schwere akute respiratorische Infektionen (SARI) im stationären Bereich (SARI-Krankenhaus-Sentinel) erfasst und bewertet. Dabei werden neben der Wintersaison (40. KW bis 20. KW des Folgejahres), in der üblicherweise während der Grippe- und der RSV-Welle eine hohe Zahl an akuten Atemwegserkrankungen erfasst wird, auch der davor liegende Sommerzeitraum (21. KW bis 39. KW) betrachtet.

Mit dem Aufkommen von SARS-CoV-2 sowie auch nach dem Ende der COVID-19-Pandemie im Frühjahr 2023 [1] wurde häufig bereits im Sommer eine erhöhte SARS-CoV-2-Zirkulation beobachtet. Damit ging auch in den postpandemischen Jahren zumeist ein Anstieg der Zahl akuter Atemwegserkrankungen einher. Im Kapitel *Akute Atemwegserkrankungen* wird zum einen der Sommerzeitraum 2025 sowie die Wintersaison 2025/26 betrachtet, darüber hinaus werden zum Vergleich auch die beiden Vorsaisons in 2023/24 sowie 2024/25 herangezogen.

In allen syndromischen Systemen (Bevölkerungsebene, ambulanter Bereich, stationärer Bereich) wurde im **Sommerzeitraum** 2023 bzw. 2025 jeweils eine geringere Zahl an ARE bzw. SARI (bei insgesamt sehr niedriger ARE/SARI-Aktivität) als im Sommer 2024 beobachtet (insgesamt niedrige Aktivität). Ursächlich für die etwas höhere Krankheitslast im Sommer 2024 war die bereits im Frühsommer 2024 beginnende SARS-CoV-2-Zirkulation (siehe *SARS-CoV-2 und COVID-19*). In den Jahren 2023 und 2025 startete die SARS-CoV-2-Zirkulation dagegen erst im Spätsommer bzw. Herbst (Abbildung 6; Anteil der verschiedenen Atemwegserreger in der Bevölkerung).

Insgesamt gab es im Sommerzeitraum 2025 ca. 66 Millionen ARE, etwa jeder sechste davon konsultierte deswegen eine Ärztin oder einen Arzt (ca. 11 Mio. Erstkonsultationen wegen ARE). Es gab ca. 123.000 Hospitalisierungen wegen SARI, davon wurden ca. 15.000 intensivmedizinisch behandelt und ca. 5.500 SARI-Patientinnen und -Patienten verstarben (Tabelle 1).

Während der **Wintersaison 2025/26** wurden in allen Systemen weniger ARE- und SARI-Fälle beobachtet als in den beiden vorherigen Wintersaisons (2023/24, 2024/25), diese waren jeweils von einer höheren Krankheitslast geprägt [2-5]. Dennoch kam es in der Wintersaison 2025/26 zu rund 180 Millionen ARE, unabhängig von einem Arztbesuch: Kleinkinder hatten im Durchschnitt 4,6 ARE und Erwachsene ab 60 Jahren im Schnitt 1,3 ARE (siehe *Syndromische Surveillance auf Bevölkerungsebene*). Ende Januar bzw. Anfang Februar 2026 (5./6. KW 2026) war der Höhepunkt der ARE-Aktivität in Deutschland, so kam es allein in der 5. KW 2026 zu ca. 7,2 Millionen ARE. In der 6. KW 2026 gab es ca. 1,7 Mio. Arztbesuche wegen einer neu aufgetretenen ARE (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: syndromische Surveillance*). Zudem kam es ebenfalls in der 6. KW 2026 zu rund 23.000 Hospitalisierungen wegen SARI (siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: syndromische Surveillance*). Unter Berücksichtigung der Daten aus der begleitenden virologischen Surveillance zeigt sich, dass der Höhepunkt der ARE-Wintersaison auch im Jahr 2026 mit dem Höhepunkt der Grippewelle zusammen fiel. Im virologischen ARE-Praxis-Sentinel wurden zu dieser Zeit in zwei von drei Proben von ARE-Patientinnen und -Patienten Influenzaviren nachgewiesen (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*). In allen drei syndromischen Systemen wurde kurzzeitig eine hohe Aktivität (schwerer) akuter Atemwegserkrankungen beobachtet. In den

beiden vorherigen Saisons befand sich die ARE-/SARI-Aktivität jedoch jeweils für einen längeren Zeitraum im hohen Bereich. Zudem wurde in der Wintersaison 2025/26 insgesamt eine **geringere Krankheitslast** an akuten Atemwegserkrankungen auf allen erfassten Ebenen beobachtet, auch blieben die Höchstwerte unter denen der vorherigen Wintersaisons 2023/24 und 2024/25. Somit ist die **ARE-Wintersaison 2025/26 insgesamt als moderat einzuordnen**.

Das Spektrum zirkulierender Atemwegserreger bildete sich auf Bevölkerungsebene sowie im ambulanten und stationären Bereich ähnlich ab. Es umfasste im Sommer 2025 hauptsächlich Rhino- und Parainfluenzaviren sowie SARS-CoV-2, in der Wintersaison 2025/26 wurden vorrangig Influenza- und Rhinoviren sowie seltener RSV nachgewiesen (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*, *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

Tabelle 1: Eckdaten akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE): Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, dargestellt für den Sommer (21. KW – 39. KW 2025) sowie für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) in Deutschland. Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, ILI = influenza-like illness, KW = Kalenderwoche, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen

Surveillance-bereich	Indikator	Sommer 2025 21. KW – 39. KW 2025	Wintersaison 2025/26 40. KW 2025 – 20. KW 2026	Gesamtwert
		Gesamtwert	Höchstwert (in KW) <i>Aktivitätsbereich</i>	
Bevölkerung GrippeWeb (syndromisch)	ARE ¹ (Inzidenz)	ca. 66 Mio.	ca. 7,2 Mio. (5. KW 2026) (8.700 je 100.000) Hohe Aktivität	ca. 180 Mio.
	ILI ¹	ca. 12 Mio.	ca. 2,1 Mio. (5. KW 2026)	ca. 40 Mio.
Ambulanter Bereich ARE-Praxis-Sentinel (syndromisch)	ARE- Erstkonsultationen ¹	ca. 11 Mio.	ca. 1,7 Mio. (6. KW 2026) Hohe Aktivität	ca. 37 Mio.
Stationärer Bereich SARI-Krankenhaus- Sentinel (syndromisch)	SARI-Fälle ¹	ca. 123.000	ca. 23.000 (6. KW 2026) Hohe Aktivität	ca. 429.000
	SARI-Fälle mit Intensivbehandlung ¹	ca. 15.000	ca. 2.600 (1. KW 2026)	ca. 47.800
	Verstorbene SARI-Fälle ¹	ca. 5.500	ca. 1.400 (1. KW 2026)	ca. 22.700

¹syndromisch: geschätzte Anzahl

3.2 Bevölkerungsebene (GrippeWeb)

3.2.1 Syndromische Surveillance auf Bevölkerungsebene

Autorinnen und Autoren: Anna Loenenbach, Ann-Sophie Lehfeld, Kerstin Prahm, Udo Buchholz

In dem Zeitraum von der 21. Kalenderwoche (KW) 2025 bis zur 20. KW 2026 gaben pro Woche durchschnittlich 13.000 Personen eine Meldung bei GrippeWeb ab [6]. Davon waren pro Woche etwa 2.000 Meldungen von Kindern bis 14 Jahre und 11.000 Meldungen von Erwachsenen ab 15 Jahre.

Nachdem sich die Inzidenz akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) in den Sommermonaten 2025 auf einem sehr niedrigen Niveau bewegte, stieg sie ab der 36. KW 2025 sehr deutlich und rasch an. Die ARE-Inzidenz nahm dann ihren typischen Verlauf mit einer höheren Aktivität im Herbst und Winter. Nach einem üblichen kurzzeitigen Rückgang der ARE-Inzidenz im Zeitraum der Herbst- sowie Weihnachtsferien lagen die Werte in der Grippewelle vor und nach dem Jahreswechsel auf einem vergleichbaren Niveau und bewegten sich größtenteils im üblichen Wertebereich. Den Höhepunkt erreichte die ARE-Inzidenz in der 5. KW 2026 mit rund 8.700 ARE pro 100.000 Einw. und lag damit auf einem hohen Niveau (Abbildung 1). Das entspricht etwa 7,2 Millionen Personen mit einer neu aufgetretenen Atemwegserkrankung in dieser Woche, unabhängig von einem Arztbesuch.

Auch die Inzidenz der grippeähnlichen Erkrankungen (ILI = Influenza-like illness; definiert als ARE mit Fieber) zeigte in der Saison 2025/26 einen typischen Verlauf. Sie erreichte ihren Höhepunkt ebenfalls in der 5. KW 2026 mit rund 2.600 ILI pro 100.000 Einw. (nicht abgebildet). Dies entspricht circa 2,2 Millionen Personen mit einer neu aufgetretenen grippeähnlichen Erkrankung in der Gesamtbevölkerung in dieser Woche, unabhängig von einem Arztbesuch.

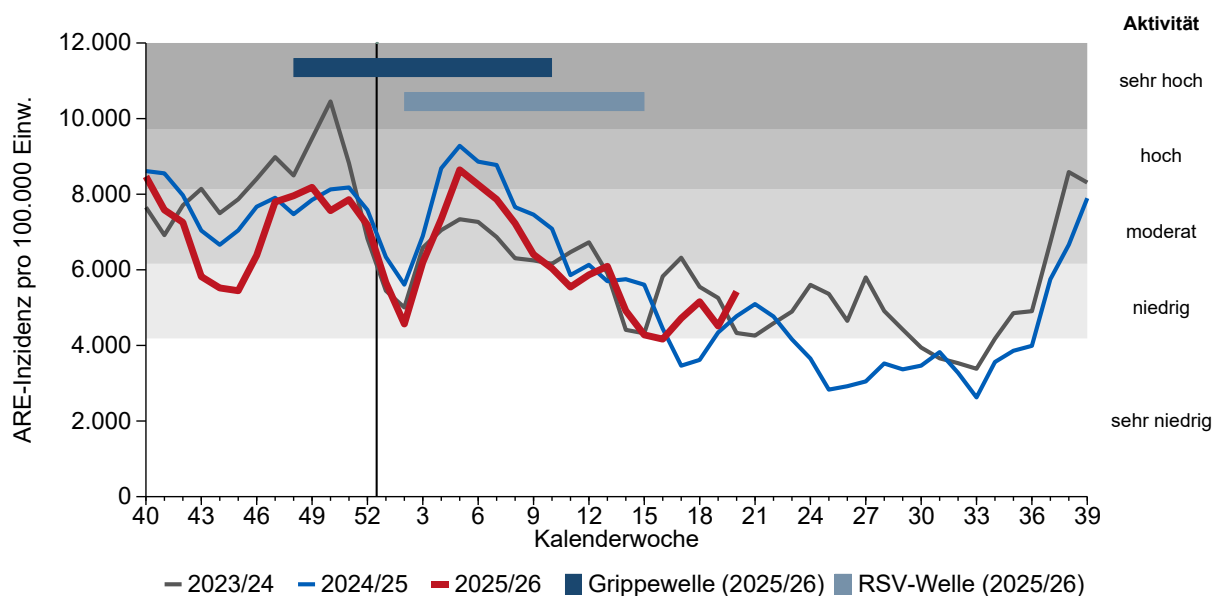


Abbildung 1: Wöchentliche geschätzte ARE-Inzidenz in Deutschland pro 100.000 Einw. in der Saison 2025/26 (rote Linie) sowie in den beiden Vorsaisons. Zudem werden die ARE-Aktivitätsbereiche in den verschiedenen Graustufen abgebildet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Saison 2025/26. Datenstand: 2.6.2026.

Bezogen auf die Bevölkerung wurden auf Basis der wöchentlichen Meldungen im Sommer 2025 (21. KW bis 39. KW 2025) insgesamt rund 66 Millionen neue Atemwegserkrankungen geschätzt, das sind etwa 0,7 ARE pro Person. Die Häufigkeit an Atemwegserkrankungen nimmt dabei mit zunehmendem Alter ab. So hatten Säuglinge und Kleinkinder (0 bis 4 Jahre) im Sommer mit durchschnittlich 1,8 ARE häufiger Atemwegserkrankungen als Erwachsene ab 60 Jahren (0,4 ARE; Abbildung 2A). Noch deutlicher wird dieser Unterschied in der Wintersaison (40. KW 2025 bis 20. KW 2026). Hier hatten Kleinkinder etwa 4,6 ARE und Erwachsene ab 60 Jahren 1,3 ARE (Abbildung 2B). Auf die Gesamtbevölkerung bezogen wurden insgesamt rund 180 Millionen neue Atemwegserkrankungen für die Wintersaison geschätzt. Das entspricht etwa 1,9 ARE pro Person.

Ein ähnliches Bild zeigt sich bei den grippeähnlichen Erkrankungen (ILI; Abbildung 3). In der Wintersaison wurde geschätzt, dass Kleinkinder etwa 1,8 ILI hatten, Erwachsene ab 60 Jahren hatten dagegen nur etwa 0,2 grippeähnliche Erkrankungen (Abbildung 3B).

Die Häufigkeit von ARE und ILI war in der Wintersaison 2025/26 im Vergleich mit den beiden Vorsaisons etwas niedriger (Abbildung 2, Abbildung 3).

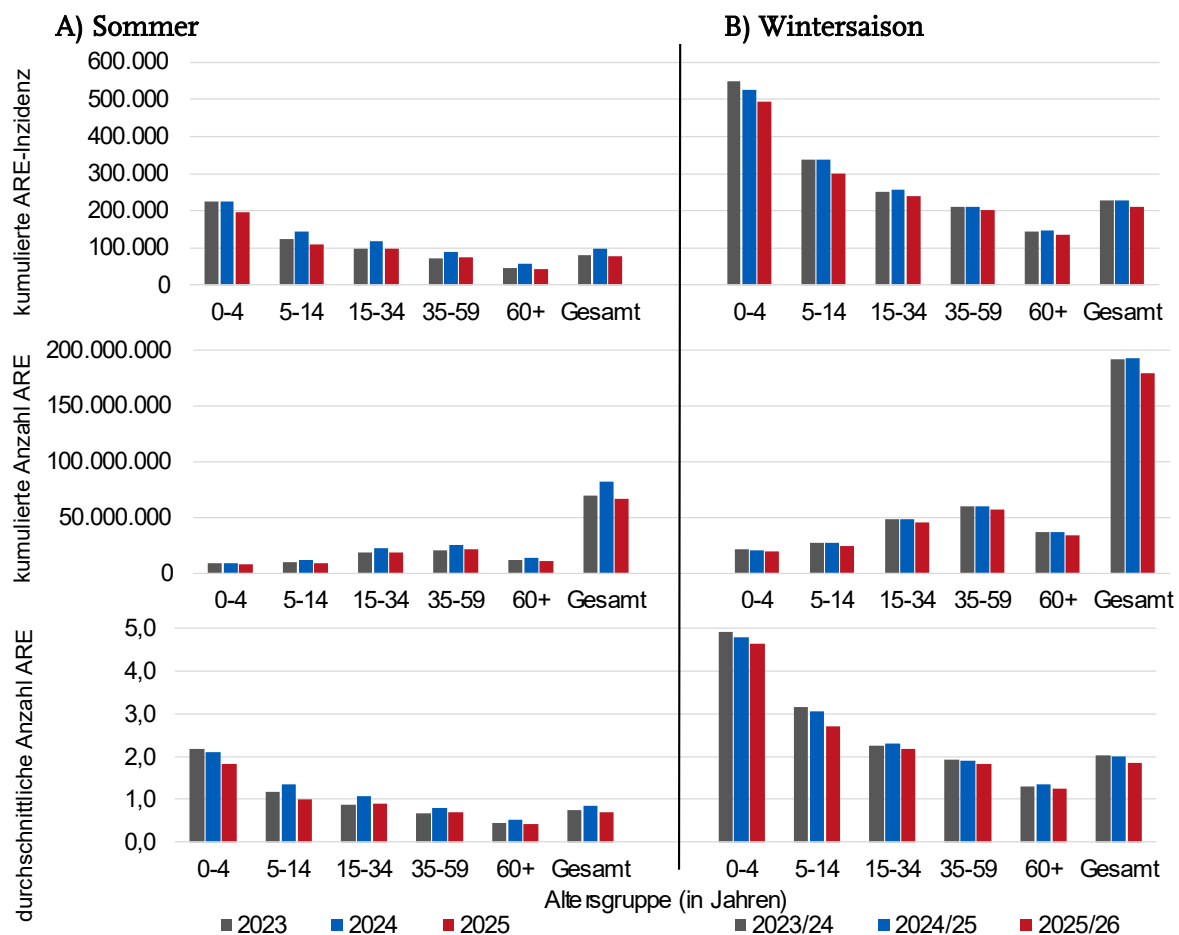


Abbildung 2: Geschätzte kumulierte ARE-Inzidenz, Anzahl an ARE-Erkrankungen sowie durchschnittliche Anzahl ARE nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Für die Berechnung der durchschnittlichen ARE pro Altersgruppe wurden nur GrippeWeb-Teilnehmende eingeschlossen, die an mindestens 90 % der Wochen im entsprechenden Zeitraum gemeldet haben.

Datenstand: 2.6.2026.

In der Wintersaison 2025/26 hatten Kleinkinder etwa 4,6 ARE und Erwachsenen ab 60 Jahren 1,3 ARE.

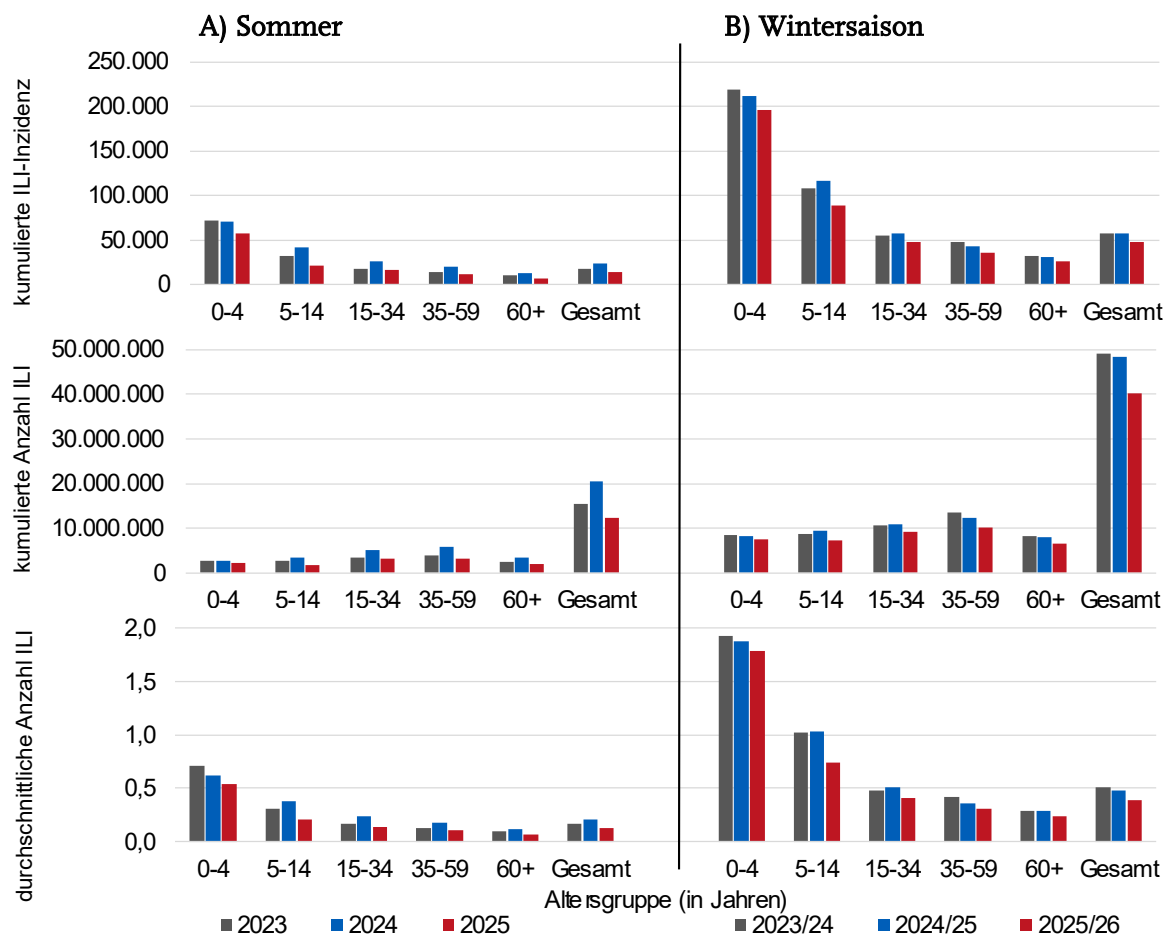


Abbildung 3: Geschätzte kumulierte ILI-Inzidenz, Anzahl an ILI-Erkrankungen sowie durchschnittliche Anzahl ILI nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Für die Berechnung der durchschnittlichen ILI pro Altersgruppe wurden nur GrippeWeb-Teilnehmende eingeschlossen, die an mindestens 90 % der Wochen im entsprechenden Zeitraum gemeldet haben. Datenstand: 2.6.2026.

Der Anteil der GrippeWeb-Teilnehmenden mit ARE, die einen Arztbesuch angaben, lag im Beobachtungszeitraum 2025/26 bei 15 %. Der Anteil unterschied sich jedoch deutlich nach Altersgruppe sowie nach Sommer- bzw. Wintersaison. Zudem variieren die Anteile auch über die Saisons hinweg (Abbildung 4). Im Sommer 2025 lagen die Anteile zwischen 7,5 % bei den 5- bis 14-Jährigen und 15 % bei den 35- bis 59-Jährigen. In der Wintersaison 2025/26 waren die Werte in allen Altersgruppen höher und reichten von 10 % bei den 5- bis 14-Jährigen bis 18 % bei den 35- bis 59-Jährigen. Insgesamt zeigte sich damit sowohl im Sommer als auch in der Wintersaison der niedrigste Anteil an Arztbesuchen bei Kindern und Jugendlichen im Alter von 5 bis 14 Jahren.

Im Vergleich der Zeiträume von 2023/24 bis 2025/26 nahm der Anteil der ARE-Erkrankungen mit Arztbesuch sowohl im Sommer als auch in der Wintersaison in den meisten Altersgruppen ab (Abbildung 4).

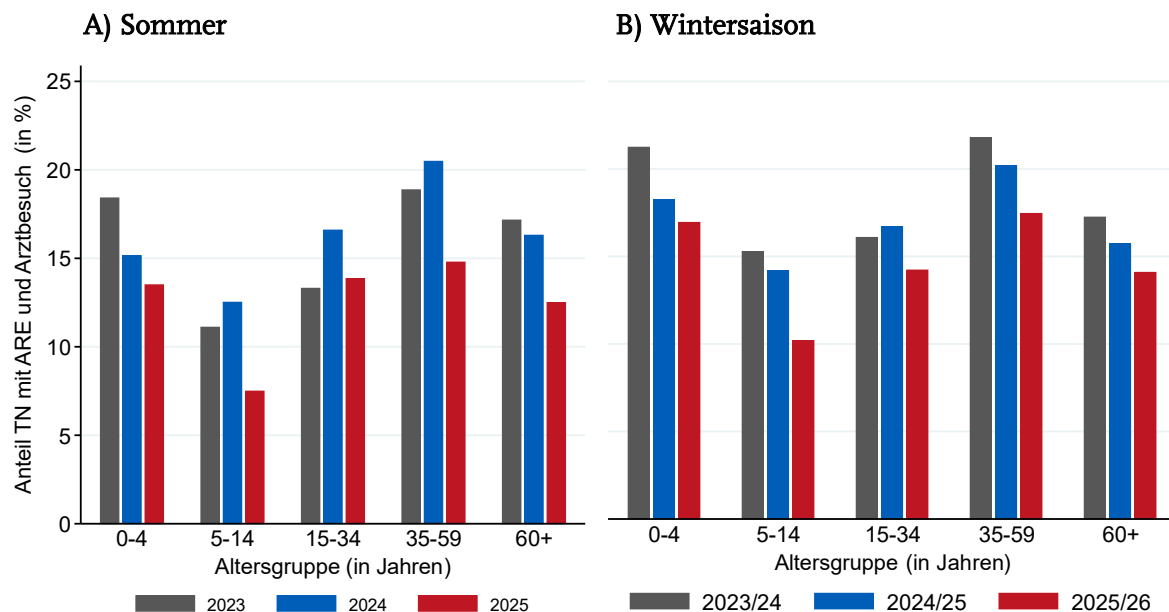


Abbildung 4: Anteil der GrippeWeb-Teilnehmenden (TN), die aufgrund ihrer ARE eine Arztpraxis aufgesucht haben, stratifiziert nach Altersgruppen und für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Datenstand: 2.6.2026.

Der Anteil der GrippeWeb-Teilnehmenden mit ARE, die einen Arztbesuch angaben, lag im Beobachtungszeitraum 2025/26 bei 15 %.

3.2.2 Virologisch-mikrobiologische Surveillance auf Bevölkerungsebene (GrippeWeb-Plus)

Autorinnen und Autoren: Ann-Sophie Lehfeld, Janine Michel, Kerstin Prahm, Udo Buchholz

Im Rahmen der virologisch-mikrobiologischen Surveillance GrippeWeb-Plus wurden im Zeitraum von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026 insgesamt 1.025 Proben eingeschickt, davon 402 (39 %) von Kindern und 623 (61 %) von Erwachsenen [3]. Der Anteil positiver Proben betrug insgesamt 77 %. Rhino-/Enteroviren wurden sowohl im Sommer 2025 als auch in der anschließenden Wintersaison mit großem Abstand am häufigsten (ca. 40–60%, je nach Altersgruppe und Zeitraum) nachgewiesen (Abbildung 5). Parainfluenzaviren (PIV), humane saisonale Coronaviren (hCoV) und Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) wurden ebenfalls relativ häufig in beiden betrachteten Zeiträumen nachgewiesen, kamen jedoch – je nach Altersgruppe – über einen Anteil von 10–20% nicht hinaus. In der Wintersaison 2025/26 wurden zudem insbesondere noch Influenzaviren und Respiratorische Synzytialviren

(RSV) detektiert (Abbildung 5B). Während auf Bevölkerungsebene in der Wintersaison häufiger SARS-CoV-2 als Influenzaviren und RSV nachgewiesen wurde, wurden im ambulanten Bereich Influenzaviren und im stationären Bereich Influenzaviren und RSV häufiger als SARS-CoV-2 detektiert (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance* und *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

In den letzten drei Saisons wurde zunächst jeweils im Frühsommer und Herbst eine vermehrte COVID-19-Aktivität beobachtet, bevor sich im Winter eine Grippe- bzw. RSV-Erkrankungswelle anschloss. SARS-CoV-2 wurde jeweils ab Jahresbeginn bis zum Frühjahr nur noch selten nachgewiesen und dann von hCoV „abgelöst“ (Abbildung 6). Die Grippewelle begann in der Wintersaison 2025/26 etwas früher als in der Vorsaison 2024/25. In allen drei Wintersaisons überlappten sich die Grippe- und RSV-Welle deutlich, während zeitgleich eine deutliche Aktivität von hCoV zu beobachten war. Die Aktivität von hCoV bildete sich auf Bevölkerungsebene deutlicher ab als im ambulanten Bereich (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*). Zeitgleich trugen Rhino-/Enteroviren weiterhin – wenn auch prozentual weniger als im Sommer und Herbst – zur ARE-Aktivität in den ersten Jahresmonaten bei. Im gesamten Beobachtungszeitraum 2025/26 konnten pro Woche durchschnittlich etwa 75 % der ARE durch einen der im Rahmen von GrippeWeb-Plus getesteten Atemwegserreger erklärt werden, die restlichen 25 % konnten keinem der untersuchten Atemwegserreger zugeschrieben werden (weiße Fläche unter der schwarzen Linie der ARE-Inzidenz; Abbildung 6).

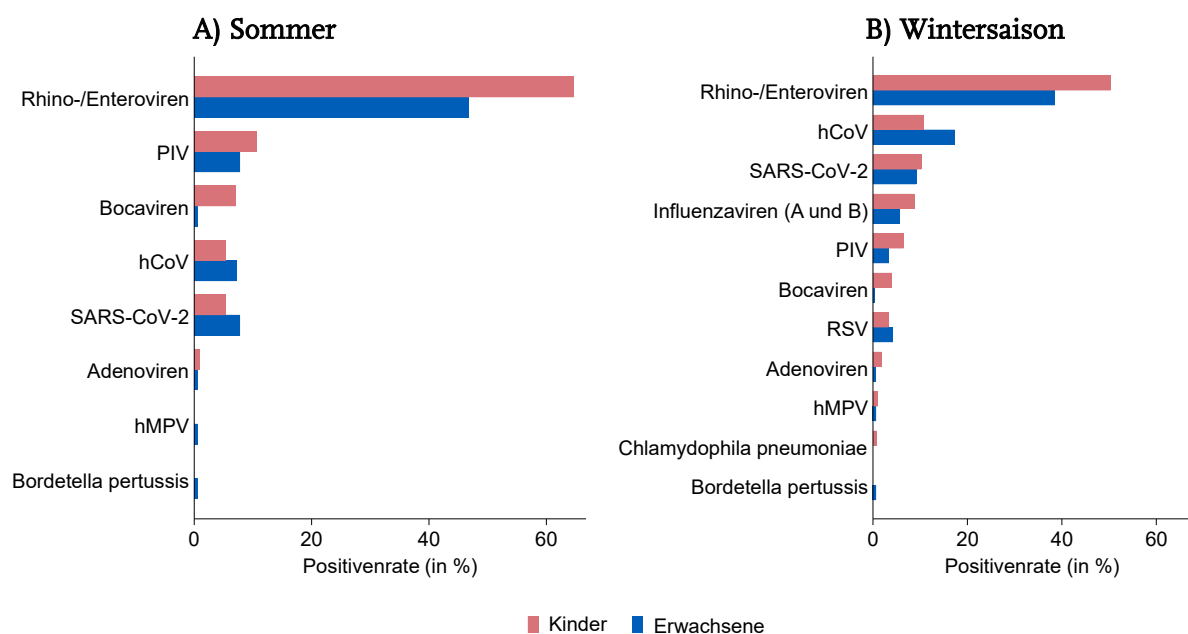


Abbildung 5: Positivenrate (in Prozent) der in den Zeiträumen A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) nachgewiesenen Atemwegserreger in GrippeWeb-Plus, stratifiziert nach Kindern (bis 14 Jahre) und Erwachsenen (ab 15 Jahre). Datenstand: 2.6.2026.

Rhino-/Enteroviren wurden sowohl im Sommer 2025 als auch in der Wintersaison 2025/26 am häufigsten auf Bevölkerungsebene nachgewiesen.

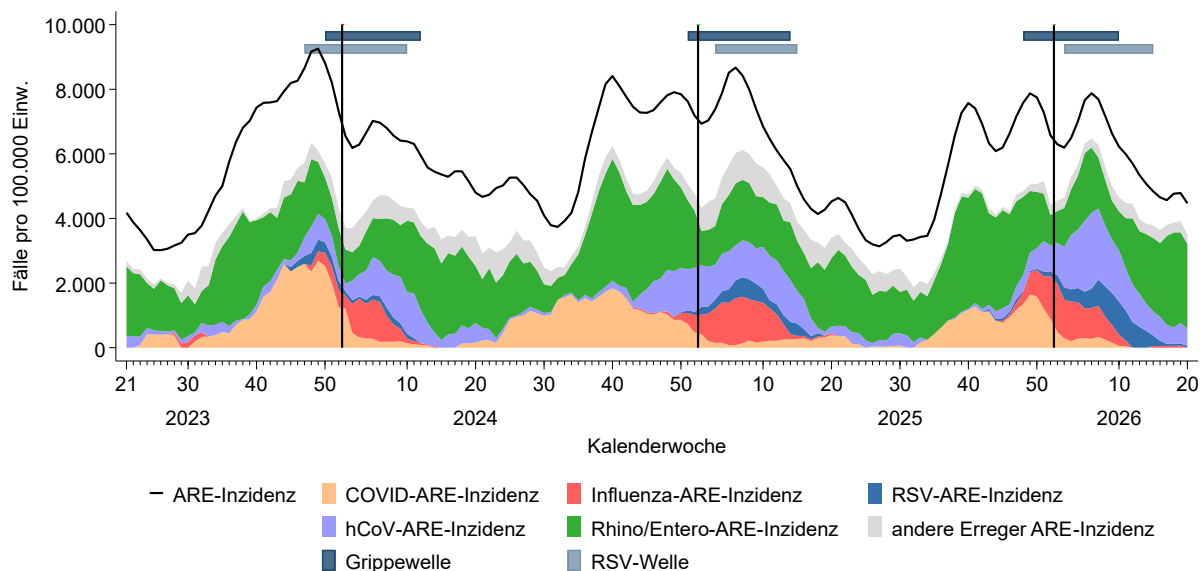


Abbildung 6: Geschätzte ARE-Inzidenz (Linie) sowie der jeweilige Anteil der verschiedenen Erreger (Auswahl), der den ARE zuzuschreiben ist (Flächen), von der 21. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Dargestellt ist ein über fünf Wochen geglätteter Wert. Als horizontale Balken ist der Zeitraum der Grippewelle (dunkelblau) und RSV-Welle (hellblau; nach RKI-Definition) eingezeichnet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt die Jahreswechsel. Datenstand: 2.6.2026.

3.3 Ambulanter Bereich

3.3.1 ARE-Praxis-Sentinel: syndromische Surveillance

Autorinnen und Autoren: Simon Krupka, Juliane Wunderlich, Kerstin Prahm, Ute Preuß, Kristin Tolksdorf

Im Zeitraum von der 21. Kalenderwoche (KW) 2025 bis zur 20. KW 2026 nahmen insgesamt knapp 780 Ärztinnen und Ärzte aus 560 Arztpraxen am ARE-Praxis-Sentinel des RKI teil. Davon übermittelten etwa 70 % (n = 403) der Praxen ihre syndromischen Daten über das SEED^{ARE}-Modul (Sentinel zur elektronischen Erfassung von Diagnosecodes akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE)) ihrer Praxissoftware und etwa 30 % (n = 157) über eine Online-Eingabemaske. Es waren vorwiegend allgemeinmedizinische Praxen beteiligt (Tabelle 2).

Tabelle 2: Anzahl der am ARE-Praxis-Sentinel des RKI teilnehmenden Ärztinnen und Ärzte sowie der Arztpraxen nach Fachrichtung und nach Datenübertragungsweg von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026. Datenstand: 2.6.2026.

	SEED ^{ARE} -Modul	Online-Eingabemaske
Ärztinnen und Ärzte	546	233
Arztpraxen gesamt	403	157
Allgemeinmedizinische Praxen	226	80
Internistische Praxen	76	12
Pädiatrische Praxen	76	50
Gemischte Praxen*	25	15

* Praxen mit Ärztinnen und Ärzten unterschiedlicher Fachrichtungen (z. B. Allgemeinmedizin und Innere Medizin)

Saisonverlauf

Im Herbst 2025 befand sich die ARE-Konsultationsinzidenz im ambulanten Bereich auf einem moderaten Aktivitätsniveau (Abbildung 7). Nach dem Jahreswechsel nahm die ARE-Konsultationsinzidenz zu und erreichte ihren Höchstwert in der 6. KW 2026 mit etwa 2.000 Arztbesuchen wegen ARE pro 100.000 Einwohnende. Dies entspricht ca. 1,7 Millionen ARE-Arztbesuchen in Deutschland in dieser Woche.

Zum Höhepunkt der ARE-Aktivität im Februar 2026 (während der Grippe- und RSV-Welle) lag die Konsultationsinzidenz lediglich zwei Wochen lang auf einem hohen Niveau und damit für einen deutlich kürzeren Zeitraum als in den beiden vorherigen Saisons [2]. In der Saison 2024/25 wurde für neun und während der Saison 2023/24 für sechs Wochen eine hohe Konsultationsinzidenz verzeichnet (Abbildung 7). Ab der 12. KW 2026 lag die ARE-Konsultationsinzidenz wieder in einem niedrigen bzw. sehr niedrigen Aktivitätsbereich.

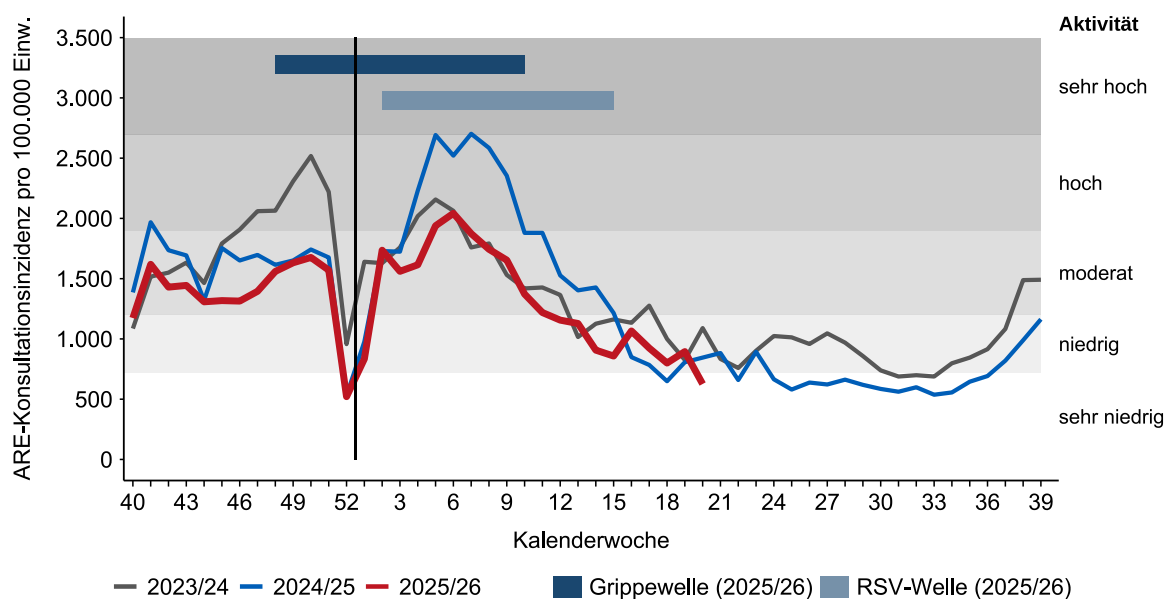


Abbildung 7: Wöchentliche geschätzte ARE-Konsultationsinzidenz in Deutschland pro 100.000 Einw. in der Saison 2025/26 (rote Linie) sowie in den beiden Vorsaisons. Zudem werden die ARE-Aktivitätsbereiche in den verschiedenen Graustufen abgebildet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Saison 2025/26. Datenstand: 2.6.2026.

Zum Höhepunkt der Grippewelle in der 6. KW 2026 gab es in Deutschland etwa 1,7 Millionen Arztbesuche wegen ARE.

Gesamtzahl ARE-Arztconsultationen im Saisonvergleich

Im Vergleich der Sommerzeiträume (jeweils 21. KW bis 39. KW der Jahre 2023, 2024 und 2025), die der jeweiligen Wintersaison (s.o.) vorangestellt sind, wies der Sommer 2025 mit elf Millionen geschätzten ARE-Erstconsultationen die geringste Gesamtzahl an Arztbesuchen wegen ARE auf. Im Sommer 2024 wurde die höchste Zahl an Arztbesuchen (ca. 15 Millionen) wegen ARE in allen Altersgruppen beobachtet. In den Altersgruppen ab 15 Jahren lagen die kumulierten Schätzwerte für die Sommer 2023 und 2025 mit jeweils rund acht Millionen hingegen auf annähernd gleichem Niveau (Abbildung 8A).

Für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026) lag die Gesamtzahl der geschätzten ARE-Erstconsultationen mit rund 37 Millionen unter den Werten der beiden Vorsaisons (jeweils knapp 44 Millionen, Rückgang von ca. 17 %). Auch in den meisten Altersgruppen lag die Anzahl der Arztbesuche wegen ARE in der Wintersaison 2025/26 unter den Werten der beiden Vorsaisons. Lediglich in der Altersgruppe ab 60 Jahren wurden für die Wintersaison 2023/24 und 2025/26 mit fünf Millionen ähnlich viele ARE-Erstconsultationen geschätzt (Abbildung 8B).

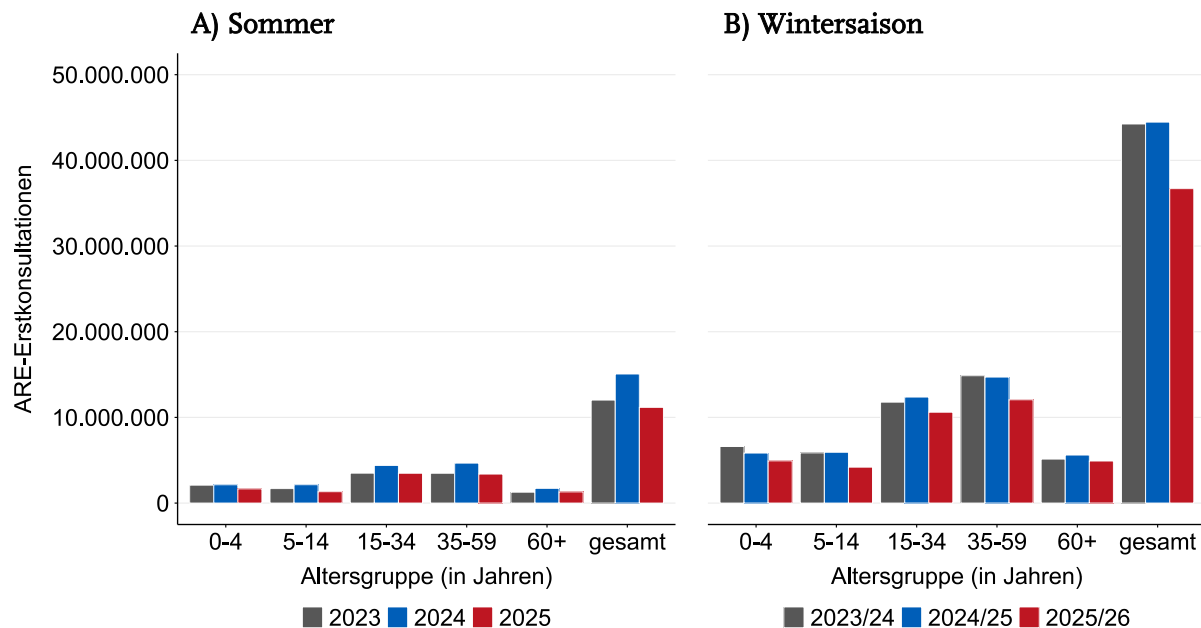


Abbildung 8: Geschätzte Anzahl der ARE-Erstkonsultationen nach Altersgruppen und gesamt für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Datenstand: 2.6.2026.

Verwendete Diagnosecodes bei ARE im SEED^{ARE}-System

Die fallbasierte Datenerfassung im SEED^{ARE}-System ermöglicht spezifische Auswertungen der ARE nach ICD-10-Codes (International Classification of Diseases, Revision 10) im ARE-Praxis-Sentinel. In Abbildung 9 ist die Altersverteilung der verschiedenen für ARE vergebenen Diagnosegruppen für den Sommer 2025 und für die Wintersaison 2025/26 dargestellt.

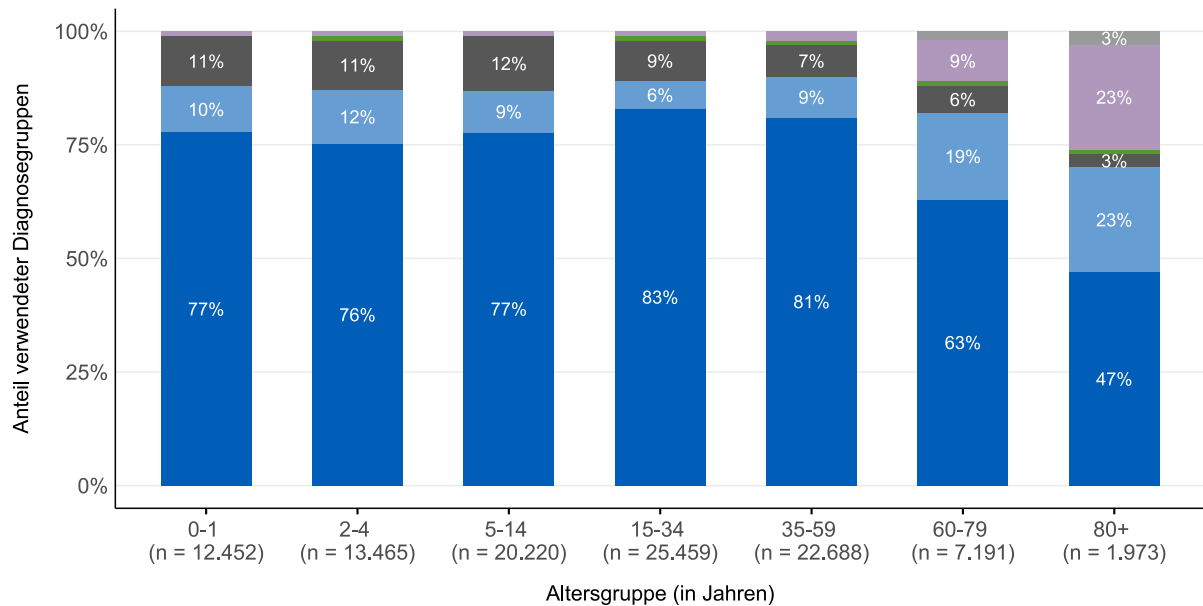
Infektionen der oberen Atemwege (ICD-10-Diagnosecodes in der Gruppe J00 – J06) wurden sowohl in der Wintersaison 2025/26 als auch im Sommerzeitraum 2025 in allen Altersgruppen mit Abstand am häufigsten diagnostiziert (Abbildung 9, dunkelblaue Säulen). Innerhalb der Gruppe der oberen Atemwegsinfektionen (J00 – J06) wurden Diagnosen der Kategorie J06 („Akute Infektionen an mehreren oder nicht näher bezeichneten Lokalisationen der oberen Atemwege“) mit Abstand am häufigsten vergeben (nicht dargestellt). Der Anteil von J06 an allen akuten Atemwegsinfektionen bewegte sich für den Sommerzeitraum 2025 zwischen 34 % (ab 80-Jährige) und 57 % (15- bis 34-Jährige), in der Wintersaison 2025/26 zwischen 36 % (ab 80-Jährige) und 59 % (35- bis 59-Jährige). Im Sommer 2025 wurde Grippe (mit oder ohne Virusnachweis, ICD-10-Diagnosecodes in der Gruppe J09 – J11) erwartungsgemäß kaum (insgesamt 0,8 %, davon 0,09 % J10) diagnostiziert (Abbildung 9, grüne Säulen), in der Wintersaison 2025/26 dagegen insgesamt deutlich häufiger, vor allem bei Kindern im Schulalter (5 bis 14 Jahre, ca. 6 %).

Infektionen der unteren Atemwege (J20 – J22; hellblaue Säule) und Pneumonien (J12 – J18; violette Säule) wurden sowohl im Sommer 2025 als auch in der Wintersaison 2025/26 am häufigsten bei den ab 60-Jährigen diagnostiziert. Der Anteil von Pneumonien an allen ARE-Diagnosen war bei den ab 60-Jährigen im Sommer 2025 etwas höher als in der Wintersaison 2025/26.

Die Diagnose B34.9 („Virusinfektion nicht näher bezeichnet“; Abbildung 9, dunkelgraue Säule) wurde in beiden Zeiträumen ähnlich häufig vergeben. In den Altersgruppen bis 59 Jahre

wurde diese Diagnose am zweit- oder dritthäufigsten vergeben, bei Kindern bis 14 Jahren lag der Anteil bei bis zu 12 %.

A) Sommer



B) Wintersaison

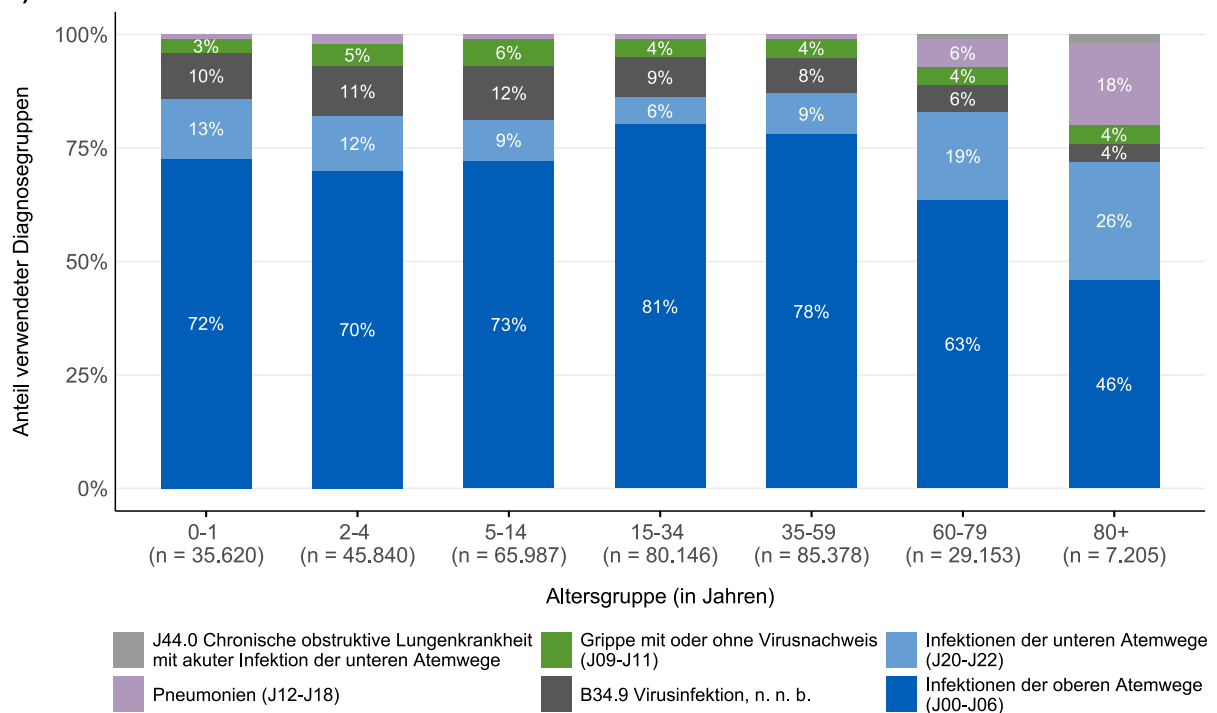


Abbildung 9: Altersverteilung der verwendeten Diagnosegruppen akuter Atemwegserkrankungen (ARE) für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die Auswertungen basieren auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit denen akute respiratorische Erkrankungen (ARE) anhand von ICD-10-Codes erhoben werden. Datenstand: 2.6.2026.

Die ICD-10-Codes J00-J06 für „Infektionen der oberen Atemwege“ wurden sowohl in der Wintersaison 2025/26 als auch im Sommer 2025 in allen Altersgruppen am weitaus häufigsten vergeben.

3.3.2 ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance

Autorinnen und Autoren: Annika Erdwiens, Ute Preuß, Irmgard Stroetmann, Janine Reiche, Barbara Biere, Susanne Duwe, Sophie Köndgen, Djin-Ye Oh, Marianne Wedde, Kristin Tolksdorf, Ralf Dürrwald

Im Bezugszeitraum von der 21. Kalenderwoche (KW) 2025 bis zur 20. KW 2026 (Sommerzeitraum: 21. KW bis 39. KW 2025; Wintersaison 2025/26: 40. KW 2025 bis 20. KW 2026) wurden im Rahmen der virologischen Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) insgesamt 4.596 Sentinelproben aus 117 Arztpraxen im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren (NRZI) untersucht. Die Anzahl eingesandter Proben pro KW variierte zwischen 30 Proben in der 31. KW 2025 im Sommerzeitraum und 191 Proben in der 50. KW 2025 in der Wintersaison während der Grippewelle. Im Durchschnitt wurden wöchentlich 88 Proben entnommen (Abbildung 10).

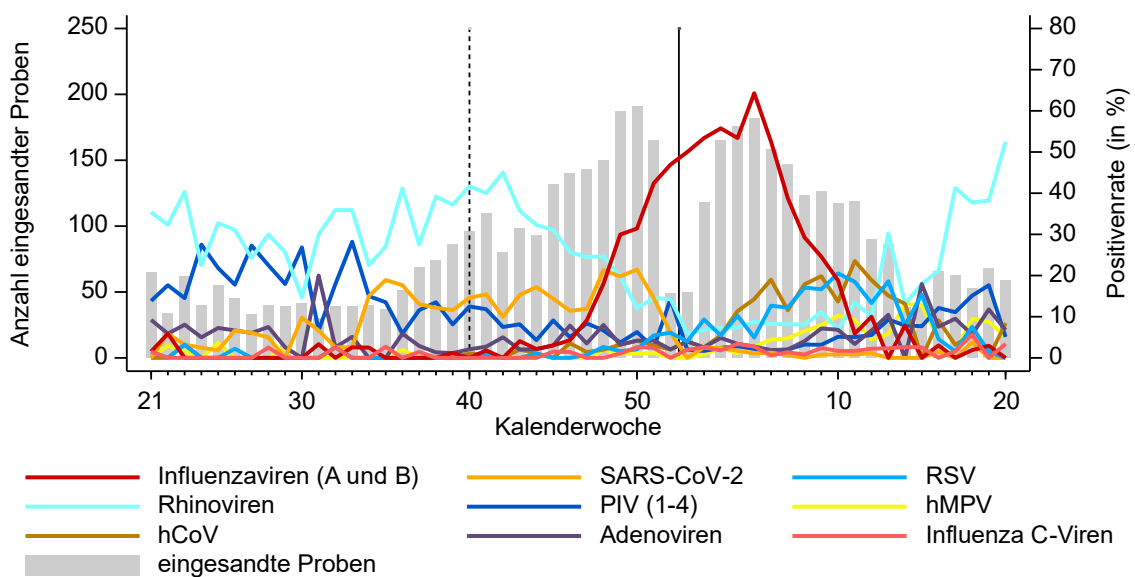


Abbildung 10: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026. Der gestrichelte, senkrechte Strich markiert den Übergang des Sommers (21. KW – 39. KW 2025) in die Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Datenstand: 2.6.2026.

Insgesamt wurden aus allen sechs Altersgruppen Proben eingesandt. Die meisten Proben stammten von Schulkindern im Alter von 5 bis 14 Jahren sowie von Erwachsenen zwischen 35 und 59 Jahren (jeweils 21 %; Tabelle 3). Der Altersdurchschnitt der ARE-Patientinnen und -Patienten lag bei 25 Jahren (Spanne 0-93 Jahre) und war damit deutlich niedriger als in der virologischen Surveillance schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI) (52 Jahre; siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

In insgesamt 3.115 der 4.596 eingesandten Proben (68 %) wurden respiratorische Viren identifiziert (Tabelle 3A, B). Die Positivenrate (PR) war damit im ambulanten Bereich im Vergleich zur virologischen SARI-Surveillance deutlich höher (stationärer Bereich: 42 %). In beiden Systemen zeigte sich eine höhere PR bei Kindern als bei Erwachsenen, vor allem in der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen in der Wintersaison 2025/26 (Tabelle 3). Es gab 381 Doppel-, 38 Dreifach- und 5 Vierfachinfektionen (8 %, 1 % sowie 0,1 % aller Proben mit Erregernachweisen), an denen zumeist Rhinoviren bzw. Adenoviren in Kombination mit anderen Viren des untersuchten Erregerpanels beteiligt waren. Die meisten Mehrfachinfektionen wurden bei den 0- bis 1-Jährigen nachgewiesen.

Tabelle 3: Anzahl eingesandter Proben und Proben mit Virusnachweis der untersuchten viralen Atemwegserreger in der virologischen Surveillance pro Altersgruppe und gesamt für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026.

A) Sommer

Altersgruppe (in Jahren)	0-1	2-4	5-14	15-34	35-59	60+	Gesamt
Anzahl eingesandter Proben	170	126	203	153	171	90	919*
Probenanzahl mit Virusnachweis							
Gesamt	106	86	104	81	98	44	524
Influenzaviren (A und B)	0	0	1	2	3	1	7
SARS-CoV-2	12	2	9	19	22	7	71
RSV	2	0	1	0	1	1	5
hMPV	0	1	2	0	1	2	6
PIV (1-4)	46	31	24	13	16	18	150
Rhinoviren	53	51	68	50	53	15	293
hCoV	0	1	0	0	1	1	3
Adenoviren	16	18	7	2	0	0	44
Influenza C-Viren	0	1	1	1	2	0	5

*n=6 ohne Altersangabe

B) Wintersaison

Altersgruppe (in Jahren)	0-1	2-4	5-14	15-34	35-59	60+	Gesamt
Anzahl eingesandter Proben	491	485	781	644	783	480	3.677*
Probenanzahl mit Virusnachweis							
Gesamt	415	401	568	403	502	293	2.591
Influenzaviren (A und B)	67	136	308	146	159	91	911
SARS-CoV-2	34	18	52	43	86	47	281
RSV	71	67	27	12	38	31	247
hMPV	28	30	15	13	13	14	114
PIV (1-4)	62	48	40	19	24	19	212
Rhinoviren	153	98	124	136	133	68	714
hCoV	39	36	43	56	77	32	284
Adenoviren	66	55	39	5	4	1	171
Influenza C-Viren	16	21	7	4	6	1	56

*n=13 ohne Altersangabe

SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; RSV = Respiratorische Synzitialviren; hMPV = humane Metapneumoviren; PIV = Parainfluenzaviren; hCoV = humane Coronaviren

Im Bezugszeitraum von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026 wurden in 918 eingesandten Proben (20 %) **Influenzaviren** detektiert (Tabelle 3). Im Sommerzeitraum wurden Influenzaviren nur in 1 % der Proben nachgewiesen. Eine verstärkte Zirkulation wurde dann in der Wintersaison 2025/26 beobachtet, hier wurden Influenzaviren in 25 % aller Proben detektiert. Ab der 47. KW kam es zu einem starken Anstieg der Influenzaviruszirkulation mit einem vergleichsweise frühen Beginn der Grippewelle bereits in der 48. KW 2025 (Abbildung 10; siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*). Der Höhepunkt der Grippewelle lag in der 5. KW 2026 mit einer PR von 64 %, entsprechend wurde bei etwa zwei Dritteln der wegen einer ARE ärztlich vorgestellten Personen Influenzaviren nachgewiesen. Die Grippewelle endete nach 15 Wochen mit der 10. KW 2026. Der letzte Influenzavirusnachweis im Beobachtungszeitraum wurde in der 19. KW 2026 verzeichnet.

Während der Wintersaison 2025/26 wurden in 25 % aller Proben im ambulanten Bereich Influenzaviren nachgewiesen.

Es wurden im Bezugszeitraum (Sommer und Wintersaison) 352 Proben (8 %) positiv auf **SARS-CoV-2** getestet (Tabelle 3). Nach ersten Nachweisen ab der 22. KW 2025 stieg die SARS-CoV-2-Zirkulation im Verlauf des Sommerzeitraums an und setzte sich in der Wintersaison 2025/26 fort, was auch in der virologisch-mikrobiologischen Surveillance auf Bevölkerungsebene (Grippe-Web-Plus) und der virologischen SARI-Surveillance beobachtet wurde (Abbildung 10; siehe *Virologisch-mikrobiologische Surveillance auf Bevölkerungsebene (GrippeWeb-Plus) und SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*). Im Zeitraum von der 34. bis zur 51. KW 2025 schwankte die SARS-CoV-2-PR beständig um die 20 %, ein deutlicher Höhepunkt der SARS-CoV-2-Zirkulation zeigte sich dabei nicht. Nach dem Jahreswechsel nahm die SARS-CoV-2-Zirkulation dann wieder ab. Zu Beginn des Jahres 2026 bis zur 20. KW 2026 wurde SARS-CoV-2 nur noch vereinzelt nachgewiesen.

RSV wurde in 5 % (n = 252) aller untersuchten Proben nachgewiesen, bei den 0- bis 4-Jährigen lag die PR hingegen bei 11 % (Tabelle 3). Die ersten sporadischen RSV-Nachweise erfolgten in der 21. KW 2025. Im Sommer 2025 wurde RSV insgesamt nur in 1 % der Proben nachgewiesen. Eine zunehmende RSV-Zirkulation wurde in der Wintersaison 2025/26 ab der 51. KW 2025 beobachtet, insgesamt wurden in der Wintersaison in 7 % der Proben RSV detektiert (Abbildung 10). Die RSV-Welle begann kurz nach dem Jahreswechsel mit der 2. KW 2026, in der 10. KW 2026 erreichte die PR mit 21 % ihren höchsten Wert. Die RSV-Welle endete nach 14 Wochen mit der 15. KW 2026. Der letzte RSV-Nachweis im Beobachtungszeitraum wurde in der 19. KW 2026 verzeichnet.

Rhinoviren waren wie in der virologischen SARI-Surveillance mit 1.007 positiven Proben (22 %) die häufigsten nachgewiesenen respiratorischen Erreger (Tabelle 3, Abbildung 10). Sie wurden sowohl im Sommer 2025 (bei 32 % der Proben) als auch in der Wintersaison 2025/26 außerhalb der Grippewelle (19 % der Proben in der Wintersaison) detektiert. Im ambulanten Bereich war dieses Muster stärker ausgeprägt als in der virologischen SARI-Surveillance, da außerhalb der Grippewelle deutlich mehr Rhinoviren als im stationären Bereich nachgewiesen wurden. Obwohl Rhinoviren meist mit milden Erkrankungen in Verbindung gebracht werden, können sie auch die unteren Atemwege infizieren und dadurch schwere Krankheitsverläufe verursachen [7, 8] (Abbildung 10; siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

Parainfluenzaviren (PIV) wurden in 362 Proben (8 %) nachgewiesen und zirkulierten überwiegend im Sommer 2025 (16 % der Proben) sowie nach dem Ende der Grippewelle, somit deutlich seltener während der Wintersaison (6 % der Proben). **Humane saisonale Coronaviren (hCoV)** wurden in 287 der 4.596 untersuchten Proben (6 %) nachgewiesen und zirkulierten überwiegend in der Wintersaison 2025/26 (<1 % im Sommer, 8 % in der Wintersaison). **Adenoviren** wurden in 215 Proben (5 %) detektiert und zeigten eine Zirkulation sowohl im Sommer als auch in der Wintersaison 2025/26 (jeweils 5 % der Proben im jeweiligen Zeitraum), mit Schwerpunkten zu Beginn des Sommers und gegen Ende der Wintersaison. **Humane Metapneumoviren (hMPV)** wurden in 120 Proben (3 %) nachgewiesen und zeigten eine Häufung am Ende der Wintersaison 2025/26. **Influenza C-Viren** wurden nur in 61 Proben (1 %) detektiert und traten vereinzelt vor allem zu Jahresbeginn 2026 in der Wintersaison 2025/26 auf (Abbildung 10). Der saisonale Verlauf dieser Erregerwellen zeigte sich auch in der virologischen SARI-Surveillance (siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

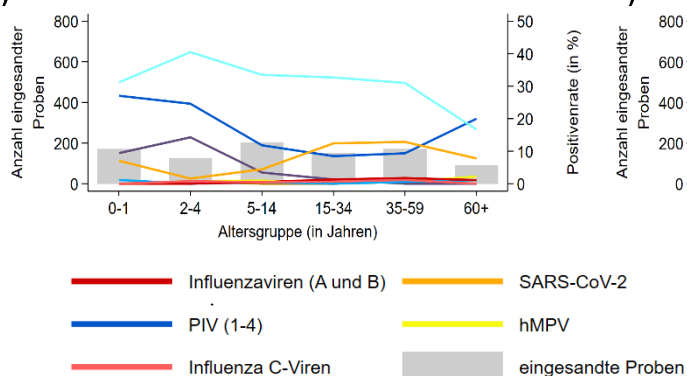
Im Sommer 2025 wurden Rhinoviren in fast allen Altersgruppen am häufigsten nachgewiesen, insbesondere bei Kindern im Alter von 2 bis 4 Jahren. PIV und Adenoviren wurden ebenfalls häufig bei den 0- bis 4-Jährigen detektiert, während SARS-CoV-2 vor allem in

den Altersgruppen der 15- bis 59-Jährigen und kaum bei den 2- bis 4-Jährigen nachgewiesen wurden. Influenza A- und B-Viren sowie RSV traten in dem Zeitraum nur selten auf (Abbildung 11A, Tabelle 3A). Die Erregerspektren in den einzelnen Altersgruppen ähnelten weitestgehend denen der virologischen SARI-Surveillance (siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

Rhinoviren waren außerhalb der Grippewelle die am häufigsten nachgewiesenen Atemwegsviren.

In der Wintersaison 2025/26 wurden Influenza A- und B-Viren in fast allen Altersgruppen am häufigsten nachgewiesen. Ihr Anteil war bei Schulkindern im Alter von 5 bis 14 Jahren besonders hoch. Rhinoviren wurden in allen Altersgruppen ebenfalls häufig nachgewiesen. RSV wurden vor allem bei den 0- bis 4-Jährigen detektiert, wurde jedoch auch in den älteren Altersgruppen nachgewiesen. SARS-CoV-2 zirkulierten in allen Altersgruppen, jedoch häufiger bei den ab 35-Jährigen (Abbildung 11B, Tabelle 3B). Auch in diesem Zeitraum zeigte sich in den einzelnen Altersgruppen eine weitestgehende Übereinstimmung der Erregerspektren zwischen der virologischen ARE- und SARI-Surveillance. Jedoch wurden im stationären Bereich Influenzaviren besonders häufig bei den 15- bis 34-Jährigen sowie den ab 80-Jährigen nachgewiesen, zudem wurde RSV im stationären Bereich häufig auch bei Personen ab 80 Jahren detektiert (siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

A) Sommer



B) Wintersaison

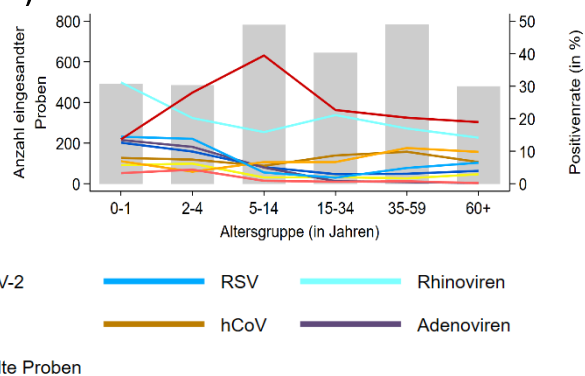


Abbildung 11: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) pro Altersgruppe für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026.

3.4 Stationärer Bereich

3.4.1 SARI-Krankenhaus-Sentinel: syndromische Surveillance

Autorinnen und Autoren: Doreen Staat, Tamar Gvaladze, Ekkehard Schuler, Kristin Tolksdorf

Die syndromische Surveillance schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI) im stationären Bereich erfolgt durch das ICD-10-Code-basierte SARI-Krankenhaus-Sentinel.

SARI-Hospitalisierungsinzidenz

Im stationären Bereich wurde zu Beginn der Saison 2025/26 zunächst eine SARI-Hospitalisierungsinzidenz auf konstant niedrigem Aktivitätsniveau erfasst, die Werte lagen vorerst unter denen der beiden Vorsaisons in diesem Zeitraum (Abbildung 12). Kurz nach Beginn der Grippewelle (48. Kalenderwoche (KW) 2025) nahm die Hospitalisierungsinzidenz aufgrund von SARI seit der 49. KW 2025 kontinuierlich zu und erreichte zum Jahreswechsel kurzzeitig ein hohes Niveau. Nach einem temporären Rückgang kam es erneut zu einem Anstieg der SARI-Fallzahlen. Der Höhepunkt der Saison 2025/26 wurde im hohen Aktivitätsniveau in der 6. KW 2026 mit 29 SARI-Hospitalisierungen pro 100.000 Einwohner erreicht, dies entspricht allein in dieser Woche einer Gesamtzahl von rund 23.000 Hospitalisierungen in Deutschland aufgrund von SARI.

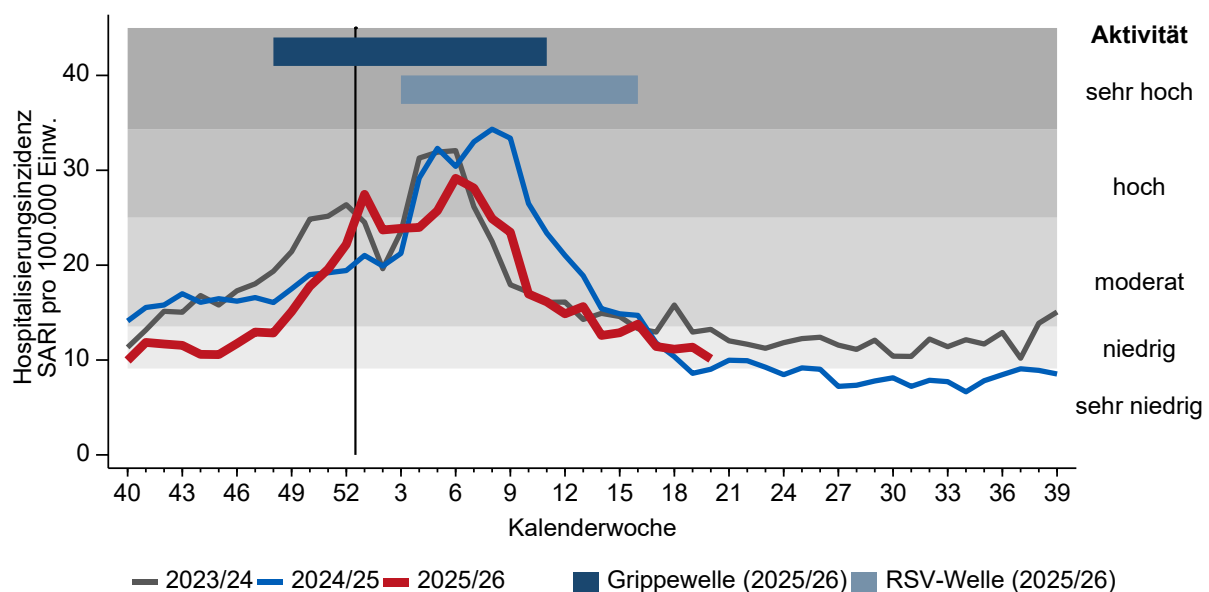


Abbildung 12: Wöchentliche geschätzte SARI-Hospitalisierungsinzidenz in Deutschland pro 100.000 Einw. in der Saison 2025/26 (rote Linie) sowie in den beiden Vorsaisons. Zudem werden die SARI-Aktivitätsbereiche in den verschiedenen Graustufen abgebildet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Saison 2025/26. Daten aus 63 Sentinelkliniken. Datenstand: 2.6.2026.

Insgesamt lag die SARI-Hospitalisierungsinzidenz während der Grippewelle 2025/26 für vier Wochen auf einem hohen Niveau (Abbildung 12). Im Vergleich dazu wurden in den beiden Vorsaisons während der Grippewelle höhere Maximalwerte für die Hospitalisierungsinzidenz

erreicht und dies auch über eine längere Zeitspanne: In der Saison 2023/24 kam es insgesamt sechs Wochen zu einer hohen ARE/SARI-Aktivitätsbereiche (Schwellenwerte) und in der Saison 2024/25 insgesamt sechs Wochen zu einer hohen und eine Woche zu einer knapp sehr hohen Aktivität (Abbildung 12). In der Saison 2025/26 lag die SARI-Hospitalisierungsinzidenz seit der 14. KW 2026 fast durchgehend wieder auf einem niedrigen Niveau.

Krankheitslast

Im Sommer 2025 wurden insgesamt rund 123.000 und in der Wintersaison 2025/26 rund 429.000 SARI-Fälle stationär behandelt (inklusive mehrfach hospitalisierter Patientinnen und Patienten; Tabelle 4). Die Daten aus den 63 Sentinelkliniken wurden hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland.

Sowohl im Sommer 2025 als auch in der Wintersaison 2025/26 wurden geringere SARI-Fallzahlen im Vergleich zur Vorsaison beobachtet.

Tabelle 4: Geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle, sowie Anteil der SARI-Fälle mit intensivmedizinischer Behandlung und Anteil an verstorbenen SARI-Fällen im SARI-Krankenhaus-Sentinel; jeweils nach Altersgruppe sowie für die Zeiträume Sommer (21. KW – 39. KW 2025, 19 Wochen) und Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026, 33 Wochen). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.

Alters- gruppe (in Jahren)	Geschätzte Anzahl SARI-Fälle in Deutschland		Anteil SARI-Fälle mit intensivmedizinischer Behandlung		Anteil verstorbene SARI-Fälle	
	Sommer	Wintersaison	Sommer	Wintersaison	Sommer	Wintersaison
0 – 4	12.000	63.000	6,7 %	4,7 %	0,3 %	0,1 %
5 – 14	4.200	20.000	5,8 %	4,9 %	<0,1 %	<0,1 %
15 – 34	5.100	17.000	13 %	9,2 %	<0,1 %	0,1 %
35 – 59	15.000	45.000	12 %	14 %	0,9 %	1,4 %
60 – 79	42.000	133.000	18 %	16 %	4,7 %	5,2 %
≥ 80	44.000	151.000	9,3 %	9,8 %	7,6 %	10 %
Gesamt	123.000	429.000	12 %	11 %	4,5 %	5,3 %

Im Sommer 2025 waren in Deutschland hauptsächlich Patientinnen und Patienten ab 60 Jahren von einer SARI betroffen (Abbildung 13A, Tabelle 4). In der Wintersaison 2025/26 wiesen die ab 60-Jährigen ebenfalls die mit Abstand höchsten SARI-Fallzahlen auf (Abbildung 13B, Tabelle 4), gefolgt von den unter 5-Jährigen. In allen Altersgruppen wurden sowohl im Sommer 2025 als auch in der Wintersaison 2025/26 vergleichbare oder geringere Fallzahlen als in den beiden Vorsaisons beobachtet (Abbildung 13). Ungewöhnlich hohe SARI-Fallzahlen einzelner Altersgruppen wie in der vergangenen Wintersaison 2024/25 zeigten sich in der Wintersaison 2025/26 nicht [5].

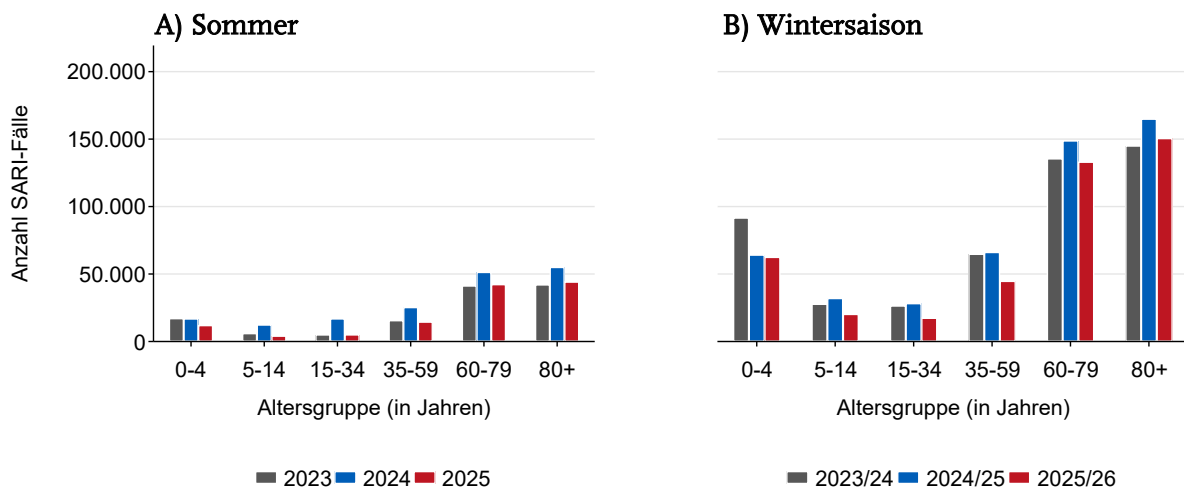
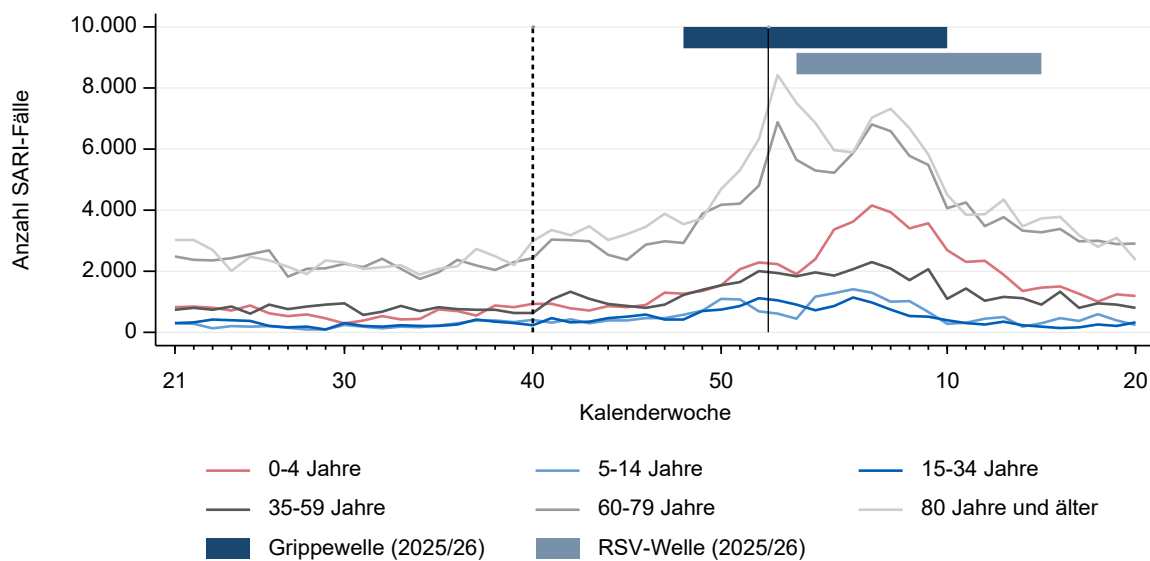


Abbildung 13: Geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW; je 19 Wochen) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres; je 33 Wochen). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.

In der Wintersaison 2025/26 zeigte sich ein ungewöhnlich früher Anstieg der Hospitalisierungen aufgrund von SARI.

In der vorherigen Wintersaison 2024/25 wurden die höchsten wöchentlichen SARI-Fallzahlen in allen Altersgruppen relativ zeitgleich zwischen der 5. und 9. KW 2025 beobachtet [5]. Im Gegensatz dazu kam es in dieser Wintersaison 2025/26 bereits vor dem Jahreswechsel (ab der 49. bzw. 50. KW 2025) bei den ab 60-Jährigen zu einem ungewöhnlich frühen Anstieg der Hospitalisierungen aufgrund von SARI, mit einem ersten Höhepunkt der SARI-Inzidenz in der 1. KW 2026 sowie nachfolgend einem zweiten Höhepunkt in der 6. bzw. 7. KW 2026 (Abbildung 14A). Ein ähnlich frühzeitiger Anstieg war ebenfalls bei den 5- bis 59-Jährigen zu beobachten, wenngleich weniger deutlich. Bei den Säuglingen und Kleinkindern (0 bis 4 Jahre) kam es hingegen erst in den Wochen nach dem Jahreswechsel zu einem merklichen Anstieg der SARI-Fallzahlen. Ab der 7. bzw. 8. KW 2026 ging dann in allen Altersgruppen die Zahl Hospitalisierungen wegen SARI kontinuierlich zurück. In allen Altersgruppen zeigte sich über den gesamten Sommer 2025 hinweg die im Jahresverlauf geringste SARI-Inzidenz.

A)



B)

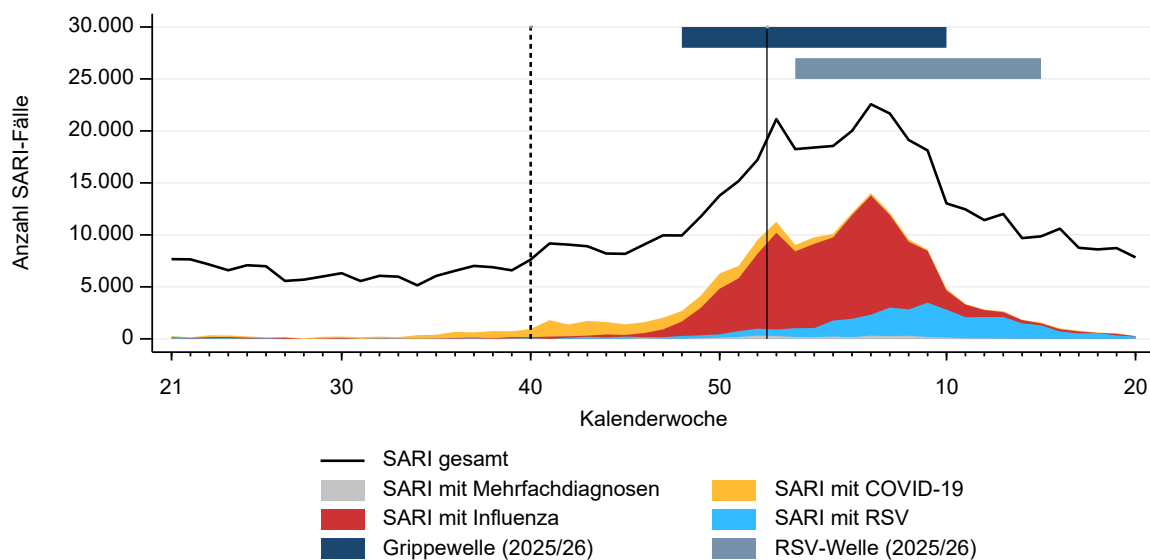


Abbildung 14: A) Wöchentliche geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle nach Altersgruppen, sowie B) Wöchentliche geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle, kumuliert nach krankheitsspezifischen Diagnosen (COVID-19-Diagnose: ICD-10-Code U07.1!, Influenza-Diagnose: ICD-10-Code J10, RSV-Diagnose: ICD-10 Codes J12.1, J20.5, J21.0), sowie Mehrfachdiagnosen (zwei oder mehr dieser Diagnosen) und SARI-Gesamtzahl (schwarze Linie); 21. KW 2025 – 20. KW 2026. Der gestrichelte, senkrechte Strich markiert den Übergang des Sommers (21. KW – 39. KW 2025, 19 Wochen) in die Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026, 33 Wochen). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Wintersaison 2025/26. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.

Krankheitsspezifische Analyse

Nach stabil niedrigen SARI-Fallzahlen im Sommer 2025 kam es im Spätsommer 2025 sowie im darauffolgenden Herbst zu Beginn der Wintersaison 2025/26 zu einem leichten Anstieg der SARI-Fallzahlen, hauptsächlich in den Altersgruppen ab 60 Jahren (Abbildung 14A). Damit einhergehend stieg auch die Zahl der SARI-Fälle, die eine COVID-19-Diagnose erhalten hatten auf einen Anteil von bis zu 18 % in der 41. KW 2025 (Abbildung 14B). Seit der 49. KW 2025 erhielten SARI-Fälle jedoch vorwiegend Influenza-Diagnosen, und ab dem Jahreswechsel nur noch vereinzelt COVID-19-Diagnosen. Der deutliche Anstieg der SARI-Fälle mit diagnostizierter Influenza-Erkrankung (Abbildung 14B, rote Fläche), zunächst zum Jahreswechsel sowie später im Verlauf des Januars und Februars auf einen wöchentlichen Anteil von bis zu 52 % (6. KW 2026), prägte den Verlauf der SARI-Fallzahlen (schwarze Linie) während der Wintersaison. Die Grippewelle der Wintersaison 2025/26 (48. KW 2025 bis 10. KW 2026) begann in Deutschland etwas früher als in den Vorsaisons (siehe *Influenzavirus-Erkrankungen*; Abbildung 25). Etwas zeitverzögert zur Zunahme der Influenza-Erkrankungen unter den SARI-Fällen kam es nach dem Jahreswechsel zwischen der 4. und der 15. KW 2026 auch vermehrt zu RSV-Diagnosen bei den SARI-Patientinnen und -Patienten, wenngleich in deutlich geringerem Umfang. SARI-Fälle mit Mehrfachinfektionen (Influenza-, COVID-19-, RSV-Diagnose) machten nur einen äußerst geringen Anteil aus.

Krankheitsschwere

Bei besonders schweren SARI-Verläufen kann eine intensivmedizinische Behandlung erforderlich werden [9, 10]. Im Sommer 2025 und in der Wintersaison 2025/26 musste im Sentinel ein ähnlich hoher Anteil der SARI-Patientinnen und -Patienten intensivmedizinisch betreut werden (12 % bzw. 11 %; Tabelle 4). Auch in den beiden vorhergehenden Wintersaisons 2023/24 und 2024/25 wurden jeweils rund 11 % der SARI-Fälle intensivmedizinisch behandelt [4, 5]. Bei Betrachtung der verschiedenen Altersgruppen zeigten sich jedoch Unterschiede, so erhielten SARI-Patientinnen und -Patienten zwischen 35 und 79 Jahren bzw. im Sommer 2025 zwischen 15 und 79 Jahren mit mind. 10 % deutlich häufiger eine intensivmedizinische Behandlung als Säuglinge, Kinder bzw. ab 80-Jährige. Wie bereits in den beiden Vorjahren mussten auch in der Wintersaison 2025/26 am häufigsten SARI-Patientinnen und -Patienten im Alter von 60 bis 79 Jahren, gefolgt von den 35- bis 59-Jährigen intensivmedizinisch behandelt werden (Tabelle 4) [4, 5].

Wie in den beiden vorherigen Wintersaisons verstarben im Sentinel etwa 5 % der SARI-Fälle aufgrund ihrer SARI, am häufigsten SARI-Patientinnen und -Patienten ab einem Alter von 80 Jahren (Tabelle 4) [5].

3.4.2 SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance

Autorinnen und Autoren: Annika Erdwiens, Ute Preuß, Irmgard Stroetmann, Janine Reiche, Barbara Biere, Susanne Duwe, Sophie Köndgen, Djin-Ye Oh, Marianne Wedde, Kristin Tolksdorf, Ralf Dürrwald

Im Bezugszeitraum von der 21. Kalenderwoche (KW) 2025 bis zur 20. KW 2026 (Sommerzeitraum: 21. KW bis 39. KW 2025; Wintersaison 2025/26: 40. KW 2025 bis 20. KW 2026) wurden im Rahmen der virologischen Surveillance schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI) insgesamt 1.814 Sentinelproben aus 14 Krankenhäusern im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren (NRZI) untersucht. Die Anzahl eingesandter Proben pro KW variierte zwischen 10 Proben in der 37. KW 2025 und 69 Proben in der 7. KW 2026 während der Grippewelle. Im Durchschnitt wurden wöchentlich 35 Proben entnommen (Abbildung 15).

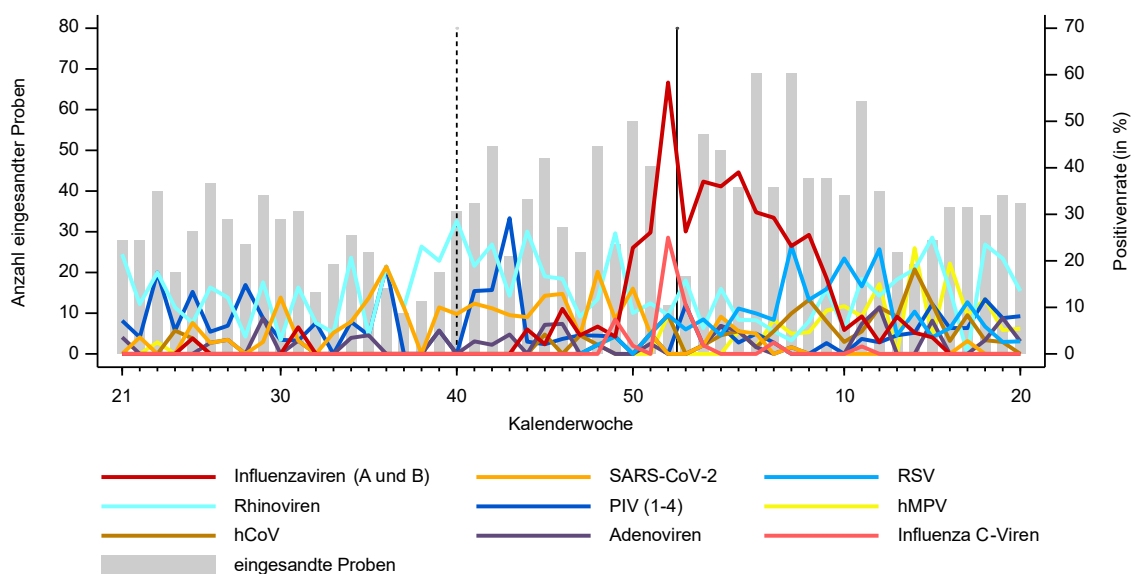


Abbildung 15: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026. Der gestrichelte, senkrechte Strich markiert den Übergang des Sommers (21. KW – 39. KW 2025) in die Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Datenstand: 2.6.2026.

Insgesamt wurden aus allen sieben Altersgruppen Proben eingesandt. Die meisten Proben stammten von Personen zwischen 60 und 79 Jahren (37 %; Tabelle 5). Der Altersdurchschnitt der SARI-Patientinnen und -Patienten lag bei 52 Jahren (Spanne 0 bis 100 Jahre) und war damit deutlich höher als in der virologischen ARE-Surveillance (25 Jahre; siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*).

In insgesamt 765 der 1.814 eingesandten Proben (42 %) wurden respiratorische Viren identifiziert (Tabelle 5). Die Positivensrate (PR) war damit im stationären Bereich im Vergleich zur virologischen ARE-Surveillance deutlich niedriger (ambulanter Bereich: 68 %). In beiden

Systemen zeigte sich eine höhere PR bei Kindern als bei Erwachsenen, vor allem bei den 0- bis 4-jährigen in der Wintersaison 2025/26 (Tabelle 5). Es gab 76 Doppel- und 10 Dreifachinfektionen (4 % sowie 0,6 % aller Proben mit Erregernachweisen), an denen zumeist Rhinoviren bzw. Respiratorische Synzytialviren (RSV) in Kombination mit anderen Viren des untersuchten Erregerpanels beteiligt waren. Die meisten Mehrfachinfektionen wurden wie im ambulanten Bereich bei den 0- bis 1-jährigen nachgewiesen.

Tabelle 5: Anzahl eingesandter Proben und Proben mit Virusnachweis der untersuchten viralen Atemwegserreger in der virologischen Surveillance pro Altersgruppe und gesamt für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026.

A) Sommer

Altersgruppe (in Jahren)	0-1	2-4	5-14	15-34	35-59	60-79	80+	Gesamt
Anzahl eingesandter Proben	48	19	21	22	67	201	117	505*
Probenanzahl mit Virusnachweis								
Gesamt	26	11	12	8	14	22	31	129
Influenzaviren (A und B)	0	0	0	1	0	2	0	3
SARS-CoV-2	6	0	2	2	5	3	5	23
RSV	0	0	0	0	0	0	0	0
hMPV	0	0	0	0	0	0	1	1
PIV (1-4)	5	3	4	2	2	6	13	36
Rhinoviren	14	6	8	3	6	11	11	63
hCoV	1	0	0	0	1	0	0	2
Adenoviren	4	3	1	0	0	0	1	10
Influenza C-Viren	0	0	0	0	0	0	0	0

*n=10 ohne Altersangabe

B) Wintersaison

Altersgruppe (in Jahren)	0-1	2-4	5-14	15-34	35-59	60-79	80+	Gesamt
Anzahl eingesandter Proben	211	93	69	65	116	462	285	1.309*
Probenanzahl mit Virusnachweis								
Gesamt	162	68	34	36	50	154	129	636
Influenzaviren (A und B)	21	12	6	19	14	51	58	181
SARS-CoV-2	8	0	2	5	3	23	20	61
RSV	39	16	0	0	5	12	20	92
hMPV	20	6	3	1	6	12	9	57
PIV (1-4)	20	1	5	1	6	14	14	62
Rhinoviren	65	30	16	8	12	32	8	173
hCoV	14	5	5	3	4	14	5	52
Adenoviren	19	9	1	0	2	0	2	33
Influenza C-Viren	6	1	1	1	1	0	1	11

*n=8 ohne Altersangabe

SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; RSV = Respiratorische Synzitialviren; hMPV = humane Metapneumoviren; PIV = Parainfluenzaviren; hCoV = humane Coronaviren

Im Bezugszeitraum von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026 wurden in 184 eingesandten Proben (10 %) **Influenzaviren** detektiert. Im Sommerzeitraum wurden Influenzaviren in weniger als 1 % der Proben nachgewiesen. In der Wintersaison 2025/26 zeigte sich dann eine verstärkte Zirkulation von Influenzaviren, wo sie in 14 % aller Proben nachgewiesen wurden. Ab der 44. KW 2025 wurden vermehrt Influenzaviren im stationären Bereich detektiert, im Verlauf kam es dann vor dem Jahreswechsel in der 50. KW zu einem starken Anstieg der Influenza-PR. Nach dem Jahreswechsel wurde noch in den folgenden zwei Monaten eine verstärkte Nachweishäufigkeit von Influenzaviren beobachtet, ehe die PR dann ab der 9. KW 2026 wieder deutlich zurück ging (Abbildung 15). Der letzte Influenzavirusnachweis im Beobachtungszeitraum wurde in der 15. KW 2026 verzeichnet.

Es wurden im Bezugszeitraum (Sommer und Wintersaison) 84 Proben (4,6 %) positiv auf **SARS-CoV-2** getestet. Nach ersten Nachweisen ab der 22. KW 2025 nahm die Nachweishäufigkeit von SARS-CoV-2 im stationären Bereich insbesondere im Verlauf des Sommerzeitraums zu, was sich in der Wintersaison 2025/26 fortsetzte und mit den Ergebnissen im ambulanten Bereich übereinstimmt (Abbildung 15; siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*). Im Zeitraum von der 34. bis zur 51. KW 2025 schwankte die SARS-CoV-2-PR um die 10 %, ein deutlicher Höhepunkt zeigte sich dabei nicht. Der letzte SARS-CoV-2-Nachweis wurde in der 17. KW 2026 verzeichnet.

RSV wurde in 5 % aller untersuchten Proben ($n = 92$) nachgewiesen. Im Sommer 2025 wurde RSV nicht nachgewiesen. Der erste RSV-Nachweis erfolgte in der 48. KW 2025. Eine Zunahme der RSV-PR wurde ab der 52. KW 2025 beobachtet und blieb auch nach dem Jahreswechsel zunächst vergleichsweise stabil, bevor sich in der 7. KW 2026 ein nochmaliger Anstieg der PR auf 23 %, den Höchstwert, zeigte (Abbildung 15). Insgesamt wurden in der Wintersaison 2025/26 in 7 % der Proben RSV detektiert. Der letzte RSV-Nachweis im Beobachtungszeitraum wurde in der 20. KW 2026 verzeichnet.

Rhinoviren waren mit 236 positiven Proben (13 %) auch im stationären Bereich die häufigsten nachgewiesenen respiratorischen Erreger. Im Gegensatz zum ambulanten Bereich wurden im stationären Bereich insgesamt weniger häufig Rhinoviren nachgewiesen (Abbildung 15; siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*). Sie wurden kontinuierlich über den gesamten Beobachtungszeitraum detektiert: im Sommer 2025 in 12 % sowie in der Wintersaison 2025/26 in 13 % der Proben.

Parainfluenzaviren (PIV) wurden in 98 Proben (5 %) nachgewiesen und wurden vorwiegend während des Sommers 2025 (7 % der Proben) sowie zu Beginn und gegen Ende der Wintersaison 2025/26 detektiert (5 % der Proben). **Humane Metapneumoviren (hMPV)** wurden in 58 Proben (3 %) nachgewiesen und zeigten eine Häufung gegen Ende der Wintersaison 2025/26. **Humane Coronaviren (hCoV)** wurden in 54 der 1.814 untersuchten Proben (3 %) nachgewiesen, überwiegend nach dem Jahreswechsel in der Wintersaison 2025/26. **Adenoviren** wurden in 43 Proben (2 %) detektiert und traten sowohl im Sommer 2025 als auch in der Wintersaison 2025/26 vereinzelt auf. **Influenza C-Viren** wurden nur in 11 Proben (<1 %) detektiert und traten nur vereinzelt auf, vor allem zu Beginn des Jahres 2026 (Abbildung 15). Der saisonale Verlauf dieser Erregerwellen zeigte sich auch in der virologischen ARE-Surveillance (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*).

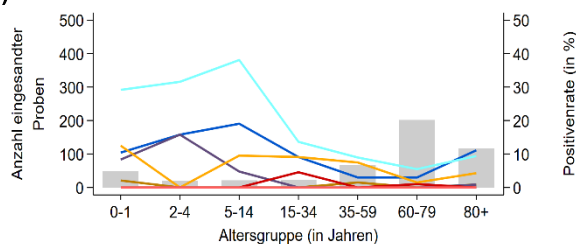
Das Spektrum der nachgewiesenen Erreger in den einzelnen Altersgruppen war im ambulanten und im stationären Bereich ähnlich.

Im Sommer 2025 waren Rhinoviren in nahezu allen Altersgruppen die am häufigsten detektierten respiratorischen Erreger, insbesondere bei Kindern im Alter von 0 bis 14 Jahren (Abbildung 16A, Tabelle 5A). PIV traten ebenfalls gehäuft bei den 0- bis 14-Jährigen sowie bei Personen ab 80 Jahren auf, während Adenoviren vor allem in den Altersgruppen der 0- bis 4-Jährigen nachgewiesen wurden. SARS-CoV-2 wurde in allen Altersgruppen mit Ausnahme der 2- bis 4-Jährigen detektiert. Influenza A- und B-Viren sowie RSV wurden im Sommer 2025 nur vereinzelt nachgewiesen. Die Erregerspektren in den einzelnen Altersgruppen ähnelten weitestgehend denen der virologischen ARE-Surveillance (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*).

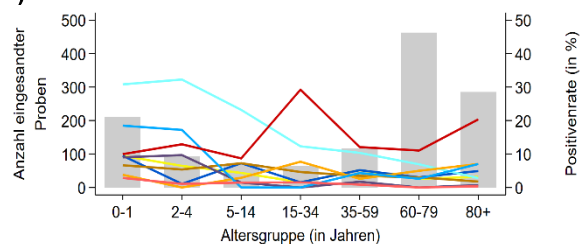
RSV wurde ausschließlich in der Wintersaison nachgewiesen und betraf vor allem Kinder im Alter von 0 bis 4 Jahren.

In der Wintersaison 2025/26 wurden Influenza A- und B-Viren in allen Altersgruppen häufig detektiert (Abbildung 16B; Tabelle 5B). Ihr Anteil war insbesondere bei den 15- bis 34-Jährigen sowie bei Personen ab 80 Jahren hoch. Rhinoviren wurden ebenfalls in den meisten Altersgruppen häufig nachgewiesen, vor allem bei Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahren. RSV wurden vor allem bei den 0- bis 4-Jährigen detektiert, betraf jedoch auch die Altersgruppen ab 35 Jahren. SARS-CoV-2 wurden vorwiegend bei den 15- bis 34-Jährigen sowie bei Personen ab 80 Jahren nachgewiesen. Auch in der Wintersaison 2025/26 zeigte sich in den einzelnen Altersgruppen eine weitestgehende Übereinstimmung der Erregerspektren zwischen der virologischen ARE- und SARI-Surveillance, wobei in der virologischen ARE-Surveillance Influenzaviren bei den 5- bis 14-Jährigen sowie SARS-CoV-2 bei den ab 35-Jährigen besonders häufig nachgewiesen wurden (siehe ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance).

A) Sommer



B) Wintersaison



— Influenzaviren (A und B) — SARS-CoV-2 — RSV — Rhinoviren
 — PIV (1-4) — hMPV — hCoV — Adenoviren
 — Influenza C-Viren — eingeschante Proben

Abbildung 16: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivenrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) pro Altersgruppe für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026.

4 Influenzavirus-Erkrankungen

4.1 Zusammenfassung: Influenzavirus-Erkrankungen in der Wintersaison 2025/26

Die Grippewelle in Deutschland begann in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) entsprechend der RKI-Definition in der 48. KW 2025 und endete in der 10. KW 2026. Damit begann sie **zwei bis drei Wochen früher als in den beiden Vorsaisons**. Sie hielt insgesamt 15 Wochen an. Die verschiedenen Surveillance-Systeme des RKI zeigten wie in den Vorjahren bereits ab Ende 2025 einen deutlichen Anstieg der Influenza-Aktivität, die ihren saisonalen Höhepunkt Ende Januar bzw. Anfang Februar 2026 erreichte. Anschließend ging die Influenza-Aktivität wieder deutlich zurück. In der Wintersaison 2025/26 war die Influenza-Aktivität insgesamt in den meisten Surveillance-Systemen geringer als in der Vorsaison. Das saisonale Geschehen wurde nahezu vollständig durch Influenza A-Viren geprägt, vor allem durch Influenza A(H3N2)-Viren der Subklade K. Es waren alle Altersgruppen von Influenzaerkrankungen betroffen, dabei war die **Krankheitslast durch Influenza bei Personen ab 60 Jahren etwas höher** als in der Vorsaison, in den Altersgruppen zwischen 5 und 59 Jahren war sie dagegen geringer als in der Wintersaison 2024/25, in der es während der Influenzawelle eine hohe Betroffenheit von Schulkindern (5 bis 14 Jahre) gab [2, 3, 5, 11]. Insgesamt war der saisonale Influenza-Verlauf in Deutschland mit dem in den meisten europäischen Ländern vergleichbar.

Auf der *Bevölkerungsebene* stiegen die auf Basis der Abwassersurveillance gemessene Influenza-Viruslast sowie die anhand der GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten geschätzte Influenza-ARE-Inzidenz Ende 2025 an. Die Influenza-Viruslast im Abwasser war geringer als in der Vorsaison 2024/25, während die Influenza-ARE-Inzidenz mit der Vorsaison 2024/25 vergleichbar war. Influenza A zeigte während der Wintersaison 2025/26 in beiden Surveillance-Systemen eine deutliche Aktivität. Während der Grippewelle wurden auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten rund 12 Millionen Influenza-ARE-Erkrankungen in Deutschland geschätzt, das bedeutet etwa 14 % der Bevölkerung erkrankten in der Wintersaison 2025/26 an Influenza (Tabelle 6). Unter Personen, die an ARE erkrankt waren, wurden Influenzaviren mit 16 % am häufigsten bei Kleinkindern im Rahmen von GrippeWeb-Plus nachgewiesen.

Im *ambulanten Bereich* stieg die im SEED^{ARE}-System ermittelte ARE-Konsultationsinzidenz mit Influenzadiagnose ebenfalls vor dem Jahreswechsel 2025/26 deutlich an. Mit rund 430.000 Arztkonsultationen war die Zahl der diagnostizierten Influenza-erkrankungen geringer als in der Vorsaison 2024/25 (ca. 540.000). In den Altersgruppen ab 60 Jahren wurden in der Wintersaison 2025/26 mehr Influenzadiagnosen als in den beiden Vorsaisons vergeben, während Influenzaerkrankungen bei Personen unter 60 Jahren bei ARE-Arztconsultationen weniger häufig diagnostiziert wurden als in der Wintersaison 2024/25. Im Rahmen der virologischen Surveillance im ambulanten Bereich nahm die Zirkulation von Influenzaviren ab der 47. KW 2025 deutlich zu. Die Influenza-Positivenrate (PR) erreichte in der 5. KW 2026 mit 64 % ihren Höhepunkt (Tabelle 6). In der Wintersaison 2025/26 entfielen etwa 70 % der Influenzavirus-nachweise auf den Subtyp Influenza A(H3N2) und 29 % auf Influenza A(H1N1)pdm09 (siehe *Weiterführende virologische und genomische Analysen*). Influenza B-Viren spielten nur eine untergeordnete Rolle. Influenza A(H3N2)-Viren dominierten vor allem bei den jüngeren

Altersgruppen, während der Anteil von Influenza A(H1N1)pdm09-Viren bei Personen ab 35 Jahren fast so hoch war wie der Anteil an Influenza A(H3N2)-Viren.

Im *stationären Bereich* erhielten während der Wintersaison 2025/26 auf Basis der Daten aus dem SARI-Krankenhaus-Sentinel insgesamt 24 % der SARI-Fälle eine Influenza-Diagnose (Tabelle 6). Hochgerechnet auf Deutschland wurden somit insgesamt in der Wintersaison 2025/26 ca. 105.000 SARI-Fälle mit einer Influenzaerkrankung diagnostiziert. Damit war die Zahl vergleichbar mit der Vorsaison (ca. 104.000). Jedoch wurden in den Altersgruppen 0 bis 4 Jahre sowie ab 60 Jahre mehr SARI-Fälle mit Influenzadiagnose hospitalisiert als in den beiden Vorsaisons. Die übrigen Altersgruppen wurden in der Wintersaison 2025/26 seltener als in der Wintersaison 2024/25 hospitalisiert. Der Anstieg der Hospitalisierungen von SARI-Fällen begann kurz nach Beginn der Grippewelle, insbesondere bei Personen ab 60 Jahren kam es bereits zum Jahreswechsel 2025/26 zu einem starken Anstieg der Fallzahlen. Etwa 9 % der an Influenza erkrankten SARI-Fälle wurden intensivmedizinisch behandelt (siehe *Stationärer Bereich*). Im Rahmen der virologischen Surveillance im stationären Bereich entfielen 67 % der Influenzavirusnachweise auf Influenza A(H3N2)-Viren und 32 % auf Influenza A(H1N1)pdm09-Viren. Influenza B-Viren wurden in der Wintersaison 2025/26 nicht detektiert.

Insgesamt wurden in der Wintersaison 2025/26 im Rahmen der Mortalitätssurveillance ca. 16.000 Todesfälle im Zusammenhang mit Influenza- und RSV-Infektionen geschätzt (siehe *Influenza-/RSV-assoziierte Übersterblichkeit*). Damit lag die Zahl unter der Schätzung für die Vorsaison 2024/25 (etwa 19.000). Eine getrennte Zuordnung der Todesfälle zu Influenza bzw. RSV-Erkrankungen ist im Rahmen der Mortalitätssurveillance nicht möglich. Es ist jedoch davon auszugehen, dass Influenzaerkrankungen einen größeren Anteil an den geschätzten Todesfällen ausmachten. Die meisten Todesfälle während der Influenza-/RSV-Welle ereigneten sich bei Personen ab 85 Jahren. Obwohl die meisten Influenza-/RSV-assoziierten Todesfälle in Krankenhäusern auftraten, verstarb auch ein beträchtlicher Anteil der Betroffenen in Pflegeheimen oder an anderen Orten in Deutschland.

In der Wintersaison 2025/26 wurden in Deutschland insgesamt 240.235 labordiagnostisch bestätigte Influenzafälle gemäß Infektionsschutzgesetz an das RKI übermittelt, darunter 64.953 hospitalisierte Fälle (siehe *Influenza-Meldungen gemäß IfSG*). Die Anzahl der übermittelten Influenzafälle erreichte in der 5. KW 2026 ihren Höhepunkt, während die Zahl der hospitalisierten Influenzafälle bereits in der 2. KW 2026 ihren Maximalwert erreichte. Der Mehrheit der hospitalisierten Influenzafälle waren 60 Jahre und älter (66 %). Insgesamt wurden 1.495 Influenzaausbrüche mit mindestens fünf Fällen pro Ausbruch an das RKI übermittelt, die 19.899 Fälle umfassten. Die meisten Ausbrüche wurden in Kindergärten bzw. Horten und Krankenhäusern mit jeweils 31 % registriert sowie in Alten-/Pflegeheimen mit 22 %. Insgesamt wurden 2.216 Todesfälle mit labordiagnostisch bestätigter Influenzavirusinfektion übermittelt. Die meisten Todesfälle betrafen Personen ab 80 Jahren (67 %).

Untersuchungen des Nationalen Referenzzentrums für Influenzaviren zeigten, dass unter den sequenzierten Influenza A(H3N2)-Viren die Subklade K dominierte. Sie wurde sowohl in Proben aus GrippeWeb-Plus als auch im ARE-Praxis- und SARI-Krankenhaus-Sentinel am häufigsten nachgewiesen. Die zu Saisonbeginn beobachtete antigene Abweichung der Subklade K vom Influenza A(H3N2)-Impfstamm gab Anlass zur Sorge. Rückblickend zeigte sich jedoch, dass die Grippewelle in Deutschland sowie im europäischen und internationalen Vergleich nicht außergewöhnlich schwer verlief [12-14]. Unter den Influenza A(H1N1)pdm09-Viren dominierte die Subklade D.3.1.1. Alle isolierten Influenza A(H3N2)-Viren wurden vom gegen den Impfstamm

gerichteten Referenzserum erkannt. Für die Influenza A(H1N1)pdm09- und B-Viren wurde eine sehr gute antigene Passgenauigkeit zum jeweiligen Impfstamm festgestellt. Bei 76 % der untersuchten Influenza A(H1N1)pdm09-Viren wurde eine verminderte Empfindlichkeit gegenüber Oseltamivir bestimmt, damit häufiger als in den Vorsaisons. Resistenzen gegen antivirale Medikamente blieben jedoch insgesamt selten.

Die STIKO empfahl für die Wintersaison 2025/26 allen Personen ab 60 Jahren sowie bestimmten Personen- und Berufsgruppen, darunter immundefizienten Personen, Schwangeren und medizinischem Personal eine jährliche Influenza-Impfung im Herbst/Winter (siehe *Influenza-Impfungen*). Dabei sollte ein Impfstoff mit der aktuellen, von der WHO empfohlenen Antigenkombination verwendet werden. Für Personen ab 60 Jahre wurde die Impfung mit einem Hochdosis- oder MF-59 adjuvantierten Influenza-Impfstoff empfohlen. In der Wintersaison 2024/25 hatten 34 % der Personen ab 60 Jahren eine Influenza-Impfung erhalten. Die Influenza-Impfung bot in der Wintersaison 2025/26 einen geringen Schutz vor einer Influenza, die einen Arztbesuch erfordert (20 %). Die Impfeffektivität war dennoch sowohl gegen Influenza A(H3N2) als auch gegen Influenza A(H1N1)pdm09 höher als in der Vorsaison. Gegen schwere Influenza-Verläufe bot die Impfung einen moderaten Schutz (30 %).

Auch im internationalen Vergleich startete die Influenza-Aktivität in der Wintersaison 2025/26 **ungewöhnlich früh** (siehe *Internationale Situation in der Wintersaison 2025/26*). In den EU-/EWR-Ländern stieg die Influenza-Aktivität bereits ab November 2025 an und erreichte Anfang Januar 2026 ihren Höhepunkt. Auch in Nordamerika wurde eine ungewöhnlich früher Beginn der Influenza-Welle beobachtet. Das saisonale Geschehen wurde **vorrangig durch Influenza A(H3N2)-Viren, insbesondere die Subklade K**, geprägt. Die höchste Influenza-Aktivität wurde bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter von 0 bis 4 Jahren sowie bei Schulkindern bis 15 Jahre beobachtet.

In Deutschland wurden in der Wintersaison 2025/26 bislang **keine Erkrankungs- oder Todesfälle bei Menschen infolge einer aviären Influenza** registriert. Im Zusammenhang mit Ausbrüchen bei Geflügel wurden zwischen Dezember 2025 und März 2026 drei Verdachtsfälle beim Menschen gemeldet, die jedoch alle entkräftet werden konnten (siehe *Zoonotische Influenza*). Vor dem Hintergrund der anhaltenden Verbreitung aviärer Influenzaviren bei Ausbrüchen in Geflügelhaltungen und bei Wildvögeln blieben zoonotische Influenzaviren ein relevantes Thema der One-Health-Surveillance.

Tabelle 6: Eckdaten der Influenza-Saison 2025/26: Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, der virologischen ARE-/SARI-Surveillance, der Abwassersurveillance sowie der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), dargestellt für den Zeitraum der Grippewelle (48. KW 2025 bis 10. KW 2026) und für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026). Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, KW = Kalenderwoche, MW = Meldewoche, NA = nicht anwendbar, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen.

Surveillance-bereich	Indikator	Grippewelle 2025/26	Wintersaison 2025/26 40. KW 2025 – 20. KW 2026	
		Gesamtwert	Höchstwert (in KW)	Gesamtwert
Bevölkerung GrippeWeb(-Plus) (virologisch, syndromisch)	Influenza (gesamt) ²	14 %	35 % (2. KW 2026)	7,4 %
	Influenza-ARE ¹	ca. 12 Mio.	ca. 1,3 Mio. (1. KW 2026)	ca. 12 Mio.
Abwasser	Influenzavirus-Last (Genkopien / Liter)	NA	ca. 31.000 (1. KW 2026)	NA
Ambulanter Bereich ARE-Praxis-Sentinel (virologisch, syndromisch)	Influenza (gesamt) ²	41 %	64 % (5. KW 2026)	25 %
	Influenza A(H1N1)pdm09 ²	11 %	15 % (5. KW 2026)	7,0 %
	Influenza A(H3N2) ²	30 %	49 % (5. KW 2026)	18 %
	Influenza B ²	0,1 %	2,0 % (1. KW 2026)	0,1 %
	ARE-Konsultationen mit Influenza-Diagnose ¹	ca. 380.000	ca. 49.000 (6. KW 2026)	ca. 430.000
Stationärer Bereich SARI-Krankenhaus- Sentinel (virologisch, syndromisch)	Influenza (gesamt) ²	25 %	58 % (52. KW 2025)	14 %
	SARI-Fälle mit Influenza-Diagnose ¹	ca. 99.000	ca. 12.000 (6. KW 2026)	ca. 105.000
	Anteil Influenza- Diagnosen bei SARI-Fällen	38 %	52 % (6. KW 2026)	24 %
Meldedaten gemäß IfSG (laborbestätigte Fälle, Fallkategorien C-E)	Anzahl Influenza-Fälle	229.116	25.607 (5. KW 2026)	240.235
	Anzahl Influenza-Fälle mit Hospitalisierung	60.973	6.865 (2. KW 2026)	64.953

¹ syndromisch: geschätzte Anzahl; ² virologisch: Anteil Proben mit Nachweis

4.2 Epidemiologische Analysen

4.2.1 Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance, Partizipatives Surveillancesystem)

Autorinnen und Autoren: Ann-Sophie Lehfeld, Janine Michel, Kerstin Prahm, Susan Abunijela, Moritz Bach, Peter Pütz, Udo Buchholz

Die auf Basis der Abwassersurveillance gemessene Influenza-Viruslast sowie die auf Basis der GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten geschätzte Influenza-ARE-Inzidenz stiegen in der Wintersaison 2025/26 mit Beginn der Grippewelle deutlich an und erreichten bereits zum Jahreswechsel einen Höchstwert (Abbildung 17, oben). Danach zeigte die Viruslast im Abwasser in der 7. KW noch einen zweiten Gipfel, während die Influenza-ARE-Inzidenz erst langsam und ab der 7. KW rascher zurückging. Etwa ab der 12. KW befanden sich die Werte aus beiden Systemen auf sehr niedrigem Niveau.

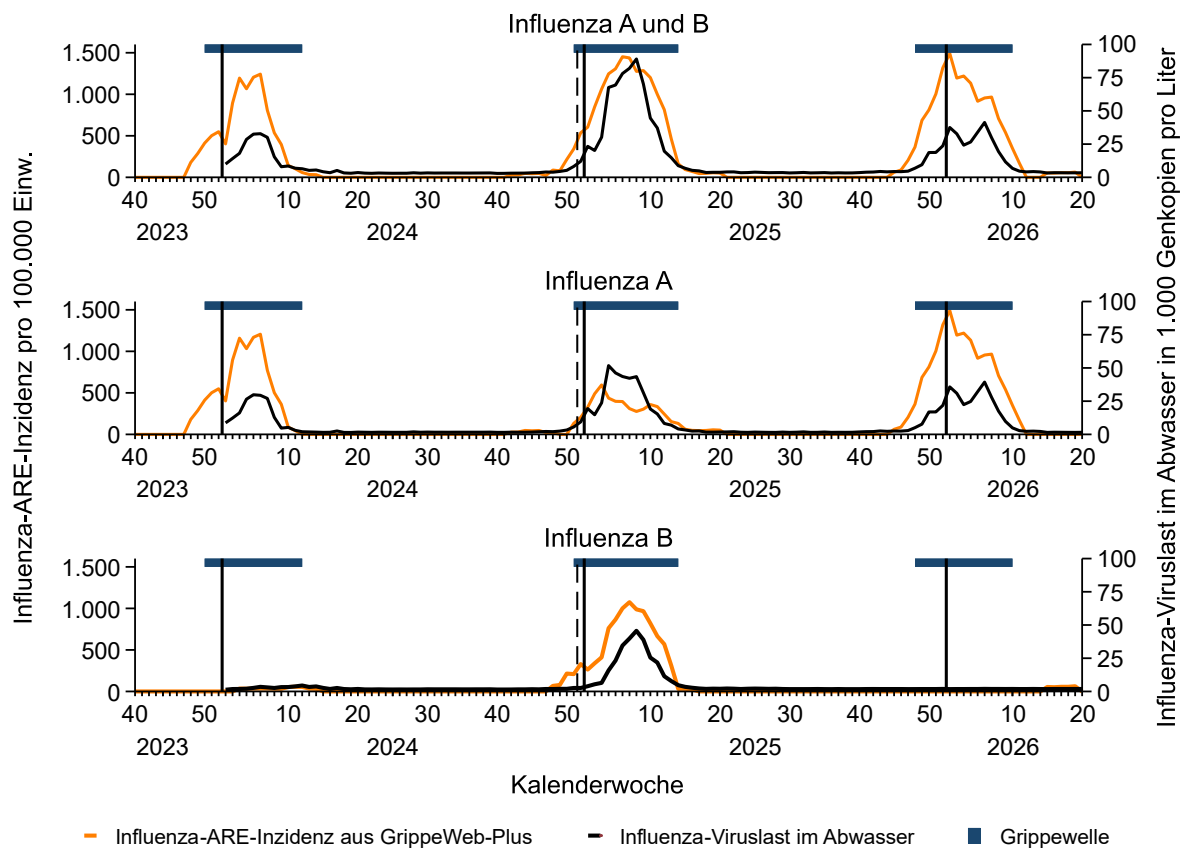


Abbildung 17: Vergleich der auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten geschätzten Influenza-ARE-Inzidenz (GrippeWeb-Plus-Teilnehmende mit laborbestätigtem Influenzavirus-Nachweis und ARE-Symptomatik; über fünf Wochen gemittelter Wert; linke y-Achse) sowie der aggregierten Influenza-Viruslast im Abwasser (rechte y-Achse) für Influenza A und B (oben), Influenza A (Mitte) und Influenza B (unten) von der 40. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der Grippewelle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet. Der Wechsel von der ersten zur zweiten AMELAG-Phase, der mit einer kleineren Anzahl an teilnehmenden Kläranlagen einherging, ist mit einer vertikalen, gestrichelten Linie gekennzeichnet.

Die Influenza-ARE-Inzidenz war zum Höhepunkt der Wintersaison 2025/26 ähnlich hoch wie in der Vorsaison 2024/25 und etwas höher als in 2023/24. Dagegen war der Höhepunkt der Influenza-Viruslast im Abwasser in der Wintersaison 2025/26 ähnlich hoch wie in der Wintersaison 2023/24, beide wurden aber deutlich vom Höhepunkt in 2024/25 übertroffen. Influenza A hatte in allen drei Saisons eine deutliche Aktivität (Abbildung 17, Mitte). Während in der Abwassersurveillance die Influenza A-Welle in der Vorsaison (2024/25) etwas stärker ausgeprägt war als in den umliegenden Influenza A-Wellen, zeigten die Daten aus GrippeWeb/GrippeWeb-Plus, dass die Influenza A-Welle in der Wintersaison 2024/25 die schwächste unter den drei Saisons war (Abbildung 17). Es ist nicht geklärt, warum die relative Stärke der einzelnen Saisons in den beiden Systemen (Abwasser vs. GrippeWeb/GrippeWeb-Plus) so unterschiedlich ausfallen. Influenza B hatte nur in der Wintersaison 2024/25 eine substantielle Aktivität, diesbezüglich stimmten die Daten aus der Abwassersurveillance mit den Influenza-ARE-Daten überein.

In der Wintersaison 2025/26 erkrankten schätzungsweise etwa 14 % der Bevölkerung an Influenza.

In der Auswertung des Anteils der Abwasserproben mit einem Nachweis von Influenza-Genom oberhalb der Bestimmungsgrenze zeigte sich in allen drei Saisons frühzeitig ein Anstieg, wie die rote Kurve im Vergleich zur durch den horizontalen blauen Balken dargestellten Grippewelle zeigt (Abbildung 18). Während der Influenzawellen werden über mehrere Wochen in allen oder fast allen Abwasserproben Influenza-Genom-Fragmente nachgewiesen. Interessant ist, dass sich in der Kurve der Anteile der Proben, die positiv für Influenza B-Viren waren, in der Saison 2023/24 eine deutliche Welle darstellte, die in den anderen Fall-basierten Systemen, wie z.B. GrippeWeb/GrippeWeb-Plus (Abbildung 17), nur andeutungsweise zu erkennen war.

Für den Zeitraum der Grippewelle 2025/26 (48. KW 2025 bis 10. KW 2026) wurden auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten rund 12 Millionen Influenza-ARE-Erkrankungen in Deutschland geschätzt. Wenn man von einer Influenza-ARE-Erkrankung pro Person ausgeht, erkrankten also etwa 14 % der Bevölkerung in der Wintersaison 2025/26 an einer Influenza (2024/25: 13 Millionen (15 %), 2023/24: 8 Millionen (10 %)).

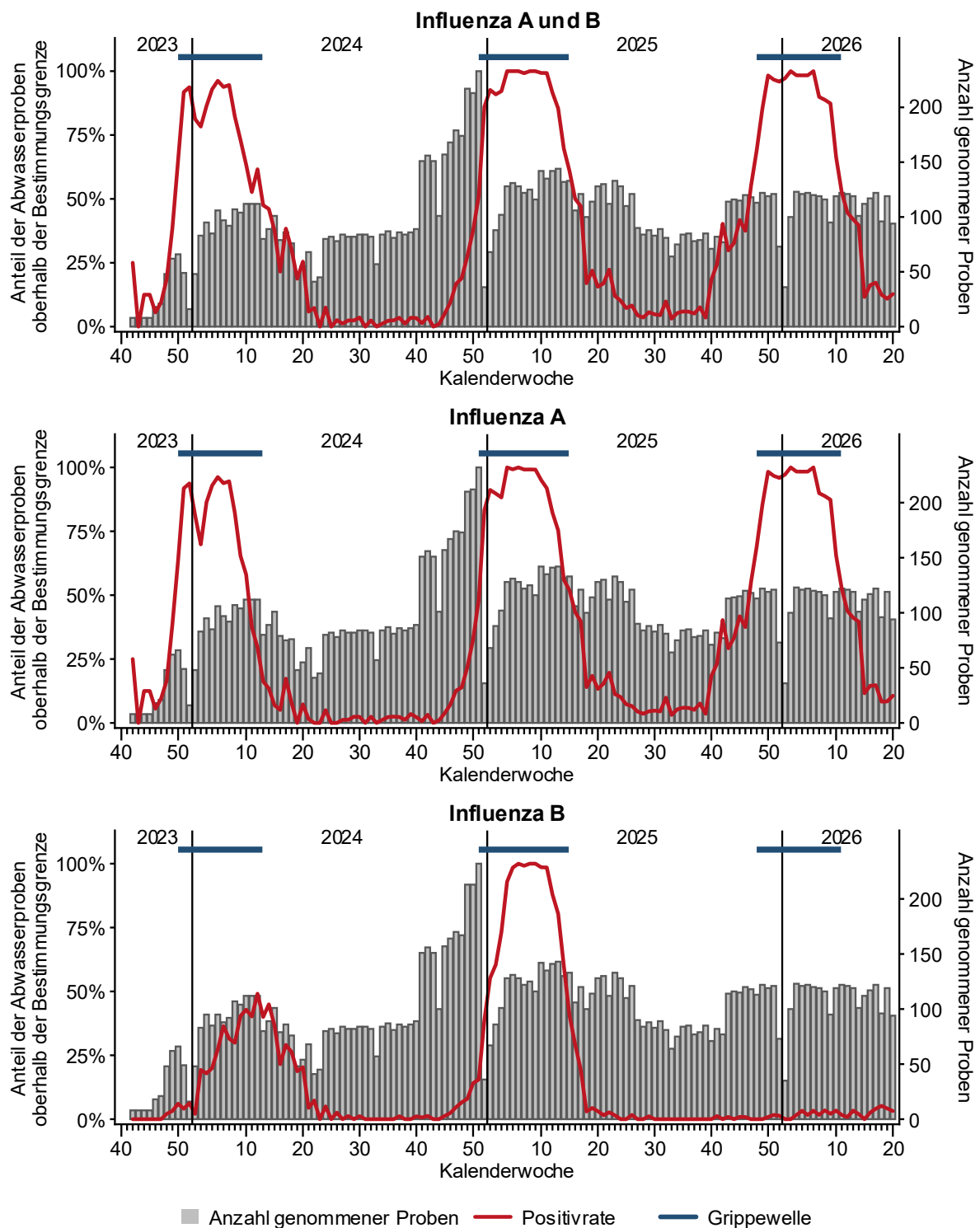


Abbildung 18: Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenzen für Influenza A- bzw. Influenza B-Virusfragmente. Die rote Kurve zeigt den Anteil der Abwasserproben, in denen Influenza-Genom oberhalb der Bestimmungsgrenze nachgewiesen wurde. Die grauen Säulen zeigen die Anzahl der untersuchten Proben. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der Grippewelle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet.

Im Rahmen von GrippeWeb-Plus wurden Influenzaviren in der Wintersaison 2025/26 bei Personen mit einer ARE in der jüngsten Altersgruppe mit 16 % am häufigsten nachgewiesen

(0 bis 4 Jahre; Abbildung 19). Bei Schulkindern und Erwachsenen bis 59 Jahre lag die Influenza-Positivenrate bei etwa 8–11 %. Bei Personen ab 60 Jahren mit einer ARE war der Anteil Influenza-positiver Proben mit 2 % am niedrigsten.

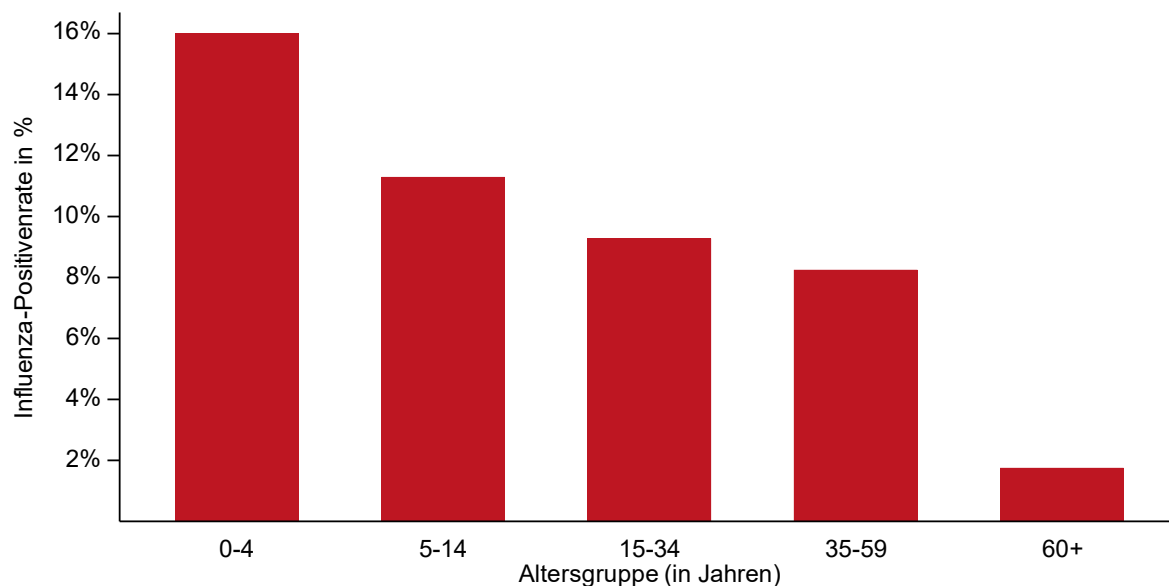


Abbildung 19: Positivenrate (in Prozent) von Influenzaviren aus GrippeWeb-Plus nach Altersgruppe für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026).

4.2.2 Ambulanter Bereich

4.2.2.1 Arztkonsultationen mit Influenzadiagnose aus dem ARE-Praxis-Sentinel

Autorinnen und Autoren: Simon Krupka, Juliane Wunderlich, Kerstin Prahm, Ute Preuß, Kristin Tolksdorf

Um die Krankheitslast von Influenza im ambulanten Bereich zu erfassen, werden im SEED^{ARE}-System Arztkonsultationen berücksichtigt, bei denen die Sentinel-Ärztinnen und -Ärzte ICD-10-Diagnosecodes der Kategorie „J10.-“ („Grippe durch saisonale nachgewiesene Influenzaviren“) vergeben haben. Da bei Influenzaerkrankungen nicht immer eine spezifische Krankheitsdiagnose vergeben wird (z.B. bei Nichtvorliegen eines Tests), werden mit dieser Methode nicht alle Arztbesuche wegen Influenza erfasst. In Abbildung 20 ist die Konsultationsinzidenz für ARE mit Influenzadiagnose aus der syndromischen Surveillance mit der Positivenrate für Influenza A- und B-Viren aus der *virologischen ARE-Surveillance* des ambulanten Bereichs dargestellt. Mit Hilfe der Influenzavirus-Positivenrate wird für jede Saison der Beginn und das Ende der Grippewelle bestimmt.

In der Wintersaison 2025/26 stieg die Konsultationsinzidenz für ARE mit Influenzadiagnose und die Positivenrate für Influenza A- und B-Viren noch vor dem Jahreswechsel deutlich an (Abbildung 20), zeitiger als in den Vorjahren. Mit der 48. KW 2025 waren die Kriterien für den Beginn der Grippewelle nach Definition des RKI erfüllt, zudem lag die Influenzavirus-Positivenrate bereits in der 1. KW 2026 bei 50 %. Die Positivenrate für Influenza A- und B-Viren

aus der virologischen ARE-Surveillance erreichte in der 5. KW 2026 mit 65 % ihren Maximalwert. Die ARE-Konsultationsinzidenz mit Influenzadiagnose erreichte ihren Höhepunkt in der 6. KW 2026 mit 58 Arztbesuchen pro 100.000 Einw., was einer Gesamtzahl von etwa 49.000 Arztbesuchen wegen ARE mit Influenzadiagnose in dieser Woche in Deutschland entspricht.

Anschließend gingen sowohl die Konsultationsinzidenz als auch die Influenzavirus-Positivenrate kontinuierlich zurück. Die Grippewelle 2025/26 endete mit der 10. KW 2026 (Dauer: 15 Wochen).

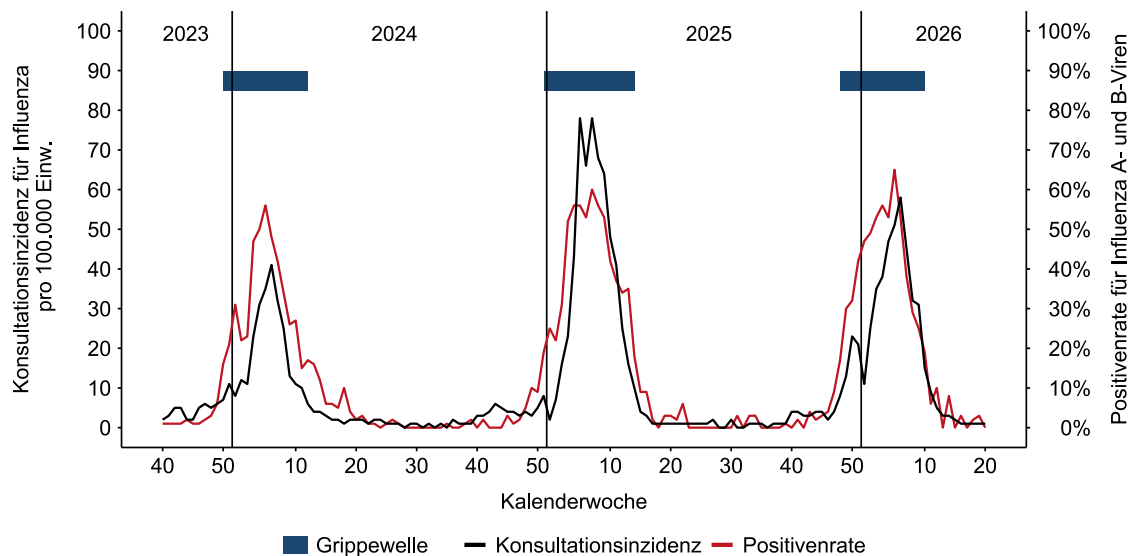


Abbildung 20: ARE-Konsultationsinzidenz mit Influenzadiagnose (ICD-10-Diagnosecode J10) pro 100.000 Einw. und Positivenrate (in Prozent) der eingesandten Proben für Influenza A- und B-Viren von der 40. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Die Berechnung der Konsultationsinzidenz beruht auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit dem ARE anhand von ICD-10-Diagnosecodes erhoben werden. Die Positivenrate für Influenza A- und B-Viren beruht auf Daten von 148 Sentinelpraxen der *virologischen ARE-Surveillance*.

Mit einer geschätzten Gesamtzahl von etwa 430.000 Arztkonsultationen fiel die Zahl der diagnostizierten Influenza-Erkrankungen im ambulanten Bereich während der Wintersaison 2025/26 geringer aus als in der Vorsaison 2024/25, in der knapp 540.000 Arztkonsultationen mit Influenzadiagnose (ICD-10-Diagnosecode J10) geschätzt wurden (Abbildung 21). In den betrachteten postpandemischen Wintersaisons war die Zahl der diagnostizierten Influenza-Erkrankungen in der Wintersaison 2023/24 am niedrigsten. Hier lag die geschätzte Zahl der Arztkonsultationen wegen ARE mit Influenzadiagnose bei knapp 290.000 Arztbesuchen.

In der Wintersaison 2025/26 gab es weniger ARE-Arztkonsultationen mit Influenzadiagnose als in der Vorsaison.

In den Wintersaisons der betrachteten postpandemischen Jahre fanden die meisten Arztbesuche mit Influenzadiagnose in der Altersgruppe der 5- bis 59-Jährigen statt (> 70 % aller geschätzten Arztbesuche mit Influenzadiagnose; Abbildung 21). Bei Säuglingen und Kleinkindern (0 bis 4 Jahre) sowie bei Erwachsenen ab 60 Jahren wurde dagegen seltener bei einem Arztbesuch wegen ARE eine Influenzaerkrankung diagnostiziert. In den Altersgruppen ab 60 Jahren wurde in der Wintersaison 2025/26 eine höhere Zahl an Influenzadiagnosen als in beiden Vorsaisons vergeben. In den Altersgruppen unter 60 Jahren wurden Influenzaerkrankungen dagegen bei Arztkonsultationen wegen ARE weniger häufig diagnostiziert als in der Wintersaison 2024/25. In der Grippewelle 2024/25 wurde eine ungewöhnlich hohe Krankheitslast im ambulanten und stationären Bereich insbesondere in der Altersgruppe der Schulkinder beobachtet [2, 5].

Zwischen 60 % und 70 % aller geschätzten ARE-Arztbesuche mit Influenzadiagnose in den Wintersaisons der postpandemischen Jahre entfielen auf den Zeitraum der Grippewelle der jeweiligen Saison (Tabelle 6).

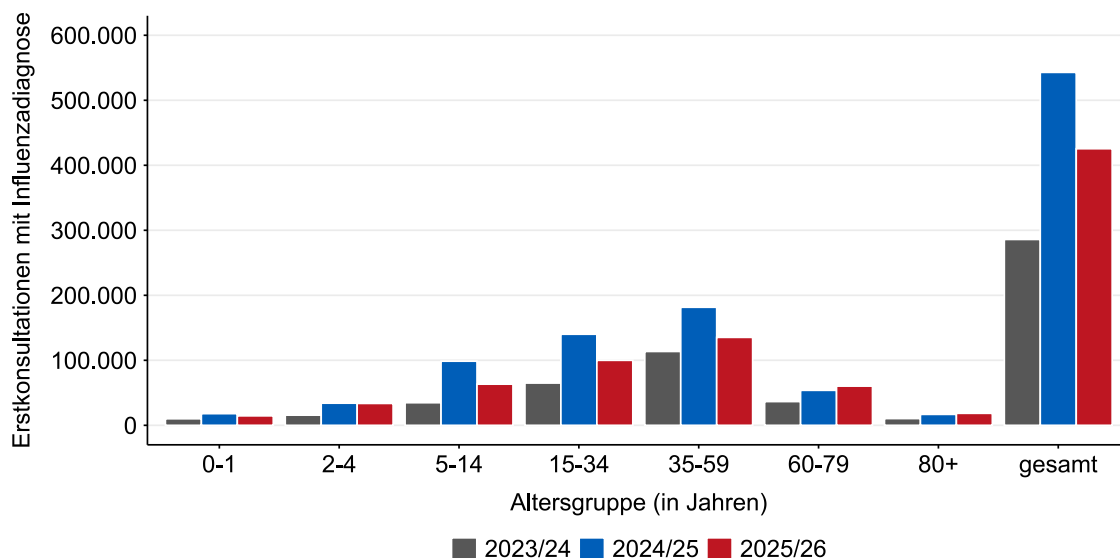


Abbildung 21: Geschätzte Anzahl der ARE-Erstkonsultationen mit Influenzadiagnose (ICD-10-Diagnosecode J10) in Deutschland, differenziert nach Altersgruppen und gesamt, für den Zeitraum der jeweiligen Wintersaison (40. KW bis 20. KW des Folgejahres).

4.2.2.2 Influenza-Nachweise in der virologischen ARE-Surveillance

Autorinnen und Autoren: Annika Erdwiens, Ute Preuß, Irmgard Stroetmann, Barbara Biere, Janine Reiche, Kristin Tolksdorf, Ralf Dürrwald

Im Sommerzeitraum 2025 zirkulierten kaum Influenzaviren (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*). In der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026) waren von den insgesamt 911 nachgewiesenen Influenzaviren aus der virologischen ARE-Surveillance 647 (71 %) Influenza A(H3N2)-Viren, 259 (28 %) Influenza A(H1N1)pdm09-, sieben nicht subtypisierte Influenza A- (0,8 %) und zwei (0,2 %) Influenza B-Viren. Auch in der virologischen SARI-Surveillance dominierten Influenza A(H3N2)-Viren (siehe *Influenza-Nachweise in der virologischen SARI-Surveillance*). Es lagen vier Doppelinfektionen mit Influenza A(H3N2)-Viren

und Influenza A(H1N1)pdm09-Viren vor. Im Gegensatz dazu waren in den beiden vorhergehenden Saisons kaum Influenza A(H3N2)-Viren nachgewiesen worden: in 2023/24 waren Influenza A(H1N1)pdm09-Viren vorherrschend (A(H1N1)pdm09: 83 %; A(H3N2): 4 %; B: 13 %) [15], in der Wintersaison 2024/25 zirkulierten sowohl Influenza A(H1N1)pdm09- als auch Influenza B-Viren (A(H1N1)pdm09: 40 %; A(H3N2): 10 %; B: 49 %) [16].

In der Wintersaison 2025/26 dominierten Influenza A(H3N2)-Viren, die in den beiden vorhergehenden Saisons nur selten nachgewiesen worden waren.

In der Wintersaison 2025/26 wurden Influenza A(H3N2)-Viren erstmals in der 41. KW 2025 nachgewiesen (Abbildung 22A). Nach zunächst sporadischem Auftreten stieg die PR ab der 47. KW deutlich an und erreichte mit 49 % in der 5. KW 2026 ihren Höhepunkt, gefolgt von einem allmählichen Rückgang. In der 19. KW 2026 gab es den letzten Nachweis von Influenza A(H3N2)-Viren. Influenza A(H1N1)pdm09-Viren wurden in der Wintersaison 2025/26 erstmals in der 43. KW 2025 detektiert. Ab der 48. KW stieg die PR kontinuierlich an und sie zirkulierten dann gleichzeitig mit Influenza A(H3N2)-Viren. Die höchste PR wurde in der 5. KW 2026 mit 15 % erreicht. Danach wurden stetig weniger Influenza A(H1N1)pdm09-Viren nachgewiesen. Der letzte Nachweis erfolgte in der 19. KW 2026. Influenza B-Viren wurden lediglich zweimal in der 43. KW 2025 und der 1. KW 2026 detektiert. Auch in der virologischen SARI-Surveillance zeigte sich ein ähnlicher zeitlicher Verlauf der Influenzaviruszirkulation (siehe *Influenza-Nachweise in der virologischen SARI-Surveillance*).

Influenza A(H3N2)-Viren dominierten insbesondere bei den 0- bis 34-Jährigen (76 – 80 % aller Influenzavirusnachweise) (Abbildung 22B). Bei Personen ab 35 Jahren wurde ein größerer Anteil von Influenza A(H1N1)pdm09-Viren als in den jüngeren Altersgruppen nachgewiesen (43 – 48 % vs. 20 – 23 %) nachgewiesen. In der virologischen SARI-Surveillance dominierten dagegen Influenza A(H3N2)-Viren auch bei den 35- bis 59-Jährigen (siehe *Influenza-Nachweise in der virologischen SARI-Surveillance*). Influenza B-Viren wurden nur jeweils einmal bei den 0- bis 1-Jährigen sowie bei den 15- bis 34-Jährigen detektiert (Abbildung 22B).

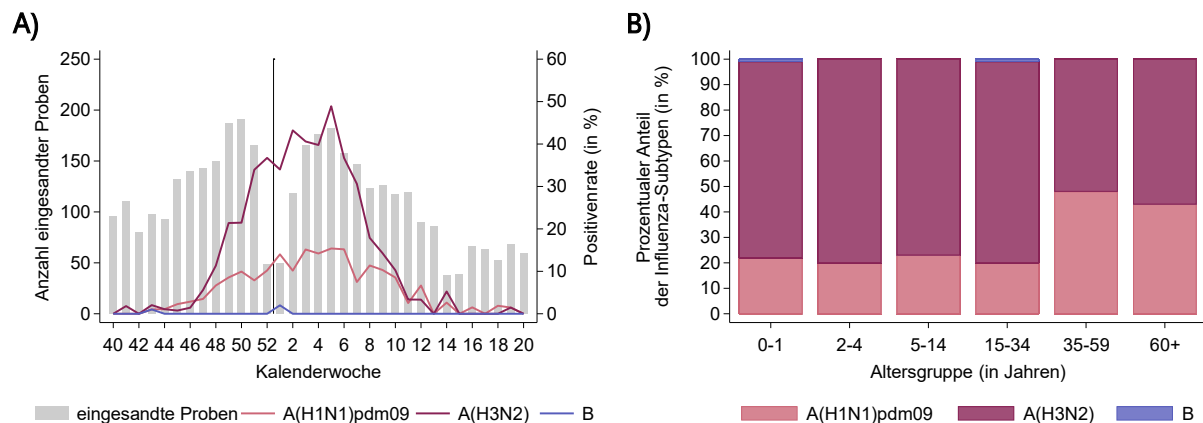


Abbildung 22: A) Anzahl eingesandter Proben und Anteile der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen im Rahmen der virologischen ARE-Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die senkrechte durchgehende Linie markiert den Jahreswechsel. B) Prozentuale Verteilung der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen Influenzavirusnachweisen aus der virologischen ARE-Surveillance nach Altersgruppen in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026).

4.2.3 Stationärer Bereich

4.2.3.1 Influenza-Diagnosen unter den Hospitalisierungen mit SARI

Autorinnen und Autoren: Doreen Staat, Tamar Gvaladze, Ekkehard Schuler, Kristin Tolksdorf

In der Wintersaison 2025/26 erhielten insgesamt ca. 105.000 Patientinnen und Patienten mit einer schweren akuten respiratorischen Infektion (SARI) eine Influenza-Diagnose, rund 99.000 davon während der Grippewelle (48. KW 2025 bis 10. KW 2026) (Tabelle 6). Das bedeutet, in der Wintersaison 2025/26 wurde im Durchschnitt bei jedem vierten SARI-Fall eine Influenza diagnostiziert.

In der Hochphase der Grippewelle 2025/26 wurde bei etwa jedem zweiten SARI-Fall eine Influenza-Diagnose vergeben.

Insgesamt waren die meisten SARI-Fälle, die mit einer Influenza-Erkrankung hospitalisiert wurden, 60 Jahre und älter (ca. 62.000/105.000; Tabelle 7, Abbildung 23 und Abbildung 24). Zwischen den Altersgruppen war der Anteil an SARI-Patientinnen und -Patienten, bei denen eine Influenza diagnostiziert wurde, jedoch sehr unterschiedlich und lag bei den Erwachsenen ab 35 Jahren bei etwa 20 %, bei den 5- bis 14-Jährigen war der Anteil hingegen deutlich höher und lag bei 46 % (Tabelle 7). Generell wurden Influenza-Diagnosen über fast alle Altersgruppen hinweg deutlich häufiger als COVID-19- oder RSV-Diagnosen vergeben (vgl. Tabelle 7 mit Tabelle 17 (SARI mit COVID-19) und Tabelle 20 (SARI mit RSV)). Eine Ausnahme bildeten hierbei die Säuglinge

und Kleinkinder (0 bis 4 Jahre), bei denen in der Wintersaison 2025/26 häufiger eine RSV-Diagnose gestellt worden war (31 % vs. 28 %; Tabelle 20, Tabelle 7).

Etwa 9 % der an Influenza erkrankten SARI-Fälle wurden intensivmedizinisch behandelt, besonders betroffen waren dabei SARI-Patientinnen und -Patienten im Alter von 35 bis 79 Jahren (Tabelle 7).

Tabelle 7: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle und der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10), Anteil an SARI-Fällen mit Influenza-Diagnose unter allen SARI-Fällen, Anteil Fälle mit Behandlung auf einer Intensivstation (ITS) unter SARI-Fällen mit Influenza-Diagnose; jeweils nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026); Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.

Altersgruppe (in Jahren)	SARI-Fälle gesamt	SARI-Fälle mit Influenza-Diagnose		
	Anzahl	Anteil an SARI gesamt	Anzahl	Anteil ITS
0 - 4	63.000	28 %	18.000	2,4 %
5 - 14	20.000	46 %	9.400	1,6 %
15 - 34	17.000	39 %	6.700	3,4%
35 - 59	45.000	21 %	9.300	12 %
60 - 79	133.000	22 %	29.000	15 %
80+	151.000	22 %	33.000	9,8 %
Gesamt	429.000	24 %	105.000	8,9 %

In der Wintersaison 2025/26 kam es bei den ab 60-Jährigen kurz nach Beginn der Grippewelle (48. KW 2025) zu einem ungewöhnlich frühen Anstieg der Hospitalisierungen aufgrund von SARI mit Influenza-Diagnose, mit einem ersten Höhepunkt der Fallzahlen bereits in der 1. KW 2026 (Abbildung 23). Ein ähnlich frühzeitiger Anstieg zeigte sich zwar auch in den anderen Altersgruppen, jedoch fiel der Anstieg dort schwächer aus und schwächte sich über den Jahreswechsel zunächst ab. Insgesamt wurden in der 5. bzw. 6. KW 2026 in fast allen Altersgruppen die meisten SARI-Fälle mit einer Influenza beobachtet (Abbildung 23).

In der Wintersaison 2025/26 wurde bei den ab 60-Jährigen eine ungewohnt frühe Zunahme der SARI-Fälle mit Influenza-Diagnose zum Jahreswechsel beobachtet.

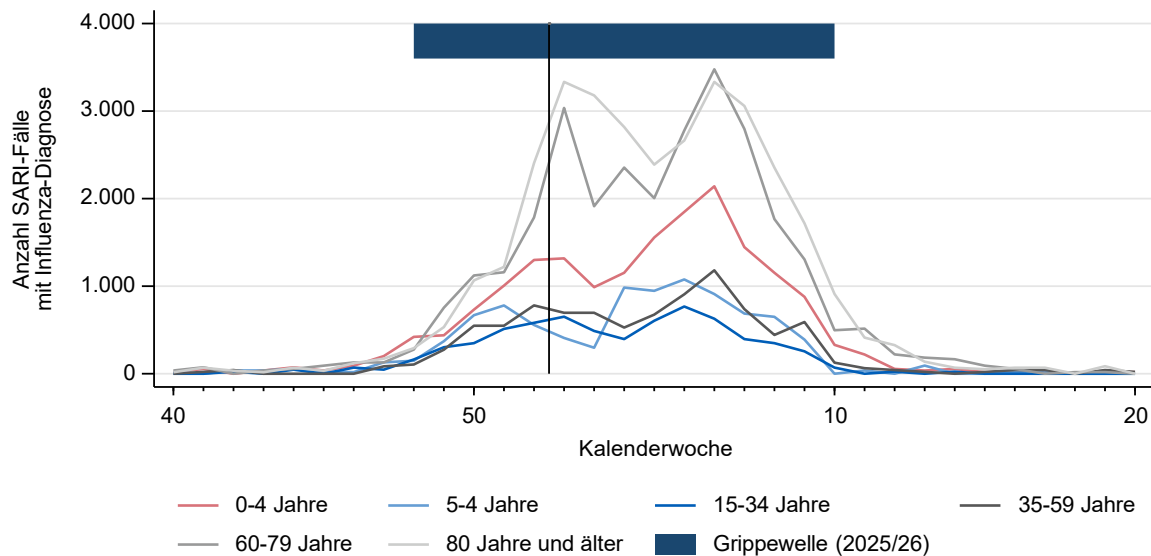


Abbildung 23: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10) in Deutschland nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

Im Gegensatz zu COVID-19 und RSV-Erkrankungen, die hauptsächlich bestimmte Altersgruppen betrafen, zeigten sich während der Grippewelle 2025/26 in allen Altersgruppen erhöhte Fallzahlen (vgl. Abbildung 23 mit Abbildung 40 (SARI mit COVID-19) und Abbildung 55 (SARI mit RSV)).

Im Vergleich zu den beiden Vorsaisons wurden in der Wintersaison 2025/26 mehr SARI-Fälle mit Influenza-Diagnose aus den Altersgruppen 0 bis 4 Jahre sowie 60 Jahre und älter hospitalisiert (Abbildung 24). Die übrigen Altersgruppen (5 bis 59 Jahre) sind in 2025/26 seltener als in der Wintersaison 2024/25 hospitalisiert worden, in der es eine ausgeprägte Influenzawelle mit ungewöhnlich vielen Hospitalisierungen bei Schulkindern gab [5].

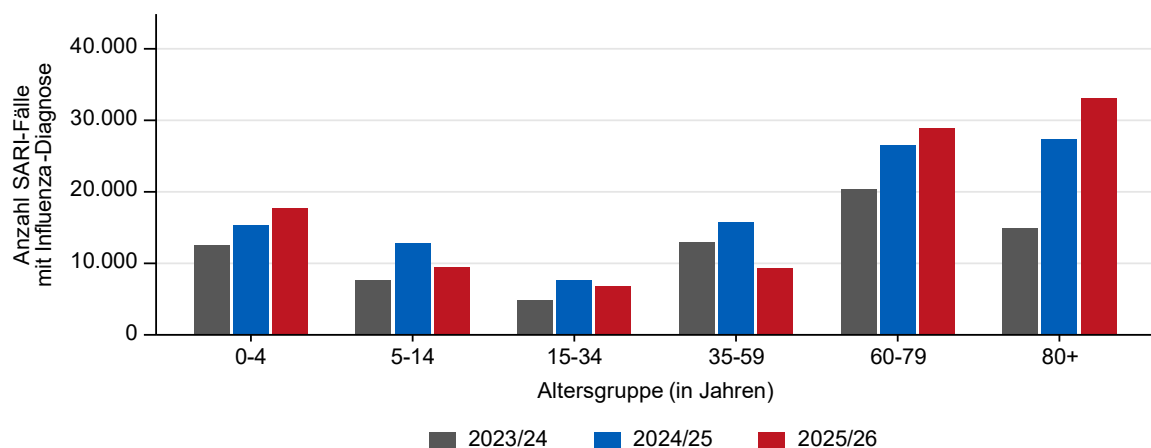


Abbildung 24: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10) in Deutschland nach Altersgruppen für die postpandemischen Wintersaisons 2023/24 bis 2025/26 (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

Die Gesamtzahl aller SARI-Fälle mit Influenza-Diagnose, d. h. altersunabhängig betrachtet, war in den Wintersaisons 2024/25 und 2025/26 vergleichbar (ca. 104.000 vs. ca. 105.000). Deutlich weniger Influenza-bedingte SARI-Fälle (ca. 72.000) waren es hingegen in der Wintersaison 2023/24 (Abbildung 25). Ein umgekehrtes Bild zeigte sich bei SARI-Fällen mit COVID-19 bzw. RSV-Erkrankung über die vergangenen drei Wintersaisons, hier wurden insbesondere in der Wintersaison 2023/24 jeweils die meisten Fälle beobachtet (Abbildung 42 (SARI mit COVID-19), Abbildung 57 (SARI mit RSV)).

Der verhältnismäßig frühe Beginn der Grippewelle 2025/26 im Vergleich zu den beiden Vorsaisons zeigte sich im ambulanten Bereich ebenso wie im stationären Bereich sowohl bei der wöchentlichen Anzahl der betroffenen Fälle als auch bei dem wöchentlichen Anteil der vergebenen Influenza-Diagnosen (Abbildung 25 und Abbildung 20). Die maximale wöchentliche Anzahl an SARI-Patientinnen und -Patienten mit einer diagnostizierten Influenza lag jedoch ähnlich wie in den beiden Vorsaisons bei knapp 12.000 Fällen (Tabelle 6, Abbildung 25).

Während der Grippewelle 2025/26 erhielt fast jeder zweite SARI-Fall eine Influenza-Diagnose (Abbildung 25, Tabelle 6). Ein ähnlich hoher Anteil wurde auch in den beiden Vorsaisons zum Höhepunkt der Grippewelle beobachtet, in der Wintersaison 2025/26 blieb dieser Anteil jedoch über einen etwas längeren Zeitraum bestehen.

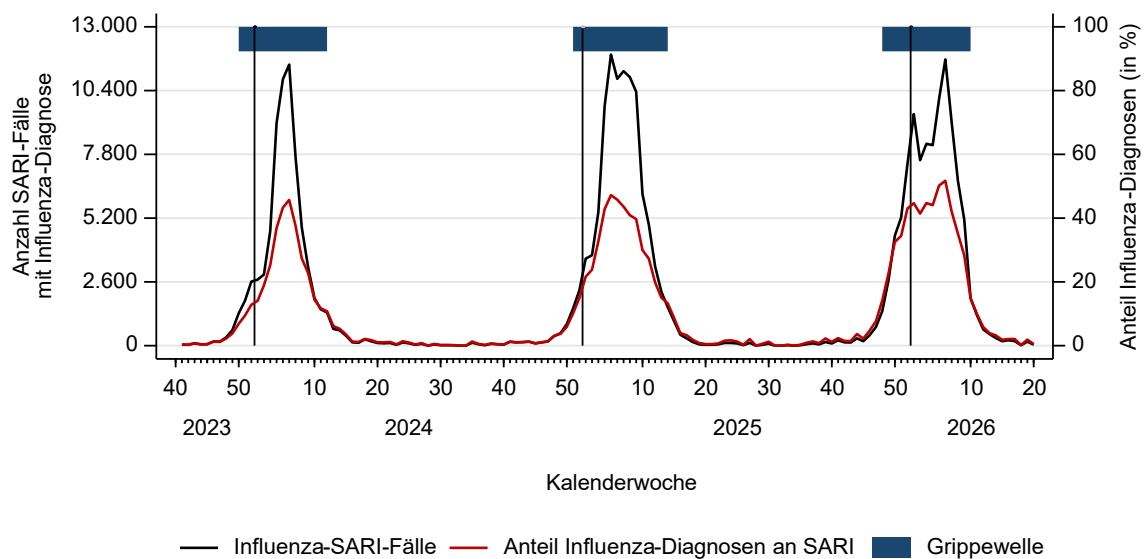


Abbildung 25: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10) (schwarze Linie) sowie der Anteil an Influenza-Diagnosen bei den SARI-Fällen (rote Linie) in den postpandemischen Jahren 2023 bis 2026 in Deutschland. Die schwarzen, senkrechten Striche zeigen den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

4.2.3.2 Influenza-Nachweise in der virologischen SARI-Surveillance

Autorinnen und Autoren: Annika Erdwiens, Ute Preuß, Irmgard Stroetmann, Barbara Biere, Janine Reiche, Kristin Tolsdorf, Ralf Dürrwald

In der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026) waren unter den insgesamt 181 nachgewiesenen Influenzaviren aus der virologischen SARI-Surveillance 122 (67 %) Influenza A(H3N2)-, 57 (32 %) A(H1N1)pdm09- und keine Influenza-B-Viren. In zwei Fällen (0,01 %) konnte kein Influenza A-Subtyp bestimmt werden. Im Vergleich zur virologischen ARE-Surveillance zeigte sich eine ähnliche Subtypenverteilung mit dominierendem Influenza A(H3N2)-Viren (siehe *Influenza-Nachweise in der virologischen ARE-Surveillance*). Es gab keine Influenza-Doppelinfectionen. Im Sommer 2025 zirkulierten kaum Influenzaviren (siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

Im ambulanten und im stationären Bereich waren die Influenza-Subtypen in der Wintersaison 2025/26 ähnlich verteilt: rund zwei Drittel der Influenza-Nachweise entfiel auf A(H3N2)-Viren, rund ein Drittel auf A(H1N1)pdm09-Viren.

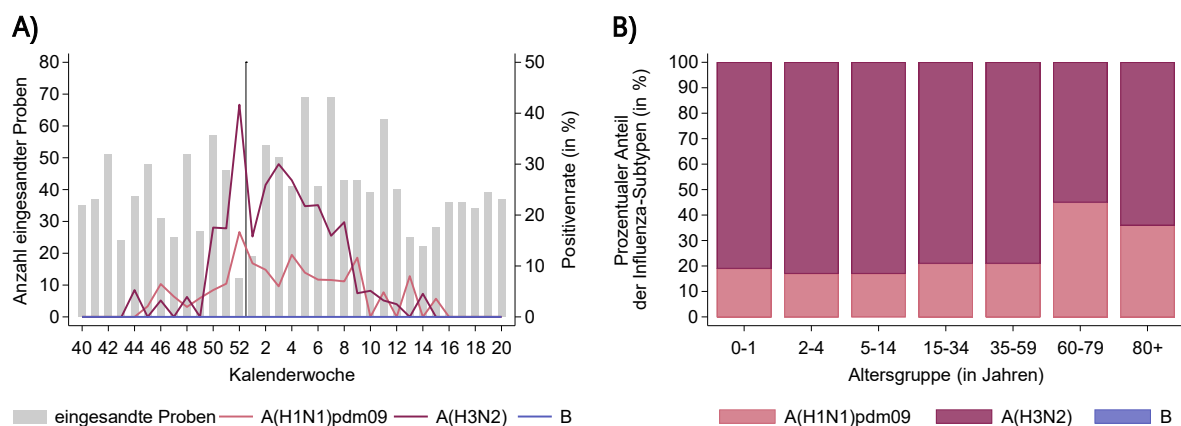


Abbildung 26: A) Anzahl eingesandter Proben und Anteile der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen im Rahmen der virologischen SARI-Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die senkrechte durchgehende Linie markiert den Jahreswechsel. B) Prozentuale Verteilung der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen Influenzavirusnachweisen aus der virologischen SARI-Surveillance nach Altersgruppen in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026).

In der Wintersaison 2025/26 wurden Influenza A(H3N2)-Viren erstmals in der 44. KW 2025 nachgewiesen (Abbildung 26A). Nach zunächst sporadischem Auftreten stieg die Positivrate (PR) ab der 50. KW 2025 deutlich an und erreichte in der 52. KW 2025 mit 41 % ihren

Höhepunkt, gefolgt von einem allmählichen Rückgang. In der 14. KW 2026 gab es den letzten Nachweis von Influenza A(H3N2)-Viren. Influenza A(H1N1)pdm09-Viren wurden in der Wintersaison 2025/26 erstmals in der 45. KW 2025 detektiert. Ab der 50. KW 2025 zeigte sich ein Anstieg der PR, die in der 52. KW 2025 mit 17 % ihren Höhepunkt erreichte. Der letzte Nachweis erfolgte in der 15. KW 2026. Influenza B-Viren wurden in der Wintersaison 2025/26 nicht detektiert. Auch der saisonale Verlauf entsprach weitgehend der virologischen ARE-Surveillance (siehe *Influenza-Nachweise in der virologischen ARE-Surveillance*).

Influenza A(H3N2)-Viren dominierten insbesondere bei den 0- bis 59-Jährigen (75-83 % aller Influenzavirusnachweise) (Abbildung 26B). Bei Personen ab 60 Jahren wurde ein größerer Anteil von Influenza A(H1N1)pdm09-Viren als in den jüngeren Altersgruppen nachgewiesen (34-45 % vs. 17-21 %) nachgewiesen. In der virologischen ARE-Surveillance dominierten Influenza A(H3N2)-Viren hingegen bereits bei den 35- bis 59-Jährigen (siehe *Influenza-Nachweise in der virologischen ARE-Surveillance*). Influenza B-Viren wurden nicht detektiert (Abbildung 26B).

4.2.4 Influenza-/RSV-assoziierte Übersterblichkeit

Autoren: Udo Buchholz, Andreas Hicketier, Matthias an der Heiden

Die Methodik der Berechnung der Influenza-/RSV-assoziierten Übersterblichkeit ist im Kapitel *Glossar* beschrieben. Da die Influenzawelle jeweils zu großen Teilen mit der RSV-Welle überlappte und nicht nur Influenza- sondern auch RS-Viren zu erheblichen Übersterblichkeiten in der älteren Bevölkerung führen können [17], wurde in diesem Ansatz nicht zwischen Influenza und RSV differenziert. Die während der zwei post-pandemischen Influenza- bzw. RSV-Wellen (2024/25 und 2025/26) beobachtete Übersterblichkeit wurde daher Influenza und RSV gemeinsam zugeordnet. Für die Auswertung wurde der Datenstand der Übersterblichkeits-surveillance [15] vom 02.09.2026 verwendet. Für die nach IfSG übermittelten Todesfälle in den Meldedaten verweisen wir auf das Kapitel *Influenza-Meldungen gemäß IfSG* (52Abschnitt „Todesfälle“).

Die der Influenza bzw. RSV-Erkrankungen zugeordnete Übersterblichkeit wurde nach verschiedenen Altersgruppen, aber auch Sterbeorten getrennt dargestellt (Abbildung 27). Demnach traten in der Saison 2024/25 mit etwa 19.000 mehr Todesfälle auf im Vergleich zur Saison 2025/26 (ca. 16.000). Welcher Anteil dabei Influenzavirus- und welcher RSV-Infektionen zuzuschreiben ist, ist nicht bekannt, es ist jedoch anzunehmen, dass Influenzavirus-Infektionen den deutlich größeren Anteil ausmachen. Die bei den Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz übermittelten 2.216 bzw. 421 Todesfälle in Saison 2025/26 mit labordiagnostisch-bestätigter Influenzavirus- bzw. RSV-Infektion sind deutlich niedriger, weil nicht bei allen Verstorbenen, bei denen eine Influenza- bzw. RSV-Infektion die Todesursache hätte sein können, ein Labortest durchgeführt wird (siehe *Influenza-Meldungen gemäß IfSG* bzw. *RSV-Meldungen gemäß IfSG*). Im Anschluss an die Influenza-/RSV-Wellen der Saison 2025/26 zeigte sich eine kleine „Untersterblichkeit“ im Sinne eines Harvesting-Effektes, die jedoch in ihrem Ausmaß deutlich unterhalb der beobachteten Übersterblichkeit während der Influenza-/RSV-Welle blieb.

Die meisten Todesfälle ereigneten sich während der Influenza-/RSV-Wellen in den Wintersaisons 2025/26 und 2024/25 in der Altersgruppe der Personen ab 85 Jahren. In der Saison 2024/25 wurden häufig Influenza B-Viren und in der Saison 2025/26 vor allem Influenza

A(H3N2)-Viren nachgewiesen, gegen welche die Grundimmunität in der hochaltrigen Bevölkerung nicht so ausgeprägt war.

Obwohl die meisten Influenza-/RSV-assoziierten Todesfälle in den Krankenhäusern verstarben, war doch auch für einen großen Anteil der Sterbeort das Pflegeheim bzw. andere Orte in Deutschland, mutmaßlich vor allem private Wohnstätten. Bei den Todesfällen, die in Alten- und Pflegeheimen auftraten, sind die individuellen Umstände nicht bekannt. Dennoch unterstreichen die hohen Todesfallzahlen in Alten- und Pflegeheimen, gepaart mit den gemäß Infektionsschutzgesetz übermittelten Influenza- bzw. RSV-Ausbrüchen (323 bzw. 44 in Saison 2025/26; siehe *Influenza-Meldungen gemäß IfSG* bzw. *RSV-Meldungen gemäß IfSG*), wie wichtig es ist, innerhalb von Alten- und Pflegeheimen bei auftretenden Erkrankungen der Atemwege auf Influenza und RSV zu testen, um so Ausbrüche verhindern bzw. rasch erkennen und eindämmen zu können.

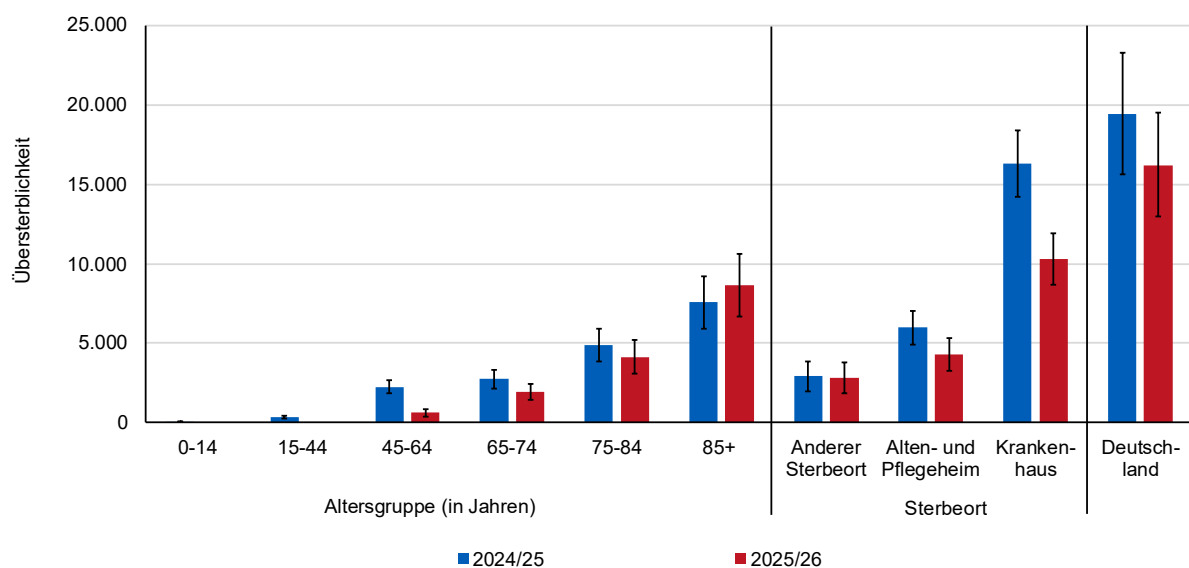


Abbildung 27: Während der Aktivität von Influenzaviren bzw. RSV beobachtete Übersterblichkeit, nach Altersgruppe, nach Sterbeort und für Deutschland gesamt, für die Saisons 2024/25 und 2025/26.

4.2.5 Influenza-Meldungen gemäß IfSG

Autorinnen: Lei Mao, Maria Helmrich

Fallzahlen

Für die Wintersaison 2025/26 (40. Meldewoche (MW) 2025 bis 20. MW 2026) wurden dem RKI gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) 242.716 Influenzafälle übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen. Davon entfallen 240.235 auf labordiagnostisch bestätigte Influenzavirusinfektionen. Abbildung 28 veranschaulicht den zeitlichen Verlauf der Fallzahlen während der Saison. Die Fallzahlen stiegen zunächst von der 48. bis zur 51. MW 2025 kontinuierlich an. Nach einem kurzen Rückgang der Fallzahlen in der 52. MW 2025 setzte sich der Anstieg ab der 2. MW 2026 bis zum Höhepunkt der Grippewelle in der 6. MW 2026 fort. Im Anschluss daran gingen die Fallzahlen allmählich zurück. Die Grippewelle endete mit der 10. MW 2026, gefolgt von einem weiteren Rückgang der Influenza-Fallzahlen. Ab der 20. MW 2026 wurden wöchentlich weniger als 100 Influenza-Fälle übermittelt.

Insgesamt startete die Influenzaaktivität in der Wintersaison 2025/26 deutlich früher als in der Vorsaisons 2023/24 und 2024/25. Die maximale Zahl übermittelter Fälle in 2025/26 lag unter dem Niveau der beiden Vorsaisons, jedoch war die aktuelle Saison durch eine längere Dauer der Aktivität gekennzeichnet.

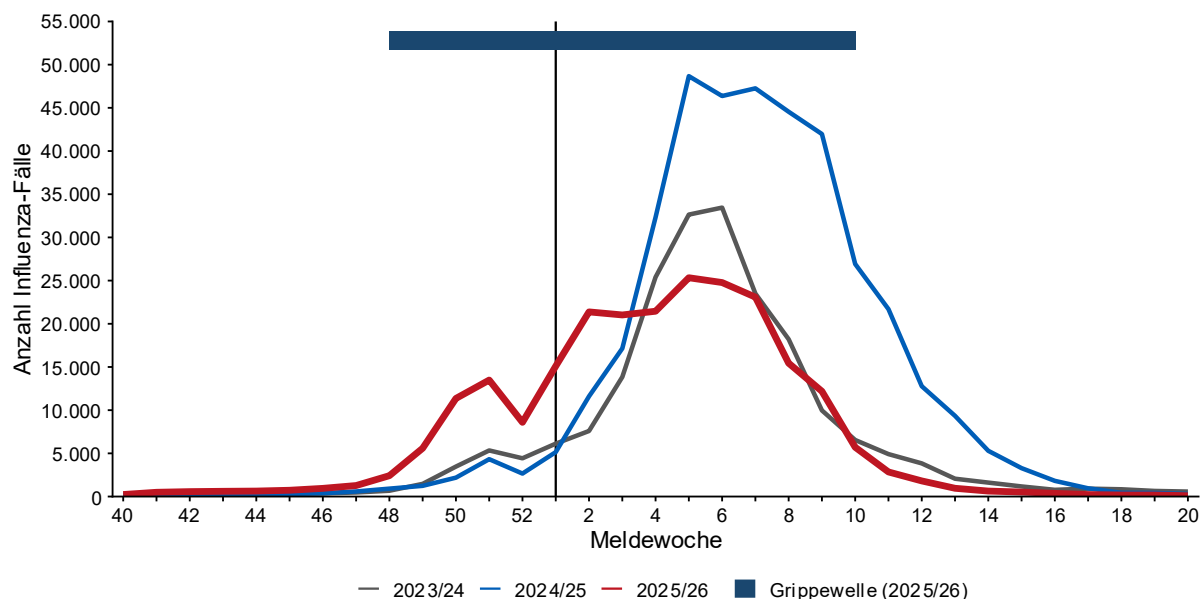


Abbildung 28: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte Influenzafälle nach Meldewoche in der Wintersaison 2025/26 und den zwei Vorsaisons (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitionskategorien C–E). Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle.

Unter den gemäß IfSG übermittelten laborbestätigten Influenza-Fällen lag für 150.238 Fälle (63 %) eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Davon waren insgesamt 64.953 (43 %) Fälle stationär aufgenommen. Die altersstratifizierte Analyse zeigt, dass ein hoher Anteil der Hospitalisierungen in der Altersgruppe ab 60 Jahre auftrat (66 %, 42.622), während der Anteil im Kindesalter 11 % (7.426) betrug.

Ausbrüche

In der Saison wurden insgesamt 1.495 Influenza-Ausbrüche mit jeweils fünf und mehr Fällen im Meldesystem registriert (Abbildung 29). Diese umfassten insgesamt 19.899 Fälle. Die durchschnittliche Fallzahl pro Ausbruch betrug 13,6 Fälle pro Ausbruch. Die meisten Ausbrüche traten im epidemiologischen Setting Kindertagesstätten/Horten (450; 31 %) auf, gefolgt von Krankenhaus auf (446; 31 %) sowie Alten-/Pflegeheim (323; 22 %). Der größte Ausbruch umfasste 130 Fälle im Setting Schule. Unter den sonstigen Settings wurden Reha-Einrichtungen (n = 34; 2,2 %), private Haushalte (n = 26; 1,7 %) sowie andere medizinische Einrichtungen (n = 17; 1,1 %) angegeben.

Influenza - Ausbrüche

Gesamtzahl Saison	1.495
Krankenhaus	446
Alten-/Pflegeheim	323
Schule	56
Kita/Hort	450
sonstige Settings*	184
Anzahl Ausbruchsfälle	19.899
durchschnittliche Fallzahl pro Ausbruch	13,6

*Unter sonstige Settings sind alle weiteren Settings wie z.B. privater Haushalt, Arbeitsplatz oder Freizeit zusammengefasst.

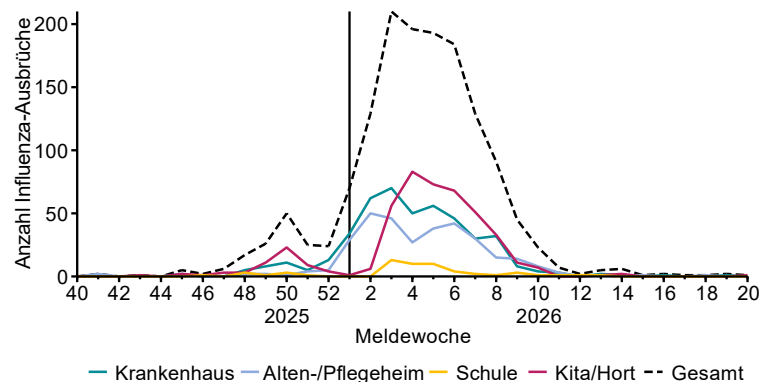


Abbildung 29: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte Influenza-Ausbrüche gesamt sowie für ausgewählte Settings in der Wintersaison 2025/26. Es wurden nur Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen gemäß Referenzdefinition (einschließlich klinisch epidemiologisch bestätigter Fälle der RKI-Falldefinitionskategorien B – E) berücksichtigt. Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres.

Influenza-Ausbrüche wurden überwiegend aus Betreuungseinrichtungen und Krankenhäusern übermittelt.

Todesfälle

In der Wintersaison 2025/26 (40. MW 2025 bis 20. MW 2026) wurden 2.216 Todesfälle mit labordiagnostisch bestätigter Influenzavirusinfektion an das RKI übermittelt (Tabelle 8). Dies entspricht einem Anteil von 0,9 % allen übermittelten Influenzafällen (Kategorie C-E) sowie einer Mortalität übermittelter Todesfälle von 2,6 pro 100.000 Einwohnerin und Einwohnern. Die Zahl der übermittelten Todesfälle hat damit in den vergangenen drei Saisons kontinuierlich zugenommen (1.018 in der Saison 2023/24; 1.916 in der Saison 2024/25). Das spiegelte sich jedoch nicht in der Zahl der übermittelten Fälle insgesamt wider (Abbildung 28).

Die altersstratifizierte Analyse zeigt, dass der überwiegende Anteil der Todesfälle in der Altersgruppe ab 80 Jahre auftrat (67 %). Ein weiterer relevanter Anteil entfiel auf die Altersgruppe

der 60- bis 79-Jährigen (28 %). Demgegenüber war der Anteil der Todesfälle im Kindesalter von 5 bis 14 Jahre mit 0,3 % sehr gering. Die anhand der Meldedaten geschätzte Mortalität unterschätzt jedoch die tatsächliche influenzaassoziierte Mortalität, da nur übermittelte Influenzafälle erfasst werden. Das Ausmaß der Erfassung ist wiederum unter anderem vom Testverhalten abhängig (siehe auch *Influenza-/RSV-assoziierte Übersterblichkeit*) [11].

Tabelle 8: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte Influenza-Todesfälle nach Altersgruppe in der Wintersaison 2025/26 (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C-E).

Todesfälle nach Altersgruppe		
Altersgruppe (Jahre)	Todesfälle	Anteil
<5	8	0,4%
5-14	6	0,3%
15-34	7	0,3%
35-59	79	3,6%
60-79	620	28,0%
≥80	1.496	67,5%
Gesamt	2.216	100,0%

Die Zahl der übermittelten Influenza-Todesfälle hat damit in den vergangenen drei Wintersaisons kontinuierlich zugenommen.

4.3 Weiterführende virologische und genomische Analysen

4.3.1 Molekulare Analysen von Influenzaviren

Autorinnen und Autoren: Marianne Wedde, Susanne Duwe, Barbara Biere, Marie Lataretu, Thorsten Wolff, Ralf Dürrwald

Die gemeinsame Analyse von Hämagglutinin- (HA) und Neuraminidase- (NA) Subkladen im Rahmen der molekularen Analyse von Influenzaviren Molekulare Analyse von Influenzaviren ermöglicht eine detailliertere genetische Charakterisierung der zirkulierenden Influenzaviren. Sie kann Hinweise auf Reassortierungsereignisse sowie die Etablierung erfolgreicher Virusgenotypen liefern (Tabelle 9).

Im Bezugszeitraum von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026 (Sommer: 21. KW bis 39. KW 2025; Wintersaison: 40. KW 2025 bis 20. KW 2026) wurden 797 Genome von saisonalen Influenza A(H3N2)- (n = 561), Influenza A(H1N1)pdm09- (n = 234) und Influenza B-Viren der Victoria-Linie (n = 2) sequenziert. Diese stammten von Polymerase-Kettenreaktion (PCR)-positiven Proben aus der virologischen Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE; 85 %) und schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI; 12 %) sowie aus Untersuchungsaufträgen des Nationalen Referenzzentrums für Influenzaviren (NRZI; 3 %).

In der Wintersaison 2025/26 dominierten Influenza A(H3N2)-Viren (siehe Influenza-Nachweise in der virologischen ARE-Surveillance und Influenza-Nachweise in der virologischen SARI-Surveillance). Die molekulare Analyse des Hämagglutinin (HA)-Gens zeigte, dass die Subklade K (96 %) überwog. Entsprechend der Weltgesundheitsorganisation (WHO)- und der Nextstrain-Definition ist die Subklade K durch sieben bzw. fünf Aminosäuresubstitutionen charakterisiert (Tabelle 9). Gegenüber dem aktuellen Impfstammvirus A/Croatia/10136RV/2023 hat die Subklade K noch vier weitere Substitutionen: HA1:T135K, HA1:N145S, HA1:A186D, HA1:K189R. Hierzu zählen Substitutionen in den Aminosäurepositionen, welche in den antigenen Domänen des globulären HA-Kopfes lokalisiert sind und zur antigenen Drift beitragen können (HA1: 145, 158, 189; [18]). Die Analyse des Neuraminidase (NA)-Gens ergab, dass die Subklade B.4.2.2 (96 %) am häufigsten vertreten war. Die gemeinsame Analyse der HA/NA-Genotypen zeigte dementsprechend, dass die Kombination K/B.4.2.2 dominierte (95 %; Tabelle 10, Abbildung 30).

Darüber hinaus wurde das HA-Gen von Influenza A(H1N1)pdm09-Viren untersucht und belegte die vorwiegende Zirkulation von D.3.1.1-Viren (91 %). Die Analyse des NA-Gens zeigte, dass zwei von drei Subkladen häufig vertreten waren: D.3 (70 %) und D.1 (25 %). Bei den Influenza A(H1N1)pdm09-Viren gab es demnach zwei dominierende HA/NA-Genotypen: D.3.1.1/D.3 (70 %) und D.3.1.1/D.1 (20 %; Tabelle 11, Abbildung 31).

Influenza B-Viren der Victoria-Linie zirkulierten in der Wintersaison 2025/26 nur selten. Zwei dieser Viren wurden sequenziert und stammten aus Untersuchungsaufträgen des NRZI. Sie repräsentierten den HA/NA-Genotyp C.3.1/B.3 bzw. C.5.6/B.8.

Bei den sequenzierten Influenza A(H3N2)- und A(H1N1)pdm09-Viren waren jeweils 4 % der Virusinfektionen mit schweren Verläufen (u. a. Pneumonie, Krampfanfall, Intensivstation-Behandlung, Todesfall) assoziiert. Unter den Influenza A(H3N2)- und A(H1N1)pdm09-Viren assoziiert mit schweren Krankheitsverläufen dominierten ebenso die HA/NA-Genotypen K/B.4.2.2 bzw. D.3.1.1/D.3 (Tabelle 10, Tabelle 11).

Tabelle 9: Kladen und Subkladen der Hämagglutinin-(HA-) und Neuraminidase-(NA-)Gene saisonaler Influenza A- und B-Viren. Die Subkladen-spezifischen Mutationen und die daraus abgeleiteten Aminosäuresubstitutionen sind relativ zu den Referenzviren A/Darwin/6/2021 (A(H3N2)), A/Wisconsin/588/2019 (A(H1N1)pdm09) und B/Brisbane/60/2008 (B/Victoria) dargestellt (Nextclade v3.21.2, Datenset Version 2026-04-14--11-55-23Z [19], <https://clades.nextstrain.org/>). *Entsprechend der WHO-Definition sind sieben Substitutionen charakteristisch für die Subklade K. Zusätzlich zu den genannten Substitutionen zählen hierzu HA1:T328A und HA2:S49N [20]).

Influenza- virus	Gen	Klade	Kurzname Klade	Sub- klade	Subkladen-spezifische Mutationen oder Substitutionen
A(H3N2)	HA	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2	HA1:276E, HA1:122D
	HA	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2.2	HA1:124N
	HA	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2.3	HA1:158K, HA1:189R, HA2:49N, nuc:539G
	HA	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	J.2.4	HA1:135K, HA1:189R, nuc:469A, nuc:1568A
	HA	3C.2a1b.2a.2a.3a.1	2a.3a.1	K	HA1:2N, HA1:144N, HA1:158D, HA1:160K, HA1:173R*
	NA	-	-	B.4.2	NA:400K, nuc:60G
	NA	-	-	B.4.2.2	NA:358D, NA:468R, NA:346G
	NA	-	-	B.4.2.3	NA:24L, NA:262V, NA:386S
A(H1N1) pdm09	HA	6B.1A.5a.2a.1	5a.2a.1	D.3.1	HA2:193A, HA2:133T
	HA	6B.1A.5a.2a.1	5a.2a.1	D.3.1.1	HA1:113K, HA1:139D, HA1:283K, HA1:302E
	NA	-	-	D.1	NA:98V, nuc:1208G, nuc:1304G
	NA	-	-	D.2	NA:52N, nuc:1016C
	NA	-	-	D.3	NA:93S, NA:314I
B Victoria- Linie	HA	VI.A.3a.2	-	C.3.1	HA1:197N, HA1:208S, nuc:700T, nuc:1605C
	HA	VI.A.3a.2	-	C.5.6	HA1:129N, nuc:555T, nuc:435G
	NA	-	-	B.3	NA:15L, nuc:429T
	NA	-	-	B.8	NA:45T, nuc:975G

Tabelle 10: Anteil der Hämagglutinin-(HA-) und Neuraminidase-(NA-)Subkladen sowie nachgewiesene HA/NA-Genotypen (Kombination der HA/NA-Subkladen) von Influenza A(H3N2)-Viren.

Gen	Subklade / Kombination %	ARE gesamt n = 488	ARE Pneu n = 18	SARI gesamt n = 62	SARI ITS n = 1	NRZI gesamt n = 11	NRZI sV n = 6	Gesamt n = 561	Gesamt sV* n = 25
HA	J.2	0,4	0	1,6	0	0	0	0,5	0
HA	J.2.2	0,6	0	1,6	0	0	0	0,7	0
HA	J.2.3	0,8	5,6	0	0	0	0	0,7	4
HA	J.2.4	2,5	0	3,2	0	0	0	2,5	0
HA	K	95,7	94,4	93,5	100	100	100	95,6	96
NA	B.4.2	3,7	0	3,2	0	0	0	3,6	0
NA	B.4.2.2	95,5	94,4	96,8	100	100	100	95,7	96
NA	B.4.2.3	0,8	5,6	0	0	0	0	0,7	4
HA/NA	J.2 / B.4.2	0,4	0	1,6	0	0	0	0,5	0
HA/NA	J.2.2 / B.4.2.2	0,6	0	1,6	0	0	0	0,7	0
HA/NA	J.2.3 / B.4.2.3	0,8	5,6	0	0	0	0	0,7	4
HA/NA	J.2.4 / B.4.2	2,5	0	0	0	0	0	2,1	0
HA/NA	J.2.4 / B.4.2.2	0	0	3,2	0	0	0	0,4	0
HA/NA	K / B.4.2	0,2	0	0	0	0	0	0,2	0
HA/NA	K / B.4.2.2	95,5	94,4	93,5	100	100	100	95,4	96

ARE = akute respiratorische Erkrankungen in der virologischen ARE-Surveillance; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen in der virologischen SARI-Surveillance; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren (Untersuchungsaufträge); Pneu = Pneumonie; ITS = Intensivstation; sV = schwerer Verlauf; sV* = alle schweren Verläufe aus ARE und NRZI sowie SARI-Fälle mit ITS-Behandlung.

Tabelle 11: Anteil der Hämagglutinin-(HA-) und Neuraminidase-(NA-)Subkladen sowie nachgewiesene HA/NA-Genotypen (Kombination der HA/NA-Subkladen) von Influenza A(H1N1)pdm09-Viren.

Gen	Subklade / Kombination %	ARE gesamt n = 188	ARE Pneu n = 4	SARI gesamt n = 33	SARI ITS n = 4	NRZI gesamt n = 13	NRZI sV n = 1	Gesamt n = 234	Gesamt sV* n = 9
HA	D.3.1	8,0	50,0	6,1	0,0	30,8	0,0	9,0	22,2
HA	D.3.1.1**	92,0	50,0	93,9	100,0	69,2	100,0	91,0	77,8
NA	D.1	26,6	50,0	9,1	0,0	38,5	0,0	24,8	22,2
NA	D.2	4,3	25,0	6,1	0,0	15,4	0,0	5,1	11,1
NA	D.3	69,1	25,0	84,8	100,0	46,2	100,0	70,1	66,7
HA/NA	D.3.1 / D.1	4,3	25,0	0,0	0,0	23,1	0,0	4,7	11,1
HA/NA	D.3.1 / D.2	3,7	25,0	6,1	0,0	7,7	0,0	4,3	11,1
HA/NA	D.3.1.1 / D.1	22,3	25,0	9,1	0,0	15,4	0,0	20,1	11,1
HA/NA	D.3.1.1 / D.2	0,5	0,0	0,0	0,0	7,7	0,0	0,9	0,0
HA/NA	D.3.1.1 / D.3	69,1	25,0	84,8	100,0	46,2	100,0	70,1	66,7

ARE = akute respiratorische Erkrankungen in der virologischen ARE-Surveillance; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen in der virologischen SARI-Surveillance; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren (Untersuchungsaufträge); Pneu = Pneumonie; ITS = Intensivstation; sV = schwerer Verlauf; sV* = alle schweren Verläufe aus ARE und NRZI sowie SARI-Fälle mit ITS-Behandlung;

D.3.1.1**: neue Subklade, designiert am 23.11.2025, verfügbar ab Nextclade Datenset 2025-12-02-12-30-02Z.

Die Ergebnisse der molekularen Analyse der HA-Gene saisonaler Influenzaviren aus Deutschland (siehe auch Abbildungen unter folgendem Link https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Nationale-Referenzzentren-und-Konsiliarlabore/Influenza/zirkulierende/VirolAnalysen_2025_26.html) stimmten weitgehend mit den auf europäischer Ebene beobachteten Ergebnissen überein. In der Wintersaison 2025/26 waren die Influenza A(H3N2)-Viren in Europa am häufigsten vertreten. Die Subklade K dominierte mit einem Anteil von 89 %. Auch für die Influenza A(H1N1)pdm09- und Influenza B-Viren der Victoria-Linie zeigten sich vergleichbare Ergebnisse der molekularen Charakterisierung [21].

Sowohl in Deutschland als auch in Europa dominierten in der Wintersaison 2025/26 Influenza A(H3N2)-Viren der Subklade K.

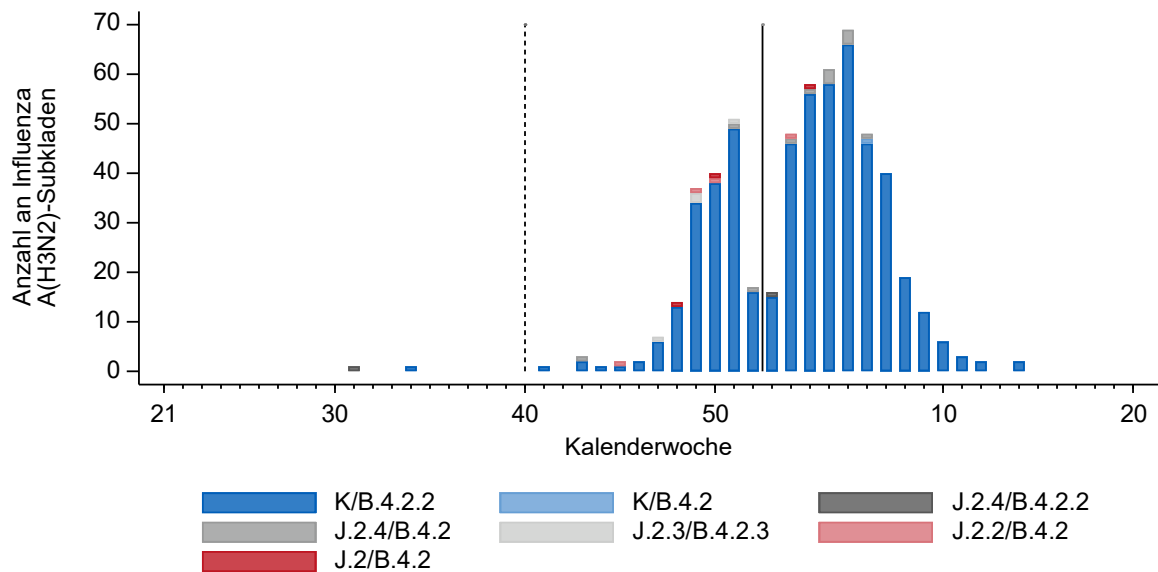


Abbildung 30: Hämagglutinin (HA)/Neuraminidase (NA)-Genotypen (Kombinationen aus HA- und NA-Subkladen) der Influenza A(H3N2)-Viren von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026.

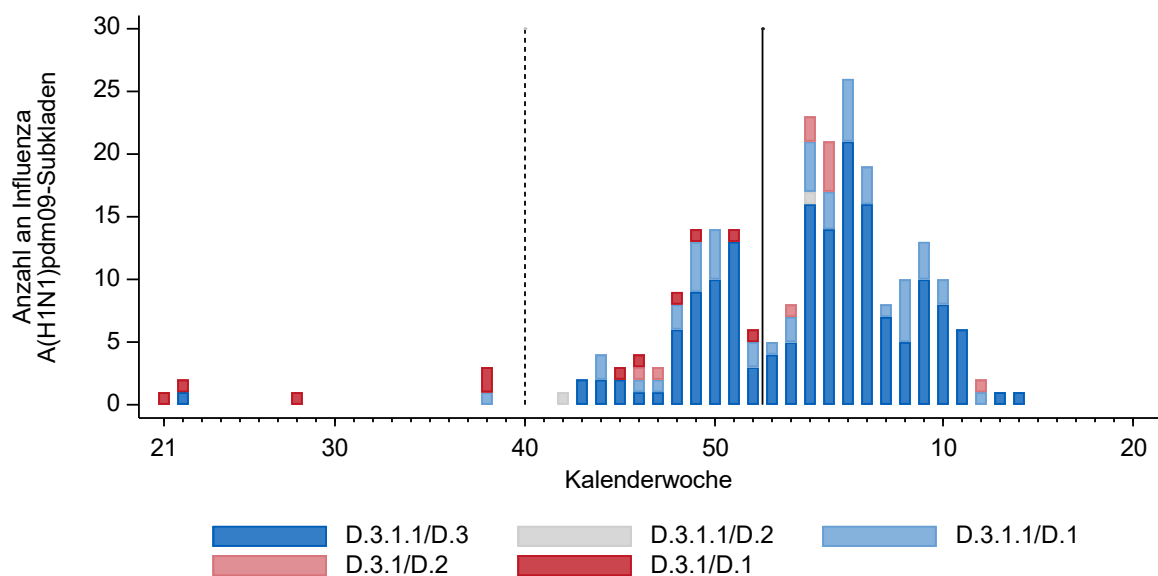


Abbildung 31: Hämagglutinin (HA)/Neuraminidase (NA)-Genotypen (Kombinationen aus HA- und NA-Subkladen) der Influenza A(H1N1)pdm09-Viren von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026.

4.3.2 Antigene Charakterisierung von Influenzaviren

Autorinnen und Autoren: Ralf Dürrwald, Marianne Wedde, Susanne Duwe, Barbara Biere, Marie Lataretu, Thorsten Wolff

In der Wintersaison 2025/26 wurden insgesamt 822 Influenzavirusisolate auf ihre Passgenauigkeit zu den in den empfohlenen Influenza-Impfstämmen untersucht. Darunter befanden sich 513 in Zellkultur isolierte Influenza A(H3N2)-Viren und 308 in Zellkultur isolierte Influenza A(H1N1)pdm09-Viren. Ein Influenza B-Virus der Victoria-Linie wurde isoliert.

Alle isolierten Influenza A(H3N2)-Viren wurden vom gegen den Impfstamm gerichteten Referenzserum (Impfstoffvirus A/Croatia/10136RV/2023-like) im Hämagglutinationshemmtest erkannt, jedoch reagierten die meisten Viren der Subklade K vier bis fünf $\log_2$ -Stufen geringer als das homologe Impfvirus (siehe auch Abbildungen unter folgendem Link https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Nationale-Referenzzentren-und-Konsiliarlabore/Influenza/zirkulierende/VirolAnalysen_2025_26.html). Das bedeutet, dass die zirkulierenden Influenza A(H3N2)-Viren zwar von gegen den Impfstamm gerichteten Antikörpern erkannt werden. Jedoch ist aufgrund der niedrigeren Antikörpertiter bei Personen ohne frühere Antigenkontakte (z.B. bei kleinen Kindern) mit einer kürzeren Dauer der Immunität nach Impfung im Bezug auf Schutz vor Infektion (bzw. bei starker Exposition: Schutz vor Erkrankung) zu rechnen. Bei Personen mit früheren Antigenkontakten wirkt die Impfung dagegen als Booster und induziert eine breitere Immunität, die auch die Subklade K umfasst. In Bezug auf Schutz vor schwerer Erkrankung gibt es auch bei Personen, die vor der Influenza-Impfung keine Antigenkontakte zu Influenzaviren hatten, keine Unterschiede zu einer Impfung mit hoher Passgenauigkeit, da dieser Schutz auf einer schnellen Reaktivierung der Immunantwort beruht. Dieser ist auch gegen Influenza A(H3N2)-Viren der Subklade K unverändert.

Der Schutz der Influenza-Impfung vor schwerer Erkrankung bleibt erhalten und wirkt unverändert auch gegen Influenza A(H3N2)-Viren der Subklade K.

Alle Influenza A(H1N1)pdm09-Viren reagierten sehr gut mit dem entsprechenden Referenzserum (Impfstoffvirus A/Victoria/4897/2022-like), was für eine sehr hohe Passgenauigkeit spricht. Ebenso lag das einzige isolierte Influenza B-Virus der Victoria-Linie im Bereich sehr guter antigener Passgenauigkeit zum Impfstamm (B/Austria/1359417/2021-like).

4.3.3 Resistenzprüfung von Influenzaviren

Autorinnen und Autoren: Susanne Duwe, Marianne Wedde, Barbara Biere, Marie Lataretu, Thorsten Wolff, Ralf Dürrwald

Entsprechend der Vorgaben der Weltgesundheitsorganisation (WHO) untersucht das NRZI zeitnah mindestens 20 % der nachgewiesenen Influenzaviren auf ihre Empfindlichkeit gegenüber antiviralen Wirkstoffen. Im Bezugszeitraum von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026 (Sommer: 21. KW bis 39. KW 2025; Wintersaison: 40. KW 2025 bis 20. KW 2026) wurden für insgesamt 73 % der im NRZI nachgewiesenen Influenzaviren ein Resistenzprofil erstellt. Dazu wurden 793 Influenzaviren hinsichtlich ihrer Empfindlichkeit gegenüber Neuraminidase (NA)-Inhibitoren analysiert.

Für 375 (34 %) der Virusisolate (188 A(H1N1)pdm09-, 185 A(H3N2)-, 2 B-Viren der Victoria-Linie) wurde die 50 % inhibitorische Konzentration (IC₅₀) von Oseltamivir und Zanamivir bestimmt. Zusätzlich wurden für 219 Influenza A(H1N1)pdm09-, 485 Influenza A(H3N2)- sowie zwei Influenza B-Viren der Victoria-Linie genotypische Resistenzprofile erstellt; 306 Viren wurden sowohl phänotypisch als auch genotypisch untersucht.

Mutationen, die mit einer hohen Resistenz gegenüber NA-Inhibitoren assoziiert sind, wurden in den 806 untersuchten Viren nicht nachgewiesen. Jedoch wurde in 76 % der untersuchten Influenza A(H1N1)pdm09-Viren die NA-Substitution S247N identifiziert. Influenza A(H1N1)pdm09-Viren, die diese Substitution trugen, zeigten im phänotypischen Assay eine drei- bis siebenfach verminderte Empfindlichkeit gegenüber Oseltamivir. In zwei Isolaten wurden Influenza A(H1N1)pdm09-Viren nachgewiesen, die aufgrund der Substitutionen NA-S247N + NA-I223V, bzw. NA-S247N + NA-I223T einen gegenüber dem sensitiven Wildtyp mehr als zehnfache Erhöhung der IC₅₀ für Oseltamivir zeigten. Diese Viren wurden gemäß der WHO-Kriterien als resistent gegen Oseltamivir klassifiziert [22].

Die Analyse der M2-Sequenzen aller 704 untersuchten Influenza A-Viren zeigte die Substitution M2-S31N, die mit einer Resistenz gegenüber Adamantanen (Amantadin, Rimantadin) assoziiert ist. Zusätzlich wiesen zwei Influenza A-Viren weitere Resistenzmarker im M2-Gen auf (M2-L27F/A). Aufgrund der weit verbreiteten S31N-Mutation ist bei den zirkulierenden Influenza-A-Viren von einer intrinsischen Resistenz gegenüber Adamantanen auszugehen. Deshalb wird seit 2006 die Anwendung dieser Wirkstoffklasse zur Therapie der Influenza nicht mehr empfohlen.

In der Wintersaison 2025/26 zirkulierten Influenza A(H1N1)pdm09-Viren mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Oseltamivir deutlich häufiger als zuvor, Resistenzen bleiben jedoch selten.

Für den seit 2021 in der Europäischen Union zugelassenen PA-Inhibitor Baloxavir marboxil, der die Cap-abhängige Endonuklease hemmt und damit einen frühen Schritt der Virusreplikation blockiert, wurden in 608 untersuchten Viren keine mit verminderter Empfindlichkeit assoziierten Mutationen nachgewiesen. Obwohl in klinischen Studien in Deutschland bei etwa 10 % der behandelten Patientinnen und Patienten resistenzassoziierte PA-Substitutionen beobachtet wurden, ergaben sich im Rahmen der Surveillance der in Deutschland zirkulierenden Influenzaviren keine Hinweise auf deren Zirkulation [23]. In Deutschland bleibt die Prävalenz von Influenzaviren, die resistent gegenüber NA-Inhibitoren oder Baloxavir marboxil sind, auf einem niedrigen Niveau. Jedoch zeigte sich im Vergleich zu den vorherigen Saisons eine deutliche Erhöhung der Prävalenz zirkulierender A(H1N1)pdm09-Viren, die die NA-S247N-Substitution trugen und dadurch eine im Vergleich zu sensitiven Wildtyp-Viren verminderte Empfindlichkeit gegenüber Oseltamivir zeigten [22, 24, 25].

4.3.4 Vergleich genomischer Daten aus den virologischen Sentinel-Systemen

Autorinnen und Autoren: Marianne Wedde, Ralf Dürrwald, Janine Michel, Ann-Sophie Lehfeld

Im Zeitraum von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026 wurden in den drei virologischen Sentinel-Systemen GrippeWeb-Plus, ARE-Praxis-Sentinel und SARI-Krankenhaus-Sentinel neben Influenza A(H1N1)pdm09-Viren vor allem Influenza A(H3N2)-Viren nachgewiesen und unter diesen fast ausschließlich die Subklade K. Die Verteilung der Influenza A(H3N2)-Subkladen (J.2, J.2.2, J.2.3, J.2.4 und K) war in allen drei Systemen etwa gleich (Abbildung 32, rechts).

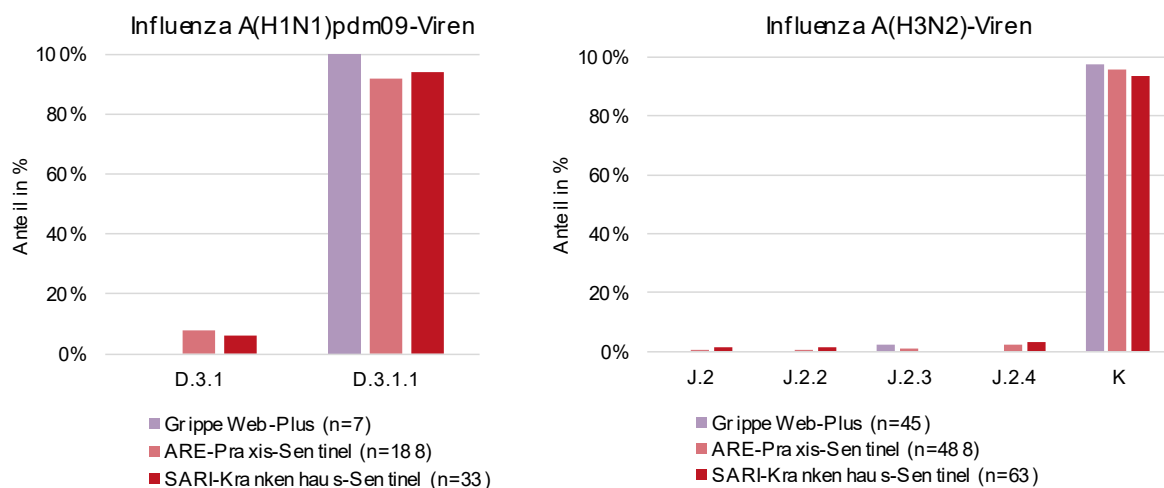


Abbildung 32: Anteil (in Prozent) der Hämagglutinin-(HA-)Subkladen an Proben mit Influenza A(H1N1)pdm09- und A(H3N2)-Viren bei GrippeWeb-Plus, dem virologischen ARE-Praxis-Sentinel und dem SARI-Krankenhaus-Sentinel in dem Zeitraum von der 21. KW 2025 bis 20. KW 2026. Die Bestimmung der Subkladen erfolgte über Sequenzanalyse der HA-Gene via Nextclade (siehe Kapitel 4.3).

4.4 Influenza-Impfungen

4.4.1 Zusammensetzung des Impfstoffes in der Wintersaison 2025/26

Autorin: Johanna Schlager

Für die Wintersaison 2025/26 standen in Deutschland trivalente Zellkultur- oder Ei-basierte Influenza-Impfstoffe zur Verfügung. Entsprechend der Empfehlung der WHO für die nördliche Hemisphäre für die Saison 2025/2026 sollten die Influenza-Impfstoffe folgende Stränge enthalten [20]:

Ei-basierte Impfstoffe:

- A/Victoria/4897/2022 (H1N1)pdm09-like virus;
- A/Croatia/10136RV/2023 (H3N2)-like virus; (2024/2025: A/Thailand/8/2022 (H3N2)-like virus); and
- B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus.

Zellkultur-basierte Impfstoffe:

- A/Wisconsin/67/2022 (H1N1)pdm09-like virus;
- A/District of Columbia/27/2023 (H3N2)-like virus; (2024/2025: A/Massachusetts/18/2022 (H3N2)-like virus) and
- B/Austria/1359417/2021 (B/Victoria lineage)-like virus.

Quadrivalente Impfstoffe wurden aufgrund des weltweit nichtvorhandenen Nachweises von B-Yamagata bei Influenzafällen seit März 2020 von der WHO nicht empfohlen und standen in Deutschland nicht zur Verfügung. Im Vergleich zur Saison 2024/2025 wurde jeweils der Influenza Strang A(H3N2) bei den Ei- wie Zell-basierten Impfstoffen angepasst. Die Empfehlungen für die Impfstränge der A(H1N1)-Linie sowie der B-Victoria-Linie waren in der Saison 2025/2026 unverändert zur Vorsaison. Die WHO-Empfehlung zur Zusammensetzung der Influenza-Impfstoffe für die südliche Hemisphäre für die Saison 2025 war identisch zur Empfehlung für die nördliche Hemisphäre 2025/2026.

4.4.2 Impfpflicht in der Wintersaison 2025/26

Die jährliche Influenza-Impfung im Herbst/Winter ist als Standardimpfung für alle **Personen ≥ 60 Jahre** sowie als **Indikationsimpfung bei bestimmten Personen- und Berufsgruppen** (z. B. immundefiziente Personen, Schwangere, medizinisches Personal) (Tabelle 12) empfohlen [26].

Verwendet werden soll ein Impfstoff mit aktueller von der WHO empfohlener Antigenkombination für die jeweilige Saison (siehe Zusammensetzung des Impfstoffes in der Wintersaison 2025/26). Für alle Personen ≥ 60 Jahre wird die Gabe eines Hochdosis- oder MF-59 adjuvantierten Influenza-Impfstoffs empfohlen. Beide Impfstoffe zeigen in der Zielpopulation der ≥ 60 -Jährigen eine verbesserte Wirksamkeit gegenüber Standardimpfstoffen und können gleichwertig eingesetzt werden. Wenn die Gabe eines MF-59 adjuvantierten und eines Hochdosis-Influenza-Impfstoffes aus medizinischen Gründen nicht möglich ist (z. B. aufgrund erhöhter

Reaktogenität bei vorherigen Impfungen), kann bei Personen im Alter von ≥ 60 Jahren auch ein Influenza-Standardimpfstoff (Ei- oder Zell-basiert) verwendet werden.

Neben den inaktivierten Vakzinen zur Injektion, die je nach Impfstoffhersteller für verschiedene Altersgruppen zugelassen sind, ist für die Altersgruppe 2 bis 17 Jahre auch eine attenuierte Lebendvakzine (LAIV) zur nasalen Applikation zugelassen. In dieser Altersgruppe können die inaktivierten Impfstoffe oder die Lebendvakzine verwendet werden. Bei Hindernissen für eine Injektion (z. B. Spritzenphobie, Gerinnungsstörungen) sollte präferenziell LAIV verwendet werden. Kinder im Alter ≤ 9 Jahre, die zum ersten Mal im Leben gegen Influenza geimpft werden, erhalten 2 Influenza-Impfungen im Abstand von 4 Wochen. Die jährliche Impfung wird auch dann empfohlen, wenn die Antigenzusammensetzung des Impfstoffs gegenüber der vorhergehenden Saison unverändert ist.

Tabelle 12: Standardimpfung sowie Indikations-, Berufs- und Reiseimpfung für alle Altersgruppen zur Verhinderung der Influenza

Kategorie	Zielgruppe der Impfung
Standardimpfung	Personen ≥ 60 Jahre
Indikationsimpfung	- Alle Schwangeren - Personen ≥ 6 Monate mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung infolge einer Grunderkrankung (z. B.: chronische Erkrankung der Atmungsorgane, Diabetes mellitus, angeborener oder erworbener Immundefizienz). - Bewohnende von Einrichtungen der Pflege - Personen, die im privaten Umfeld direkten Kontakt zu z. B. Schweinen, Geflügel sowie Wildvögeln haben.^a
Berufliche Indikation	- Personen mit erhöhter Gefährdung, z. B. medizinisches Personal, Personen in Einrichtungen mit umfangreichem Publikumsverkehr - Personen, die arbeitsbedingt einen direkten Kontakt zu z. B. Schweinen, Geflügel, Wildvögeln haben.^a
Reise-Indikation	Für Reisende ≥ 60 Jahre und Reisende, die unter Indikationsimpfung genannt sind

^a Eine Impfung mit saisonalen humanen Influenza-Impfstoffen erfolgt nicht zum Schutz vor Infektionen durch den Erreger der aviären oder porcinen Influenza, sie kann jedoch Doppelinfektionen mit den aktuell zirkulierenden saisonalen Influenza-Viren reduzieren.

4.4.3 Impfquoten

Autorin: Annika Steffen

Die Impfquote der Standardimpfung gegen Influenza bei Personen ab 60 Jahren lag in der Wintersaison 2024/25 bei 34 %. Die Impfquote der Indikationsimpfung gegen Influenza bei Personen ab 18 Jahren mit Grunderkrankung betrug 28 %. Beide Impfquoten sind in den vergangenen Jahren rückläufig und erreichten in der Saison 2024/2025 ihre bislang niedrigsten Werte. Impfquoten nach Altersgruppe sowie auf Bundesland- und Kreisebene können über das RKI-Impfdashboard „VacMap“ abgerufen und grafisch dargestellt werden (<https://www.rki.de/vacmap>).

4.4.4 Schätzung der Impfeffektivität gegen Influenza

Autorinnen und Autoren: Annika Erdwiens, Ute Preuß, Irmgard Stroetmann, Janine Reiche, Barbara Biere, Marianne Wedde, Ralf Dürrwald, Kristin Tolksdorf

4.4.4.1 Ambulanter Bereich

Die Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung (Impfeffektivität) gegen eine laborbestätigte Influenza-Erkrankung mit Arztkonsultation wurde in der Wintersaison 2025/26 insgesamt sowie subtypspezifisch für Influenza A(H1N1)pdm09 und A(H3N2) bestimmt. Die Analysen erfolgten zudem separat nach den Altersgruppen 0 – 17, 18 – 59 und ≥ 60 Jahre sowie für Personen unter 60 Jahren mit chronischen Grunderkrankungen, für die eine jährliche Influenza-Impfung empfohlen wird (siehe *Impfempfehlung in der Wintersaison 2025/26*).

Die Analyse umfasste insgesamt 2.610 ARE-Patientinnen und -Patienten. Darunter befanden sich 736 (28 %) Fälle mit laborbestätigter Influenza-Infektion und 1.874 (72 %) Kontrollen ohne Nachweis von Influenzaviren (Tabelle 13). Das Durchschnittsalter der Fälle lag bei 22 Jahren (Spanne: 0 – 92 Jahre) und damit unter dem der Kontrollen mit 25 Jahren (Spanne: 0 - 93 Jahre). Geimpft waren 73 von 736 (10 %) Fällen sowie 216 von 1.874 (12 %) Kontrollen (Tabelle 13).

Die geschätzte **Impfeffektivität gegen eine laborbestätigte Influenza-Erkrankung**, die einen Arztbesuch erforderte, lag in der Wintersaison 2025/26 bei 24 % (95 %-Konfidenzintervall [KI]: –7 bis 46). Die Schätzungen deuteten auf eine höhere Impfeffektivität bei Personen ab 60 Jahren sowie bei Personen unter 60 Jahren mit chronischen Grunderkrankungen hin; statistisch signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen konnten jedoch nicht nachgewiesen werden (Abbildung 33).

Die Analyse für Influenza A(H1N1)pdm09 umfasste insgesamt 1.969 ARE-Patientinnen und -Patienten (Tabelle 13). Der Altersdurchschnitt der Fälle betrug 30 Jahre (Spanne: 0 - 92), der der Kontrollen 23 Jahre (Spanne: 0 - 93).

Die geschätzte **Impfeffektivität gegen eine laborbestätigte Influenza A(H1N1)pdm09-Erkrankung** lag in der Wintersaison 2025/26 bei 35 % (95 %-KI: –9 % bis 61 %), mit höheren Schätzwerten in den älteren Altersgruppen. Statistisch signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen konnten jedoch nicht festgestellt werden (Abbildung 33).

Tabelle 13: Influenza-, Influenza A(H1N1)pdm09- und Influenza A(H3N2)-Fälle sowie Kontrollen nach Impfstatus in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) für alle Altersgruppen im ambulanten Bereich.

Influenza, gesamt			
	Kontrollen	Fälle	Gesamt
Ungeimpft	1.658 (88 %)	663 (90 %)	2.321 (89 %)
Geimpft	216 (12 %)	73 (10 %)	289 (11 %)
Gesamt	1.874 (100 %)	736 (100 %)	2.610 (100 %)
Influenza A(H1N1)pdm09			
	Kontrollen	Fälle	Gesamt
Ungeimpft	1.537 (88 %)	194 (89 %)	1.731 (88 %)
Geimpft	214 (12 %)	24 (11 %)	238 (12 %)
Gesamt	1.751 (100 %)	218 (100 %)	1.969 (100 %)
Influenza A(H3N2)			
	Kontrollen	Fälle	Gesamt
Ungeimpft	1.614 (88 %)	464 (91 %)	2.078 (89 %)
Geimpft	214 (12 %)	48 (9 %)	262 (11 %)
Gesamt	1.828 (100 %)	512 (100 %)	2.340 (100 %)

Die Analyse für Influenza A(H3N2) basierte auf 2.340 ARE-Patientinnen und -Patienten (Tabelle 13). Das Durchschnittsalter der Fälle lag bei 18 Jahren (Spanne: 0 - 87 Jahre) und damit unter dem der Kontrollen mit 25 Jahren (Spanne: 0 - 93 Jahre).

Die geschätzte **Impfeffektivität gegen eine laborbestätigte Influenza A(H3N2)-Erkrankung** lag in der Wintersaison 2025/26 bei 20 % (95 %-KI: -20 bis 46). Die Schätzungen deuteten auf eine niedrigere Impfeffektivität in der mittleren Altersgruppe hin; statistisch signifikante Unterschiede zwischen den Altersgruppen konnten jedoch nicht nachgewiesen werden (Abbildung 33).

Insgesamt war die geschätzte Impfeffektivität gegen beide Influenza A-Subtypen in der Wintersaison 2025/26 höher als in der Vorsaison

Es deutete sich eine etwas höhere Impfwirksamkeit gegen Influenza A(H1N1)pdm09 als gegen Influenza A(H3N2) an. Mögliche Ursachen für einen unterschiedliche Impfeffektivität könnten in der antigenen Übereinstimmung zwischen Impfstoff- und zirkulierenden Viren

liegen sowie in dem für Influenza A(H3N2)-Viren bekannten stärkeren antigenen Drift. Aufgrund der breiten und überlappenden KI sind die Unterschiede der geschätzten Impfwirksamkeit zwischen den Subtypen jedoch mit Unsicherheit behaftet.

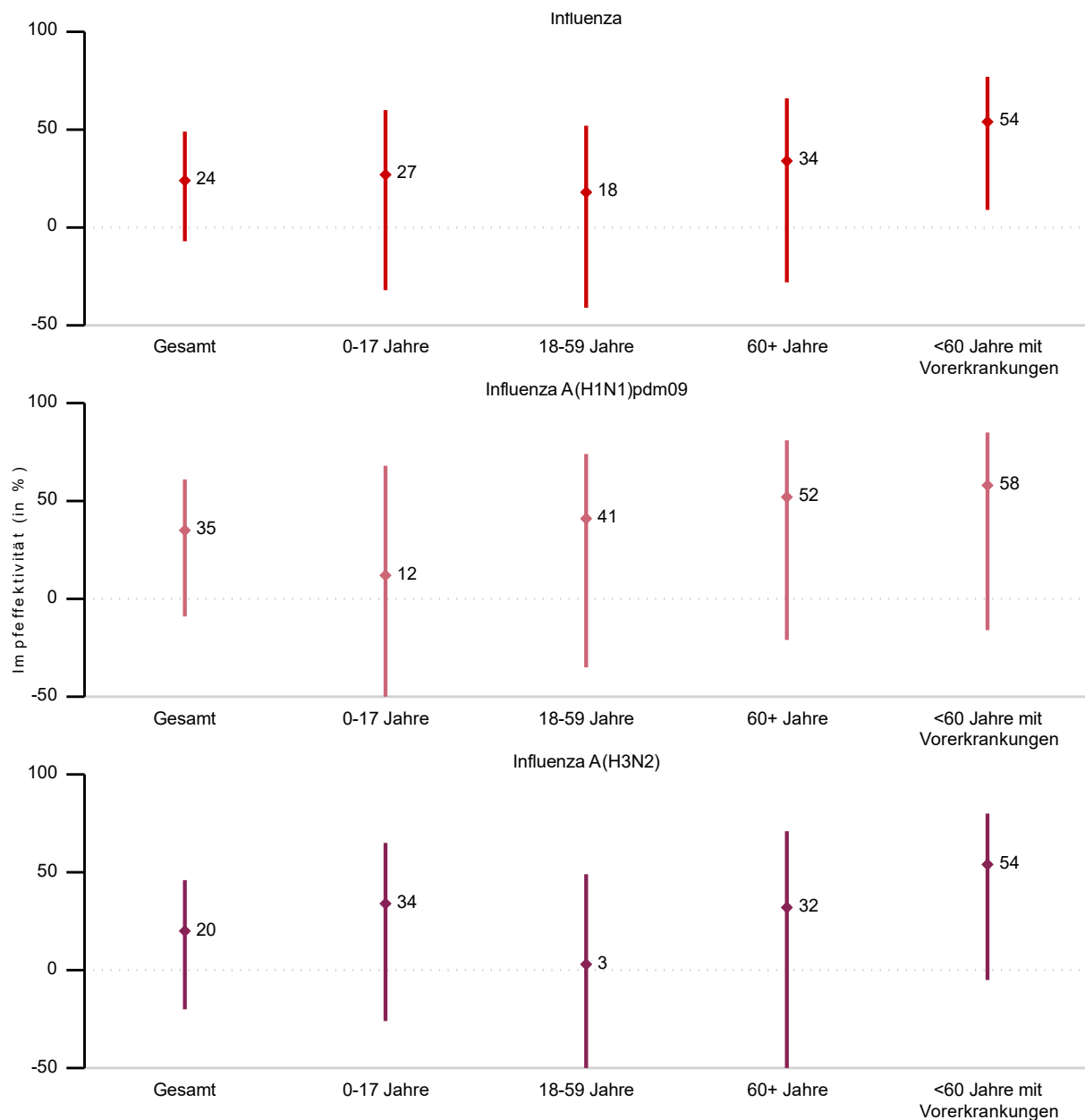


Abbildung 33: Schätzung der Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza-, Influenza A(H3N2)- und Influenza A(H1N1)pdm09-Erkrankung in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) im ambulanten Bereich.

Insgesamt war die geschätzte Impfeffektivität gegen beide Influenza-Subtypen in der Wintersaison 2025/26 höher als in der Vorsaison (Tabelle 14). Die Ursachen hierfür lassen sich auf Basis der vorliegenden Daten nicht abschließend beurteilen und können unter anderem durch Unterschiede in der Virencharakteristik, der Übereinstimmung zwischen Impfstoff- und zirkulierenden Stämmen sowie durch saisonale Schwankungen der zirkulierenden Subtypen beeinflusst sein.

Tabelle 14: Schätzung der Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza A(H3N2)- und Influenza A(H1N1)pdm09-Erkrankung in der Wintersaison 2023/24, 2024/25 und 2025/26 (40. KW – 20. KW) im ambulanten Bereich.

Saison	Impfeffektivität gegen Influenza-Subtypen		
	A(H1N1)pdm09 (95 %-KI)	A(H3N2) (95 %-KI)	B (95 %-KI)
2023/24	39 % (17 bis 56 %)	wenige Nachweise	wenige Nachweise
2024/25	5 % (-37 bis 34 %)	13 % (-73 % bis 57 %)	72 % (50 bis 84 %)
2025/26	35 % (-9 bis 61 %)	20 % (-20 bis 46 %)	wenige Nachweise

4.4.4.2 Stationärer Bereich

Influenza-Erkrankungen können insbesondere in bestimmten Risikogruppen zu schweren Verläufen führen, die eine Hospitalisierung notwendig machen. Die Wirksamkeit der Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza-Erkrankung mit Hospitalisierung wurde in der Wintersaison 2025/26 insgesamt sowie subtypspezifisch für Influenza A(H1N1)pdm09 und A(H3N2) bestimmt. Die Analysen erfolgten zudem separat für Personen ab 60 Jahren, für die eine jährliche Influenza-Impfung empfohlen wird (siehe *Impfempfehlung in der Saison 2025/26*).

Die Analyse umfasste insgesamt 554 SARI-Patientinnen und -Patienten. Darunter befanden sich 103 (19 %) Fälle mit laborbestätigter Influenza-Infektion und 451 (81 %) Kontrollen ohne Nachweis von Influenzaviren (Tabelle 15). Das Durchschnittsalter der Fälle lag bei 47 Jahren (Spanne: 0 – 95 Jahre) und damit über dem der Kontrollen mit 42 Jahren (Spanne: 0 – 97 Jahre). Geimpft waren 13 von 103 (13 %) Fällen sowie 73 von 451 (16 %) Kontrollen.

Die geschätzte Impfeffektivität gegen eine laborbestätigte Influenza-Erkrankung, die einen Krankenhausaufenthalt notwendig machte, lag in der Wintersaison 2025/26 bei 30 % (95 %-KI: -44 bis 66) bzw. bei 32 % (95 %-KI: -50 bis 69) bei Personen ab 60 Jahren (Abbildung 34).

Für Influenza A(H1N1)pdm09 lagen Daten von insgesamt 417 SARI-Patientinnen und -Patienten vor, davon 26 Fälle (Tabelle 15). Auf Basis der vorliegenden Daten konnte keine Effektivität der Influenzaimpfung gegen eine laborbestätigte Influenza A(H1N1)pdm09-Erkrankung mit Hospitalisierung geschätzt werden.

Tabelle 15: Influenza-, Influenza A(H1N1)pdm09- und Influenza A(H3N2)-Fälle sowie Kontrollen nach Impfstatus in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) für alle Altersgruppen im stationären Bereich.

Influenza, gesamt			
	Kontrollen	Fälle	Gesamt
Ungeimpft	378 (84 %)	90 (87 %)	468 (84 %)
Geimpft	73 (16 %)	13 (13 %)	86 (16 %)
Gesamt	451 (100 %)	103 (100 %)	554 (100 %)
Influenza A(H1N1)pdm09			
	Kontrollen	Fälle	Gesamt
Ungeimpft	326 (83 %)	20 (77 %)	346 (83 %)
Geimpft	65 (17 %)	6 (23 %)	71 (17 %)
Gesamt	391 (100 %)	26 (100 %)	417 (100 %)
Influenza A(H3N2)			
	Kontrollen	Fälle	Gesamt
Ungeimpft	378 (84 %)	70 (91 %)	448 (85 %)
Geimpft	73 (16 %)	7 (9 %)	80 (15 %)
Gesamt	451 (100 %)	77 (100 %)	528 (100 %)

Die Analyse für Influenza A(H3N2) basierte auf 528 SARI-Patientinnen und -Patienten (Tabelle 15). Das Durchschnittsalter der Fälle lag bei 45 Jahren (Spanne: 0 – 95 Jahre) und damit über dem der Kontrollen mit 42 Jahren (Spanne: 0 – 97 Jahre). Die geschätzte Impfeffektivität gegen eine laborbestätigte Influenza A(H3N2)-Erkrankung mit Hospitalisierung lag in der Wintersaison 2025/26 bei 47 % (95 %-KI: –30 bis 79) (Abbildung 34). Aufgrund der vergleichsweise geringen Anzahl an eingeschlossenen Patientinnen und Patienten sowie speziell der geringen Anzahl an geimpften Fällen mit Influenza A(H3N2) ist keine genauere Schätzung möglich, dennoch liefert sie einen Anhaltspunkt für eine moderate Wirksamkeit der Influenza-Impfung gegen schwere Erkrankungen.

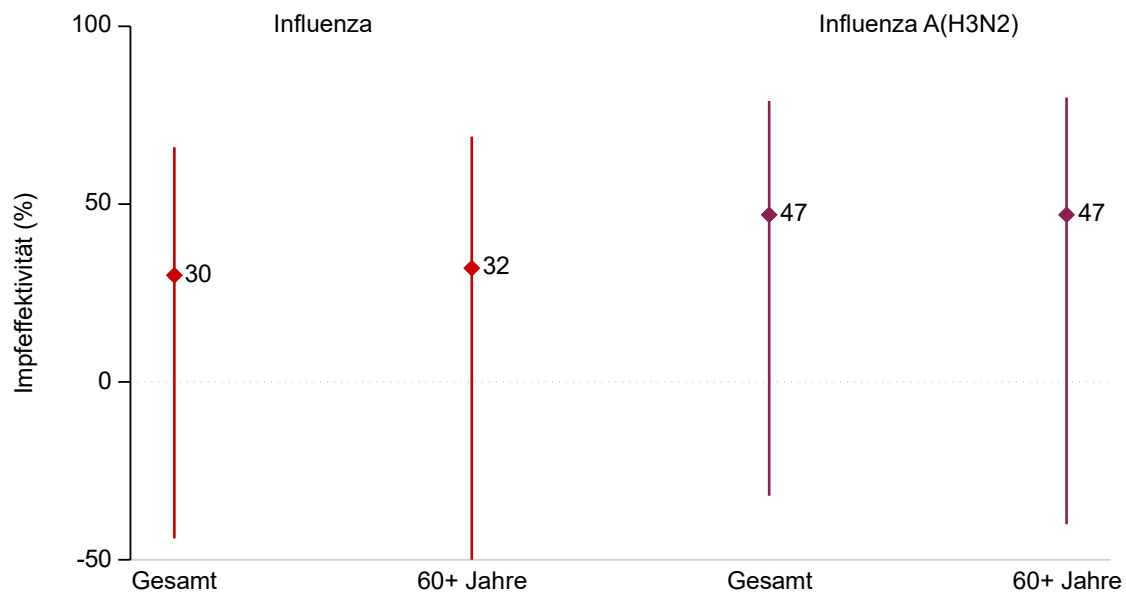


Abbildung 34: Schätzung der Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza- Erkrankung sowie spezifisch gegen eine Influenza A(H3N2)-Erkrankung in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) im stationären Bereich.

4.5 Internationale Situation in der Wintersaison 2025/26

Autorinnen: Annika Erdwiens, Kristin Tolksdorf

Die Ausführungen in diesem Kapitel basieren auf den aktuellen Berichten des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) und der Weltgesundheitsorganisation (WHO) zur Influenzasaison 2025/26 in der nördlichen Hemisphäre. Der betrachtete Zeitraum umfasst die 40. KW 2025 bis zur 20. KW 2026 (Wintersaison).

Die Grippewelle 2025/26 begann in Europa deutlich früher als in den beiden Vorsaisons [12, 27]. Die europaweite Influenza-Positivenrate (PR) stieg im November 2025 erstmals über 10 %, lag Ende Dezember bis Anfang Januar bei knapp 50 % zum Höhepunkt der Influenza-Aktivität in vielen europäischen Ländern und ging Ende Februar wieder zurück unter 10 % [21].

Wie insgesamt auf der nördlichen Hemisphäre zirkulierten Influenza A-Viren mit unterschiedlichen Anteilen der beiden Subtypen in den einzelnen Ländern [13, 28]. In einigen europäischen Ländern dominierten Influenza A(H1N1)pdm09-Viren, während in anderen Ländern Influenza A(H3N2)-Viren überwogen [21]. Insgesamt entfielen in Europa zum Saisonende etwa drei Viertel der subtypisierten Influenza A-Viren auf den Subtyp Influenza A(H3N2), wobei die Subklade K mit 89 % am häufigsten unter den Influenza A(H3N2)-Viren nachgewiesen wurde. Influenza B-Viren wurden in Europa in weniger als 1 % der Proben mit Influenza-Nachweis detektiert [29].

Die Influenza-Aktivität wurde in der Saison 2025/26 in den meisten europäischen Ländern als moderat bis hoch beurteilt; in Österreich, Finnland und Slowenien wurde eine sehr hohe Aktivität beobachtet. In **Deutschland** wurde die Influenza-Aktivität hingegen als **moderat** eingestuft. Die Raten grippeähnlichen Erkrankungen (influenza-like illness, ILI) und akuter respiratorischer Infektionen (ARI) in Sentinelnetzwerken primärversorgender Arztpraxen waren in Kroatien, Estland, Finnland, Island, Malta, Slowenien und Spanien höher als in den beiden Vorsaisons, während sie in Deutschland niedriger lagen. Besonders hohe ILI- und ARI-Raten wurden in fast

allen europäischen Ländern, einschließlich Deutschland, bei Säuglingen und Kleinkindern im Alter von 0 bis 4 Jahren sowie bei Schulkindern bis 15 Jahre gemessen. In Finnland, Estland und Italien waren hingegen auch die 15- bis 64-Jährigen bzw. die ab 65-Jährigen häufig betroffen. Die Mehrheit der europäischen Länder berichtete über eine moderate bis hohe Zahl an Krankenhauseinweisungen wegen schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI); in Deutschland lag sie im moderaten Bereich. Die höchsten SARI-Raten wurden zum Höhepunkt der Grippewelle in Österreich, Estland, Deutschland und Spanien mit mehr als 20 Fälle pro 100.000 Einwohner verzeichnet. Besonders Säuglinge und Kleinkinder sowie ältere Menschen ab 65 Jahren waren am häufigsten aufgrund von SARI-bedingten Hospitalisierungen betroffen [21].

Die Influenzasaison 2025/26 begann in Europa und Nordamerika ungewöhnlich früh und war vorrangig durch Influenza A(H3N2)-Viren, insbesondere die Subklade K, geprägt.

Auch in Nordamerika startete die Influenzasaison 2025/26 vergleichsweise früh. Anfang Dezember lag die Influenza-PR erstmals über 10 % und erreichte Mitte/Ende Dezember den höchsten Wert mit 30 bis 35 %. Insgesamt zirkulierten zunächst überwiegend Influenza A(H3N2)-Viren der Subklade K [28]. Sie machte in den USA einen Anteil von 93 % und in Kanada von 90 % der genetisch charakterisierten Influenza A(H3N2)-Viren aus [28, 30]. Ab Februar 2026 dominierten Influenza B-Viren. Der Anteil von Influenza B-Viren war in Nordamerika deutlich höher als in Europa [31].

Insgesamt war die Influenza-Aktivität in den USA moderat. Für Kinder wurde die Schwere der Saison als hoch, für Erwachsene und ältere Menschen als moderat bewertet. Die kumulative Hospitalisierungsrate wegen Influenza war in den USA die dritthöchste seit Beginn der vergleichbaren Surveillance in der Saison 2010/11; bei Kindern wurde die zweithöchste Rate seit diesem Zeitpunkt verzeichnet. Bis zur 20. KW 2026 wurden in den USA schätzungsweise 24.000 Todesfälle verzeichnet und damit deutlich weniger als in der Vorsaison [31]. Auch in Kanada wurden influenzaassoziierte Hospitalisierungen und schwere Verläufe registriert, besonders bei älteren Personen ab 65 Jahren [30].

4.6 Zoonotische Influenza

Autorinnen und Autoren: Antonia Hilbig, Barbara Biere, Timm Harder, Ralf Dürrwald, Walter Haas

Humane Erkrankungsfälle nach Infektion mit Influenzaviren, die bei Tieren endemisch zirkulieren, sind vielfach in der Literatur beschrieben und werden als zoonotische Influenza bezeichnet. Speziesspezifische Influenzaviren zirkulieren weltweit in Populationen von Vögeln (Hauptreservoir für Influenza A-Viren), Schweinen und Pferden. In bestimmten Regionen sind auch Hunde von endemischen Influenzavirusinfektionen betroffen. Humane symptomatische Infektionen durch Virusübertragungen von Vögeln (Subtypen H5, H6, H7, H9, H10) und Schweinen (Subtypen H1, H3) auf den Menschen sind beschrieben.

Bisher wurden in Deutschland keine Erkrankungs- oder Todesfälle mit Menschen mit aviärer Influenza an Gesundheitsämter gemeldet.

Bei zoonotischen Infektionen besteht potenziell immer die Gefahr, dass sich diese für das humane Immunsystem in der Regel unbekannten Influenzaviren an den Menschen adaptieren oder mit humanen Influenzaviren reassortieren und fortgesetzt von Mensch zu Mensch übertragbar werden. Damit haben solche Viren grundsätzlich ein pandemisches Potential und müssen besonders aufmerksam im Rahmen der Influenza-Surveillance sowohl auf der veterinär- als auch auf der humanmedizinischen Seite überwacht werden. Bestätigte zoonotische Infektionen müssen gemäß den internationalen Gesundheitsvorschriften (IGV) an die WHO gemeldet werden; das RKI ist als nationale Behörde für die Meldung infektiologischer IGV-Tatbestände an die WHO zuständig.

4.6.1 Aviäre Influenza

4.6.1.1 Influenzavirusinfektionen von Wildvögeln und Hausgeflügel

Wildlebende Wasservögel stellen das natürliche Wirtsreservoir aller derzeit bei Vögeln beschriebenen Subtypen (19 verschiedene Hämagglutinine H, 9 Neuraminidasen N) der Influenza A-Viren dar. Hier verursachen Influenzaviren in der Regel asymptomatisch verlaufende, jedoch hochproduktive Infektionen. Im Hausgeflügel können milde Erkrankungsformen auftreten, die sich vornehmlich als Leistungseinbußen zeigen (Rückgang der Legeleistung bzw. der Gewichtszunahme). Eine besondere Konstellation kann sich aus Infektionen von Hühnervögeln (Huhn, Pute, Fasan etc.) mit Viren der Subtypen H5 und H7 ergeben, die in den genannten Hühnervögeln zu hochpathogenen Varianten mutieren können. Solche hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV) sind die Erreger der Klassischen Geflügelpest, die von hoher Kontagiosität sowie sehr hoher Letalität in Geflügel geprägt ist und weltweit tierseuchenrechtlich bekämpft wird. Aufgrund des segmentierten Genoms von Influenzaviren

kann es bei Infektion einer Zelle mit zwei unterschiedlichen Influenzaviren zum Austausch der Gensegmente und der nachfolgenden Bildung neuer Influenzaviren kommen (Reassortanten). Besonders viele solcher Reassortanten aus verschiedenen Influenza A-Virussubtypen gab es in Asien.

In Südchina wurde 1996 erstmals ein **hochpathogenes aviäres Influenza A(H5N1)-Virus** beschrieben, welches sich in Wildvögeln verbreitet und viele Sub- und Genotypen der so genannten goose/Guangdong (gs/GD)-Linie gebildet hat. 2006 kam es zum Eintrag des Subtyps A(H5N1) der Klade 2.2 nach Deutschland [32], mit Rügen als Zentrum des Ausbruchs [33, 34]. Solche Ausbrüche blieben in den Jahren danach zunächst noch sporadisch bzw. saisonal begrenzt. Nach der Zirkulation des Subtyps A(H5N8) 2021 mit den bis dato höchsten Fallzahlen in Wild- und Haltungstieren folgte die Ausbreitung und Dominanz des neu reassortierten A(H5N1) Subtyps der Klade 2.3.4.4b. Zugleich verschob sich in den Jahren nach 2020 das epidemiologische Muster in Deutschland von saisonalen zu praktisch ganzjährigen und damit endemischen Detektionen in Wildvögeln. Der Subtyp A(H5N1) der Klade 2.3.4.4b dominiert inzwischen weltweit und hat sich nach 2020 in unterschiedlichen Wellen auf alle Kontinente ausgebreitet (Hinweis: der erste Eintrag nach Australien wurde im Juni 2026 nach Abschluss der hier beschriebenen Saison dokumentiert) [35, 36].

Besorgniserregend ist die Erweiterung des Wirtsspektrums von A(H5N1): es wird fortlaufend über spill-over Infektionen berichtet, also einzelnen Übertragungen auf eine neue Wirtsspezies ohne Weiterverbreitung innerhalb dieser Population (Wildsäugern, Pelz-, Nutz- und Haustiere). Darüber hinaus wurden inzwischen auch stabile Adaptionen an z.B. Meeressäuger und Milchkühe dokumentiert [37, 38]. Der Eintrag von A(H5N1) in Milchkuhbetriebe in den USA 2024 zog massive wirtschaftliche Verluste nach sich und untermauerte das Potential aviärer Influenza, auch taxonomisch dem Vogelreservoir weit entfernte Wirtsspezies erschließen zu können. Durch den hohen Kontaktdruck zwischen infizierten Nutztieren und landwirtschaftlichem Personal kam es zu spill-over Infektionen im Menschen [39, 40]. In der Wintersaison 2025/26 kam es während der saisonalen Vogelwanderungen europaweit zum bislang stärksten Infektionsgeschehen unter Vögeln [41, 42], von dem mindestens 18 Länder betroffen waren. Auffällig war hier besonders der starke Befall der Kranichpopulation [43], wobei entlang der gesamten Zugstrecke der Kraniche bis nach Südwestspanien bis zu 40.000 Tiere verendeten, was etwa 10% der Gesamtpopulation bedeutete. Im Januar 2026 erfolgte in den Niederlanden erstmals in Europa ein serologischer Nachweis von Antikörpern gegen A(H5N1) in Milchkühen.

Im April 2013 wurde in China ein zu dem Zeitpunkt neuartiges aviäres und für Geflügel **niedrigpathogenes Influenza A(H7N9)-Virus** bei Menschen nachgewiesen. Seit August 2017 wurde eine verpflichtende bivalente Impfung von Geflügel gegen die Subtypen H5 und H7 in China eingeführt, was nach Einschätzung der chinesischen Veterinärbehörden die Zirkulation von H7-Viren in Tierhaltungen substanziell zurückgedrängt hat und damit auch die Übertragung auf den Menschen.

Neben den Subtypen H5 und H7 sind auch bestimmte Linien des Subtyps H9 durch ein erhöhtes zoonotisches Potential gekennzeichnet. Insbesondere bei Hühnervögeln sind A(H9N2) Viren der Klade 5.5 (alte Bezeichnung G1) in Asien und Nordafrika weit verbreitet. Dort kam es wiederholt zu meistens klinisch mild verlaufenden Infektionen von Menschen. Im Frühjahr 2026 wurden A(H9N2) Viren dieser zoonotischen Linie erstmals auch bei Geflügel in Ungarn nachgewiesen [44].

4.6.1.2 Aviäre Influenzavirusinfektionen des Menschen seit 1959

Weltweit werden Infektionen beim Menschen mit aviären Influenzaviren primär bei Kontakt zu virusinfiziertem Geflügel beschrieben. Eine Reihe serologischer Untersuchungen, die insbesondere an beruflich exponierten Risikogruppen vorgenommen wurden, deuten auf asymptomatisch verlaufende zoonotische Infektionen mit aviären Influenzaviren verschiedener Subtypen hin [45-47]. Aufgrund komplexer serologischer Kreuzreaktivitäten der verschiedenen Influenzavirussubtypen untereinander sind diese Art Befunde jedoch schwer zu interpretieren [48]. Für eine zoonotische Influenzainfektion scheint eine deutlich höhere Infektionsdosis oder eine besonders starke Exposition (enger, lang andauernder Kontakt) notwendig zu sein als zwischen Vögeln, da aviäre Influenzaviren nicht gut an Menschen als Wirte angepasst sind.

Virologisch belegte Infektionen von Menschen mit aviären Influenzaviren aller Subtypen summieren sich seit 1959 auf über 2.800 dokumentierte Fälle [49-51]. Über 1.500 dieser Fälle sind auf LPAIV A(H7N9)-Infektionen in China seit 2013 zurückzuführen, knapp 1000 Fälle auf HPAI A(H5N1) Infektionen vor allem in Südostasien. Die Zahl der humanen Influenza A(H5N1)-Infektionen war nach 2015 global zurückgegangen, stieg aber 2022 mit der Verbreitung der neuen H5N1 2.3.4.4b Reassortante wieder an. Weltweit kam es 2024 zu insgesamt 82 Fällen. Die meisten dieser Fälle wurden aus den USA gemeldet, aufgrund der simultanen Ausbrüche in großen Geflügelhaltungen und unter Milchkühen und der damit einhergehenden, hohen Exposition für Mitarbeiter in den Betrieben und bei Eindämmungsmaßnahmen. 2025 sank die Zahl auf 30 weltweit gemeldete Fälle [50, 51].

4.6.1.3 Aviäre Influenzavirusinfektionen des Menschen während der Saison 2025/26

Im Unterschied zu den aus Deutschland berichteten Fallzahlen und Messgrößen der anderen Kapitel dieses Saisonberichts hat der Zeitraum der Wintersaison 2025/26 für das weltweite Aufkommen humaner Fälle aviärer Influenza keine Bedeutung. Daher werden in den folgenden Absätzen die Gesamtzahlen humaner Fälle für das Jahr 2025 berichtet, sowie die Zahlen der bis 20. KW 2026 berichteten Fälle. Durch Unterschiede zwischen den berichtenden Quellen in Bezug darauf, ob Detektions- oder Meldedatum für die Zählung verwendet werden, kann es beim Stichtag 17.05.2026 (Ende 20. KW 2026) zu geringfügigen Abweichungen der hier genannten Fallzahlen kommen.

Im Jahr 2025 wurden weltweit insgesamt 30 humane Fälle A(H5N1) gemeldet. Die meisten dieser Meldungen stammten aus Kambodscha. In Bangladesch, China, Indien, Mexiko, dem Vereinigten Königreich, USA und Vietnam kam es zu vereinzelten bzw. wenigen Meldungen. Es gab insgesamt 36 Meldungen von humanen Infektionen mit A(H9N2), die alle aus China übermittelt wurden. 2025 wurde außerdem der erste A(H5N2) Fall Mexikos gemeldet, und in den USA kam es zu dem weltweit ersten humanen Fall einer A(H5N5) Infektion. Die betroffene Person litt an schweren Komorbiditäten und verstarb. Es gab zwei Fälle von A(H10N3), die aus China gemeldet wurden.

Bis zur 20. KW 2026 wurden in 2026 sieben Fälle von A(H5N1) aus Kambodscha, Bangladesch und Indien gemeldet, darunter vier Kinder sowie zwei Todesfälle (jeweils einer bei einem Kind und einer erwachsenen Person). Es gab achtzehn Meldungen von humanen Infektionen mit A(H9N2), die alle aus China übermittelt wurden. Im März 2026 kam es zu dem ersten importierten Fall von aviärer Influenza bei einem Menschen in Italien, der sich in Senegal mit Influenza A(H9N2) infiziert hatte [52]. **Das Risiko von nach Europa importierten humanen Fällen wird von den europäischen Gesundheitsbehörden dennoch weiterhin als gering eingestuft.** Es

gab außerdem einen Fall von A(H10N3) in China. Im April 2026 wurde eine Infektion mit A(H7) bei einem erwachsenen Mann in Taiwan berichtet und im Mai 2026 kam es zu der Infektion eines 55-jährigen Mannes in China mit A(H5N6) mit Todesfolge.

4.6.1.4 Stand der Lage zum Monitoring potentieller aviärer Influenzavirusinfektionen des Menschen in Deutschland

Bisher wurden **in Deutschland keine Erkrankungs- oder Todesfälle mit Menschen** mit aviärer Influenza an Gesundheitsämter gemeldet und an das RKI übermittelt. Im Zusammenhang mit Ausbrüchen in Geflügel kam es allerdings zwischen Dezember 2025 und März 2026 zur Meldung von drei Verdachtsfällen, die alle entkräftet und als Infektion mit anderen Erregern (RSV, saisonale Influenza) bestätigt werden konnten. Diese Fälle standen in Zusammenhang mit einem HPAI A(H5N1) Ausbruch in einer Geflügelhobbyhaltung; dort waren auch Katzen des Haushaltes von A(H5N1) Infektionen betroffen [53].

4.6.2 Porcine Influenza

4.6.2.1 Influenza bei Schweinen

Die bei Schweinen in Deutschland nachgewiesenen Influenza A-Viren gehören zu den Subtypen H1N1, H1N2 und H2N3, die auch bei Menschen zirkulieren. Humane Infektionen mit Influenzaviren, die in Schweinen endemisch zirkulieren, werden weltweit vereinzelt seit 1958 dokumentiert und werden deshalb in der Virusbezeichnung mit dem Kürzel »v« für Variante gekennzeichnet [54]. In Schweinen können Influenzainfektionen ebenfalls eine Atemwegssymptomatik verursachen, von denen besonders jüngere Tiere betroffen sind. Da Schweine in ihrem Atmungsstrakt Schleimhautzellen mit Rezeptoren sowohl für aviäre als auch für humane Influenzaviren besitzen, sind Möglichkeiten für Doppelinfektionen durch Influenzaviren verschiedener Spezies gegeben und es besteht die Möglichkeit der Entstehung von Reassortanten, die eine hohe Public Health Relevanz haben können.

Influenzaviren der Subtypen H1 und H3 sind weltweit in Schweinen endemisch, allerdings zirkulieren in Amerika und Europa/Asien unterschiedliche Linien. Seit 2009 wird das humane A(H1N1)-Virus der letzten Pandemie vermehrt nachgewiesen, wobei sich autochthon im Schwein zirkulierende Linien etabliert haben [55]. Auch Vertreter humaner saisonaler A(H1N1) Viren aus den 1980er und 1990er Jahren können noch in Zirkulation in Schweinepopulationen angetroffen werden. Die Ursprünge dieser Viren gehen jeweils auf revers zoonotische Übertragungsereignisse, also vom Menschen auf das Schwein, zurück. Daneben treten in Deutschland und Europa vor allem Linien eines ursprünglich aviären A(H1N1) Virus auf, das in den 1970er Jahren den Übergang zum Schwein vollzogen hat. Das in Europa seit Mitte der 1980er Jahre zirkulierende porcine Influenzavirus des Subtyps A(H3N2) wird dagegen nur noch vereinzelt nachgewiesen.

4.6.2.2 Humane Fälle mit Schweineinfluenzavirus-Infektion

Übertragungen saisonaler Influenzaviren von Menschen auf Schweine sind weitaus häufiger als Übertragungen von Schweinen auf Menschen [56]. Seit der Saison 2010/11 bis zur 20. KW

2026 wurden in den USA insgesamt über 509 Fälle von humanen Erkrankungen nach Infektion mit Schweineinfluenzaviren berichtet. Hier machten Schweineinfluenzaviren A(H3N2)v mit 443 Fällen den bei weitem größten Anteil aus, gefolgt von A(H1N2)v in 44 Fällen und A(H1N1)v mit 19 Fällen, die übrigen Fällen teilen sich auf in Detektionen mit unvollständiger Subtypisierung. Bei einem großen Teil der Patienten in den USA wurde eine direkte Exposition zu Schweinen festgestellt, es kommt aber auch immer wieder zu Fällen, in denen keine eindeutige Expositionsquelle ermittelt werden konnte.

In Deutschland wurden in den Jahren 2007 bis 2011 fünf Fälle porciner Influenza bei Menschen (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 [57]. Seit der ab 2016 geltenden Meldepflicht für zoonotische Influenza sind im Zeitraum von 2020 bis 2022 drei Infektionen mit A(H1N1)v-Viren im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren bestätigt worden. Die Patienten entwickelten mit einer saisonalen humanen Influenzaerkrankung vergleichbare Symptome. In der Wintersaison 2025/26 wurde ein weiterer Fall von A(H1N1)v bei einem Erwachsenen aus Nordrhein-Westfalen festgestellt. Die Exposition hatte mit hoher Wahrscheinlichkeit im beruflichen Umfeld stattgefunden, dies war der neunte bestätigte Fall in Deutschland [58]. Im Jahr 2025 wurden weltweit insgesamt fünf Fälle mit porciner Influenza berichtet, davon drei Fälle mit A(H1N1)v (der Fall aus Deutschland und zwei aus China) und zwei Fälle mit A(H1N2)v aus den USA. Im März 2026 meldete Spanien einen A(H1N1)v-Fall bei einer Person aus Katalonien.

4.6.3 Fazit zu Influenza an der Schnittstelle zwischen Mensch und Tier

Auch im Sommerzeitraum 2025 (21. KW 2025 – 39. KW 2025) und der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) traten weltweit humane Infektionen mit aviären oder porcinen Influenzaviren auf, die Großzahl davon mit bestätigter Exposition gegenüber infizierten Tieren. **Es gibt weiterhin keine Belege für eine anhaltende Mensch-zu-Mensch-Übertragung mit diesen zoonotischen Influenzaviren.** Solange die Influenzaviren in Tierbeständen zirkulieren, kann es bei entsprechender Exposition weiterhin zu sporadischen humanen Infektionen kommen. Die WHO betont die Bedeutung einer kontinuierlichen Überwachung von Influenza an der Schnittstelle zwischen Mensch und Tier, wofür eine gute virologische Surveillance im Veterinär- und Humanbereich mit spezifischer molekularbiologischer und genetischer Charakterisierung der Influenzaviren unabdingbar ist. Ärztinnen und Ärzte sollten sich der Möglichkeit von sporadischen Infektionen mit nicht-humanen Influenzaviren bewusst sein und insbesondere beim Auftreten von Ausbrüchen aviärer Influenza in Geflügel auf regionaler Ebene, bei Häufungen von Atemwegserkrankungen oder ungewöhnlichen Verläufen bei (beruflich) exponierten Personen diese explizit befragen. Jeder Verdacht sollte nach Möglichkeit labor-diagnostisch abgeklärt, der Influenza-Subtyp bestimmt und gegebenenfalls den Gesundheitsbehörden gemeldet werden. Im Fall einer zoonotischen Erkrankung liefern epidemiologische und virologische Untersuchungen mit Einbeziehung der Kontaktpersonen zu den Erkrankten (beruflich oder in der Familie etc.) wichtige Informationen, um das Risiko weiterer Infektionen einzuschätzen und diese verhindern zu können.

5 SARS-CoV-2 und COVID-19

5.1 Zusammenfassung: SARS-CoV-2 und COVID-19 im Sommer 2025 und in der Saison 2025/26

SARS-CoV-2 zeigte auch nach dem Ende der COVID-19-Pandemie im Frühjahr 2023 [1] im Gegensatz zu Influenzaviren und RSV **keine ausgeprägte Saisonalität**. In den vergangenen drei postpandemischen Saisons zirkulierte SARS-CoV-2 sowohl im Sommer (21. KW – 39. KW) als auch in der Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Jedoch war in den letzten Jahren eine **vermehrte SARS-CoV-2-Aktivität in der zweiten Jahreshälfte** zu beobachten. Die Phasen erhöhter SARS-CoV-2-Aktivität überschnitten sich in den letzten Saisons kaum mit den Zeiträumen der Grippe- bzw. RSV-Wellen. Im Bezugszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 – 20. KW 2026) waren sowohl die SARS-CoV-2-Aktivität als auch die COVID-19-Krankheitslast im Vergleich zu den beiden postpandemischen Vorsaisons 2023/24 und 2024/25 **geringer**. Die verschiedenen Surveillance-Systeme des RKI zeigten ab dem Spätsommer einen langsamen Anstieg der SARS-CoV-2-Aktivität, die vor dem Jahreswechsel wieder abnahm. In den postpandemischen Saisons wurde von Jahr zu Jahr eine sukzessive Abnahme der COVID-19-Krankheitslast in fast allen Altersgruppen beobachtet. Dabei zeigte sich im Jahr 2024 ein früherer Anstieg der SARS-CoV-2-Zirkulation, was in einer höheren COVID-19-Krankheitslast im Sommerzeitraum 2024 im Vergleich zu 2023 und 2025 resultierte. Von schweren COVID-19-Verläufen waren alle Altersgruppen betroffen, jedoch wiesen Personen ab 60 bzw. insbesondere ab 80 Jahren eine deutlich höhere Krankheitsschwere auf.

Im Bezugszeitraum dominierten fast ausschließlich von der Omikron-Linie JN.1 abstammende SARS-CoV-2-Viruslinien: zunächst die Varianten LP.8.1 und NB.1.8.1, diese wurden jedoch bis zum Herbst durch die SARS-CoV-2-Variante XFG verdrängt. Ab September 2025 wurde zusätzlich die Variante BA.3.2 nachgewiesen, die zum Ende des Jahres 2025 kurzzeitig die dominierende Variante in Deutschland war. Im Jahr 2026 wurde erneut vor allem die Variante NB.1.8.1 in Deutschland detektiert. Insgesamt war der Verlauf der SARS-CoV-2-Zirkulation und der dominierenden Virusvarianten in Deutschland mit dem in den meisten europäischen Ländern vergleichbar [21].

Auf Bevölkerungsebene stiegen sowohl die auf Basis der Abwassersurveillance gemessene SARS-CoV-2-Viruslast als auch die anhand der GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten ermittelte COVID-ARE-Inzidenz ab etwa der 31. KW 2025 an (siehe *Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance und Partizipative Surveillance)*). Nach dem Jahreswechsel 2025/26 blieb die COVID-19-Aktivität auf Bevölkerungsebene niedrig. Im Bezugszeitraum wurden insgesamt etwa 20 Millionen COVID-ARE aus GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten geschätzt, wobei zwei Drittel der Fälle in der Wintersaison auftraten (Tabelle 16). In den letzten drei Saisons lag der Aktivitätsgipfel jeweils zwischen Oktober und Anfang Dezember (41. KW – 50. KW). In der Wintersaison 2025/26 lag die SARS-CoV-2-Positivenrate in GrippeWeb-Plus in den meisten Altersgruppen bei etwa 12 %, während sie bei den 15- bis 34-Jährigen mit 3 % deutlich niedriger war. Im Sommer wurde SARS-CoV-2 in allen Altersgruppen seltener nachgewiesen als im Winter.

Im ambulanten Bereich stieg die im SEED^{ARE}-System ermittelte ARE-Konsultationsinzidenz mit COVID-19 Diagnosen ebenfalls im Spätsommer 2025 an (siehe *Ambulanter Bereich*). Im

Bezugszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 – 20. KW 2026) wurden etwa 670.000 COVID-19-Diagnosen vergeben, wobei auch hier, wie auf Bevölkerungsebene, der überwiegende Anteil in der Wintersaison auftrat (Tabelle 16). Die Altersgruppe der 35- bis 59-Jährigen machte dabei den größten Anteil der Arztkonsultationen wegen ARE mit COVID-19-Diagnosen aus und umfasste etwa die Hälfte aller Fälle. Im ambulanten Bereich zeigte sich über die drei postpandemischen Jahre hinweg eine deutliche Reduktion der Krankheitslast. In der virologischen ARE-Surveillance im ambulanten Bereich stieg die SARS-CoV-2-Positivenrate bereits ab etwa der 22. KW 2025 allmählich an und damit früher als die COVID-19-Aktivität in den syndromischen Systemen (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*). Sie erreichte kurz vor dem Jahreswechsel 22 % und sank anschließend deutlich ab.

Im stationären Bereich wurden im Bezugszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 – 20. KW 2026) bei etwa 5 % der wegen schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI) hospitalisierten Personen COVID-19 diagnostiziert (siehe *Stationärer Bereich*; Tabelle 16). Auch hier trat, wie auf Bevölkerungsebene und im ambulanten Bereich, der überwiegende Anteil der Fälle während der Wintersaison auf. Über 80 % der SARI-Fälle mit COVID-19-Diagnose entfielen auf Personen ab 60 Jahren. Etwa 14 % der SARI-Fälle mit COVID-19-Diagnose wurden intensivmedizinisch behandelt, insbesondere Personen ab 60 Jahren (Tabelle 17). Auch im stationären Bereich war über die letzten drei postpandemischen Jahre ein Rückgang der COVID-19-bedingten schweren Verläufe zu beobachten.

Gemäß Infektionsschutzgesetz wurden im Bezugszeitraum 2025/26 in Deutschland insgesamt 138.930 labordiagnostisch bestätigte COVID-19-Fälle an das RKI übermittelt, darunter 50.484 hospitalisierte Fälle (siehe *COVID-19-Meldungen gemäß IfSG*; Tabelle 16). Die Anzahl der übermittelten COVID-19-Fälle stieg ab der 32. KW 2025 an und ging dann nach dem Jahreswechsel rasch wieder zurück. Die Mehrzahl der hospitalisierten COVID-19-Fälle waren 60 Jahre und älter (76 %). COVID-19-Todesfälle betrafen fast ausschließlich ältere Personen ab 60 Jahren (Tabelle 18). Der Anteil Verstorbener unter den übermittelten COVID-19-Fällen ist in den postpandemischen Wintersaisons zurückgegangen und lag in der Wintersaison 2025/26 bei 1,4 % (1.597 verstorbene COVID-19-Fälle). Insgesamt wurden 1.022 COVID-19-Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen pro Ausbruch an das RKI übermittelt. Die meisten Ausbrüche traten in Krankenhäusern (65 %) und Alten-/Pflegeheimen (15 %) auf.

Die vorherrschende SARS-CoV-2-Varianten wechselte im Bezugszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 – 20. KW 2026) mehrfach: Auf LP.8.1 und NB.1.8.1 folgte zunächst XFG, bevor BA.3.2 Ende 2025 vorübergehend den höchsten Anteil erreichte und Anfang 2026 wieder NB.1.8.1 überwog (siehe *Virologische und genomische Analysen*). Bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren wurde BA.3.2 im Vergleich zu XFG und NB.1.8.1 häufiger nachgewiesen. Dieses Muster zeigte sich übereinstimmend in den verschiedenen genomischen bzw. virologischen Surveillance-Systemen, darunter dem IMSSC2-Labornetzwerk, der Abwassersurveillance, sowie der virologischen ARE- und SARI-Sentinel-Surveillance (siehe *Häufigkeit bestimmter SARS-CoV-2-Varianten in verschiedenen Surveillancesystemen*).

Die STIKO empfahl für die Wintersaison 2025/26 eine jährliche COVID-19-Auffrischimpfung im Herbst insbesondere für Personen ab 60 Jahren, Personen mit erhöhtem Risiko für schwere Verläufe sowie für Bewohnende von Pflegeeinrichtungen und Personal im Gesundheitswesen mit direktem Patientenkontakt (siehe *COVID-19-Impfungen*). Für gesunde Kinder und Jugendliche

unter 18 Jahren wurde keine COVID-19-Impfung empfohlen. In der Wintersaison 2024/25 lag die Impfquote der saisonalen COVID-19-Auffrischimpfung bei Personen ab 60 Jahren bei 13 % und bei Personen ab 18 Jahren mit Grunderkrankung bei 8 %, wobei beide Impfquoten gegenüber der Vorsaison deutlich zurückgingen. Insgesamt war die COVID-19-Impfquote deutlich niedriger als die Influenza-Impfquote.

Auch weltweit wurde ein Rückgang der COVID-19-Krankheitslast und schwerer Fälle in den postpandemischen Jahren beobachtet (siehe *Internationale Situation im Sommer 2025 und in der Wintersaison 2025/26*). Grund dafür ist die mildere Symptomatik durch höhere Bevölkerungsimmunität aufgrund von Impfungen bzw. durchgemachten Infektionen. Zudem zirkulieren seit 2024 vorwiegend von der Omikron-Linie JN.1 abstammenden SARS-CoV-2-Viruslinien [59], die im Vergleich zu den vorher dominierenden Virusvarianten durch eine geringere Erkrankungsschwere gekennzeichnet waren.

Über alle Surveillance-Systeme hinweg zeigte sich, dass in den drei post-pandemischen Saisons die Phasen mit erhöhter COVID-19-Aktivität zeitlich vor den Phasen mit erhöhter Aktivität von Influenza und RSV lagen (vgl. Abbildung 6, Abbildung 14B). Mit zunehmender Zirkulation von Influenzaviren ging jeweils ein Rückgang der SARS-CoV-2-Zirkulation einher. Dieses gegenläufige Muster steht im Einklang mit einer aktuellen Analyse von Surveillance-Daten verschiedener Länder der nördlichen Hemisphäre. Diese Analyse zeigt, dass eine höhere Zirkulation von Influenza-A-Viren das Risiko von SARS-CoV-2 in der Bevölkerung verringert [60]. Ein möglicher biologischer Mechanismus hierfür ist die virale Interferenz: Experimentelle Untersuchungen zeigen, dass insbesondere Influenza A die Replikation von SARS-CoV-2 hemmen kann, wahrscheinlich über eine verstärkte Interferon-Antwort. Ein entsprechender hemmender Effekt von SARS-CoV-2 auf Influenza A ist dagegen deutlich schwächer bzw. nicht konsistent nachweisbar [61].

Tabelle 16: Eckdaten von SARS-CoV-2 im Sommer 2025 und in der Wintersaison 2025/2026: Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, der virologischen ARE-Surveillance, der Abwassersurveillance sowie der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), dargestellt für den Sommerzeitraum (21. KW 2025 – 39. KW 2025) sowie die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, KW = Kalenderwoche, MW = Meldewoche, NA = nicht anwendbar, SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen.

		Sommer 2025 21. KW - 39. KW 2025	Wintersaison 2025/26 40. KW 2025 - 20. KW 2026	Gesamtzeitraum 21. KW 2025 - 20. KW 2026
Surveillance- bereich	Indikator	Gesamtwert	Gesamtwert	Gesamtwert
Bevölkerung GrippeWeb (-Plus) (virologisch, syndromisch)	SARS-CoV-2 ²	6,4 %	8,9 %	8,2 %
	COVID-ARE ¹	ca. 4,6 Mio.	ca. 15 Mio.	ca. 20 Mio.
Ambulanter Bereich ARE-Praxis-Sentinel (virologisch, syndromisch)	SARS-CoV-2 ²	7,7 %	7,6 %	7,7 %
	ARE-Konsultationen mit COVID-19- Diagnose ¹	ca. 140.000	ca. 530.000	ca. 670.000
Stationärer Bereich SARI-Krankenhaus- Sentinel (virologisch, syndromisch)	SARS-CoV-2 ²	4,6 %	4,7 %	4,6 %
	SARI-Fälle mit COVID-19-Diagnose ¹	ca. 5.000	ca. 22.000	ca. 27.000
	Anteil COVID-19- Diagnosen bei SARI-Fällen	3,7 %	5,2 %	4,8 %
Meldungen gemäß IfSG (laborbestätigte Fälle, Fallkategorie C–E)	Anzahl COVID-19-Fälle	23.954	114.976	138.930
	Anzahl COVID-19-Fälle mit Hospitalisierung	8.014	42.470	50.484
Genomische Analyse SARS-CoV-2- positiver Proben	Variante XFG ³	62 %	49 %	54 %
	Variante NB.1.8.1 ³	22 %	33 %	29 %
	Variante BA.3.2 ³	0,1 %	13 %	9,0 %

¹ syndromisch: geschätzte Anzahl; ² virologisch: Anteil Proben mit Nachweis; ³ Anteil an allen im Sommer, in der Wintersaison oder im Gesamtzeitraum sequenzierten SARS-CoV-2-Proben aus dem virologischen ARE-Sentinel und dem IMSSC2-Labornetzwerk

5.2 Epidemiologische Analysen

5.2.1 Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance und Partizipative Surveillance)

Autorinnen und Autoren: Ann-Sophie Lehfeld, Janine Michel, Kerstin Prahm, Susan Abunijela, Moritz Bach, Peter Pütz, Udo Buchholz

Die Dynamik der aus dem Abwasser bestimmten SARS-CoV-2-Last, der direkt aus den GrippeWeb-Meldungen berechneten COVID-19-Inzidenz sowie die über GrippeWeb/GrippeWeb-Plus ermittelte COVID-ARE-Inzidenz war bei allen drei Indikatoren ähnlich. Im Folgenden wird vor allem auf die Viruslast im Abwasser sowie die über GrippeWeb/GrippeWeb-Plus berechnete COVID-ARE-Inzidenz eingegangen. Die SARS-CoV-2-Last sowie die COVID-ARE-Inzidenz blieb im Frühjahr 2025 auf einem niedrigen Niveau (letztere bei Werten unter 500 COVID-ARE pro 100.000 Einw. pro Woche; Abbildung 35). Etwa ab der 31. KW 2025 stiegen die Werte beider Indikatoren deutlich an, in der Folge blieb die SARS-CoV-2-Last sowie die COVID-ARE-Aktivität bis zum Jahresende auf erhöhtem Niveau. Im Verlauf zeigt sich ein vorübergehender Rückgang der Viruslast bzw. der Inzidenz während der Herbstferien (42./43. KW), bevor die Werte erneut anstiegen. Der Höchstwert der COVID-ARE-Inzidenz wurde in der 49. KW 2025 mit rund 1.600 COVID-ARE pro 100.000 Einw. erreicht. In der Wintersaison (40. KW 2025 bis 20. KW 2026) wurden insgesamt rund 15 Millionen COVID-ARE geschätzt, während im Sommer 2025 (21. bis 39. KW) etwa 4,6 Millionen COVID-ARE auftraten (Tabelle 16).

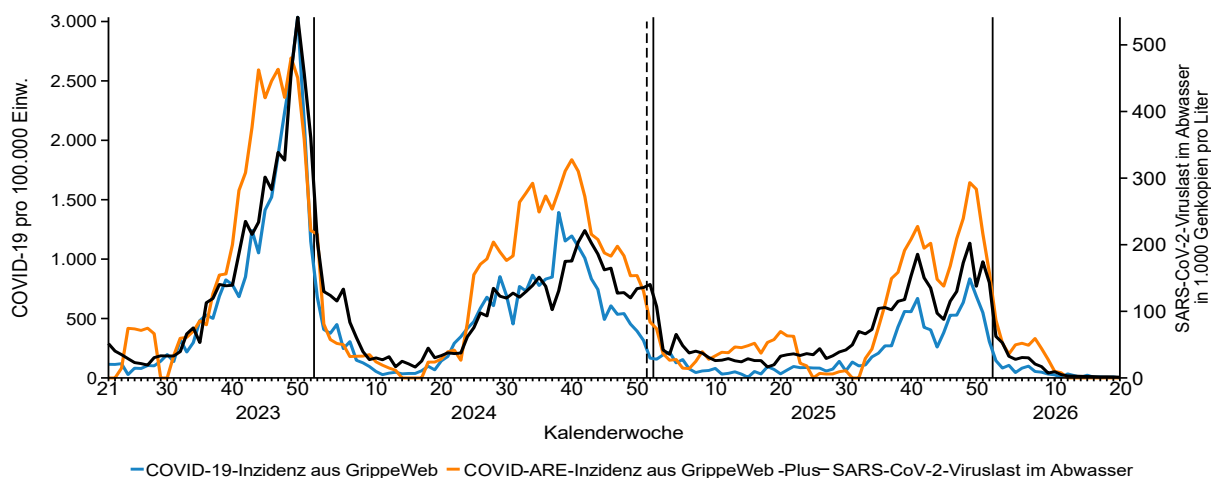


Abbildung 35: Vergleich der aus GrippeWeb berechneten COVID-19-Inzidenz (GrippeWeb-Teilnehmende mit einer neu aufgetretenen Atemwegserkrankung, die als Erregernachweis „SARS-CoV-2“ (laborbestätigt oder per Schnell-/Selbsttest) angegeben haben, linke y-Achse; nicht geglättet) mit der auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten geschätzten COVID-ARE-Inzidenz (GrippeWeb-Plus-Teilnehmende mit laborbestätigtem COVID-19-Nachweis und ARE-Symptomatik; über fünf Wochen gemittelter Wert; linke y-Achse) sowie der aggregierten SARS-CoV-2-Viruslast im Abwasser (rechte y-Achse; nicht geglättet). Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Der Wechsel von der ersten zur zweiten AMELAG-Phase, der mit einer kleineren Anzahl an teilnehmenden Kläranlagen einherging, ist mit einer vertikalen, gestrichelten Linie gekennzeichnet.

Im Verlauf ist zu erkennen, dass der Anstieg der COVID-ARE-Inzidenz im Jahr 2025 einige Wochen später einsetzte als im Vorjahr 2024. Die Höhe der Welle fiel in den beiden Jahren in etwa ähnlich aus. Beide Wellen fallen deutlich niedriger aus als noch im Jahr 2023.

In der Rückschau aller drei Saisons beginnt sich eine Saisonalität anzudeuten, mit konstant niedrigen Werten im Frühjahr/Frühsummer (8. – 24. KW) und Gipfeln zwischen Oktober und Anfang Dezember (41. – 50. KW). Mit den Perioden der Grippe- bzw. RSV-Wellen überschneiden sich die Phasen erhöhter SARS-CoV-2-Aktivität kaum. Zudem laufen die Phasen des Anstiegs bzw. des Rückgangs über einen deutlich längeren Zeitraum ab, als dies bei Grippewellen beobachtet werden kann.

Die Phasen erhöhter COVID-19-Aktivität überschneiden sich in den letzten Saisons kaum mit den Zeiträumen der Grippe- bzw. RSV-Wellen.

Die COVID-19-Inzidenz aus GrippeWeb (Direktmeldungen der Teilnehmenden) war insbesondere ab Mitte 2024 niedriger als die mittels der GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten berechneten Werte (Abbildung 35). Bei den Direktmeldungen der GrippeWeb-Teilnehmenden könnte dies damit zusammenhängen, dass sich Personen im Vergleich zu den Pandemiejahren (2020 bis 2023) nicht mehr so häufig selbst testen und auch dadurch seltener SARS-CoV-2-Nachweise in GrippeWeb gemeldet werden.

In den drei postpandemischen Saisons erreichte die COVID-19-Aktivität die höchsten Werte zw. Oktober und Anfang Dezember.

In der Analyse des Anteils der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenze fällt auf, dass über die Jahre 2023 bis 2025 fast durchgehend und selbst bei einer niedrigen Viruslast bzw. COVID-19-Inzidenz in der Bevölkerung im überwiegenden Teil der Proben SARS-CoV-2-Genomfragmente identifiziert werden konnten (Abbildung 36). Dies spricht für die Sensitivität der Tests für einen SARS-CoV-2-Nachweis. Erst in 2026 – einhergehend damit, dass die geschätzte COVID-19-Inzidenz sich dem Nullpunkt näherte (Abbildung 35) – sank der Anteil der Abwasserproben mit SARS-CoV-2-Nachweis auf unter 25 %.

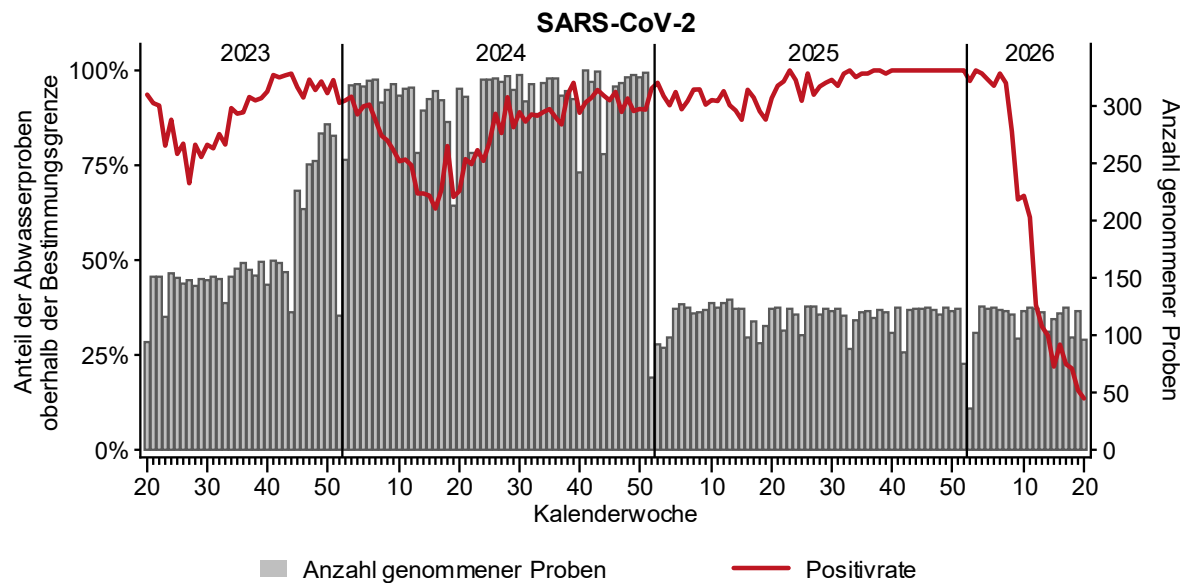


Abbildung 36: Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenzen für SARS-CoV-2-Fragmente. Die rote Kurve zeigt den Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenze. Die grauen Balken zeigen die Anzahl der untersuchten Proben. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel.

Die auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten berechnete SARS-CoV-2-Positivenrate erreichte in der Wintersaison 2025/26 bei den meisten Altersgruppen Werte von etwa 12 %, nur bei den 15- bis 34-Jährigen fiel der Anteil SARS-CoV-2-positiver Proben mit 3 % deutlich niedriger aus (Abbildung 37). Im Sommer wurde SARS-CoV-2 über alle Altersgruppen hinweg seltener (bzw. bei den 15- bis 34-Jährigen: gleich selten) nachgewiesen als in der Wintersaison.

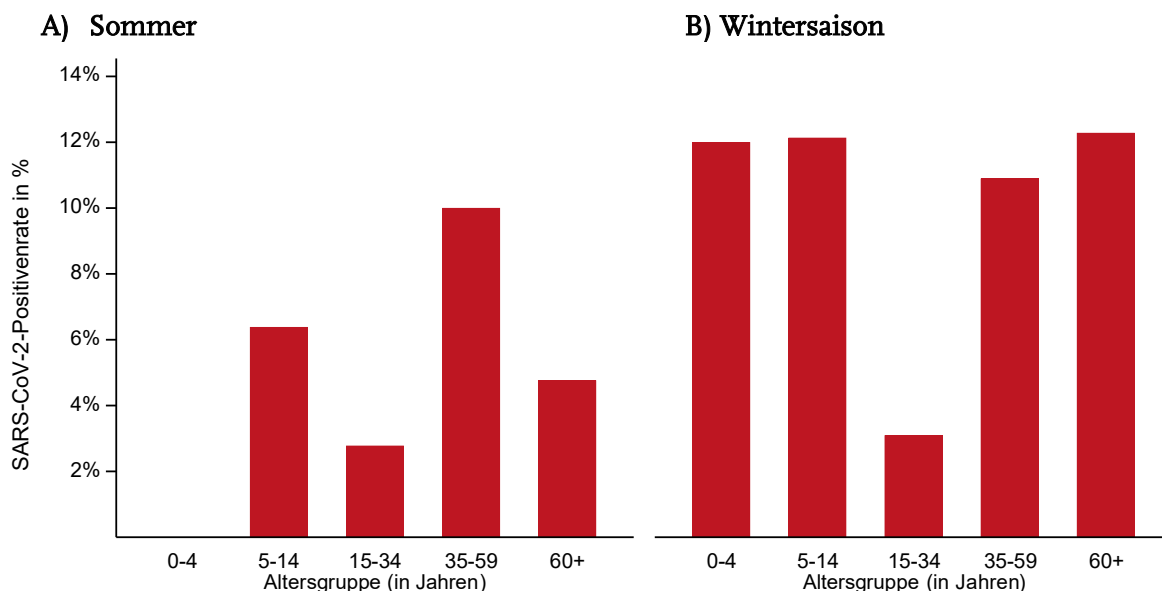


Abbildung 37: Positivenrate (in Prozent) von SARS-CoV-2 aus GrippeWeb-Plus nach Altersgruppe für A) den Sommer 2025 (21. KW – 39. KW) und B) die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026).

5.2.2 Ambulanter Bereich

5.2.2.1 Arztkonsultationen mit COVID-19-Diagnose aus dem ARE-Praxis-Sentinel

Autorinnen und Autoren: Simon Krupka, Juliane Wunderlich, Kerstin Prahm, Ute Preuß, Kristin Tolksdorf

Um die Krankheitslast von COVID-19 im ambulanten Bereich zu erfassen, werden im SEED^{ARE}-System Arztkonsultationen berücksichtigt, bei denen zusätzlich zur Vergabe von mindestens einem der ICD-10-Diagnosecodes für ARE eine COVID-19-Diagnose (U07.1! „COVID-19, Virus nachgewiesen“) kodiert wurde (COVID-ARE-Arztkonsultationen; Abbildung 38); [62]). Da SARS-CoV-2 in den letzten Jahren sowohl im Sommerzeitraum als auch nach der 40. KW innerhalb der Wintersaison zirkulierte (Abbildung 38), sind die Analysen der COVID-ARE-Arztkonsultationen in den verschiedenen Altersgruppen für beide Zeiträume dargestellt (Abbildung 38). Hierbei ist zu beachten, dass die Anzahl an durchgeführten SARS-CoV-2-Tests in primärversorgenden Arztpraxen seit 2023 abgenommen hat, was die Diagnosehäufigkeit beeinflusste und dadurch die Vergleichbarkeit der Saisons einschränkt.

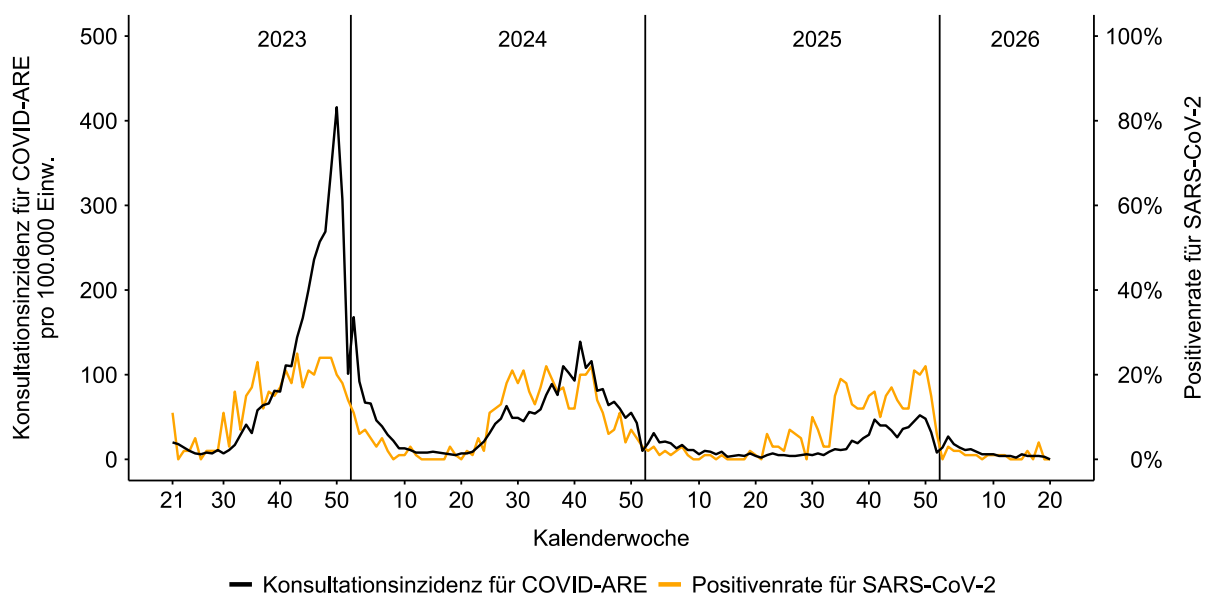


Abbildung 38: Konsultationsinzidenz für COVID-ARE pro 100.000 Einw. und Positivenrate (in Prozent) der eingesandten Proben für SARS-CoV-2 von der 21. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Die Berechnung der Konsultationsinzidenz beruht auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit denen ARE anhand von ICD-10-Diagnosecodes erhoben werden. Die Positivenrate für SARS-CoV-2 beruht auf Daten von 148 Sentinelpraxen der *virologischen ARE-Surveillance*.

Im Bezugszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 bis 20. KW 2026) war die Konsultationsinzidenz für COVID-ARE lediglich im Spätsommer und Herbst 2025 etwas erhöht, sank nach dem Jahreswechsel ab und blieb anschließend sehr niedrig. Die Positivenrate für SARS-CoV-2 der virologischen ARE-Surveillance im ambulanten Bereich stieg bereits im Sommer 2025 ab etwa der 22. KW an und erreichte kurz vor dem Jahreswechsel 22 %. Anschließend fiel die Positivenrate für SARS-CoV-2 wie auch COVID-ARE-Konsultationsinzidenz deutlich ab und lag ab der 1. KW 2026 unter 5 % (Abbildung 38). Auch in den Vorsaisons kam es jeweils nach dem

Jahreswechsel zu einem deutlichen Absinken sowohl der COVID-ARE-Konsultationsinzidenz als auch der SARS-CoV-2-Positivenrate.

Im Vergleich der Sommerzeiträume (jeweils 21. KW bis 39. KW der Jahre 2023, 2024, 2025), die der jeweiligen Wintersaison vorangestellt sind, wies der Sommer 2025 mit 140.000 geschätzten COVID-ARE-Erstkonsultationen eine deutlich niedrigere Zahl an Arztbesuchen mit COVID-19-Diagnosen auf (Sommer 2023: ca. 430.000 COVID-ARE; Sommer 2024: ca. 850.000 COVID-ARE; Abbildung 39A).

In der Wintersaison 2025/26 gab es in Deutschland rund 530.000 COVID-ARE-Erstkonsultationen (Abbildung 39B). Im Vergleich zu den beiden vorhergehenden postpandemischen Wintersaisons 2023/24 (ca. 2,9 Millionen COVID-ARE) und 2024/25 (ca. 1 Million COVID-ARE) zeigte sich somit ebenfalls eine deutliche Reduktion der ARE-Erstkonsultationen mit COVID-19-Diagnose.

Im ambulanten Bereich nahm die Krankheitslast von ARE mit COVID-19 in den drei postpandemischen Saisons sukzessive ab. Sowohl in den Sommerzeiträumen als auch in den Wintersaisons entfielen etwa die Hälfte der geschätzten Arztbesuche mit COVID-19-Diagnose auf die Altersgruppe der 35- bis 59-Jährigen (Abbildung 39). Bei Kindern und Jugendlichen bis 14 Jahren wurde deutlich seltener bei einer ARE eine COVID-19-Erkrankung diagnostiziert (zwischen 2 % und 4 % der ARE-Erstkonsultationen mit COVID-19-Diagnose).

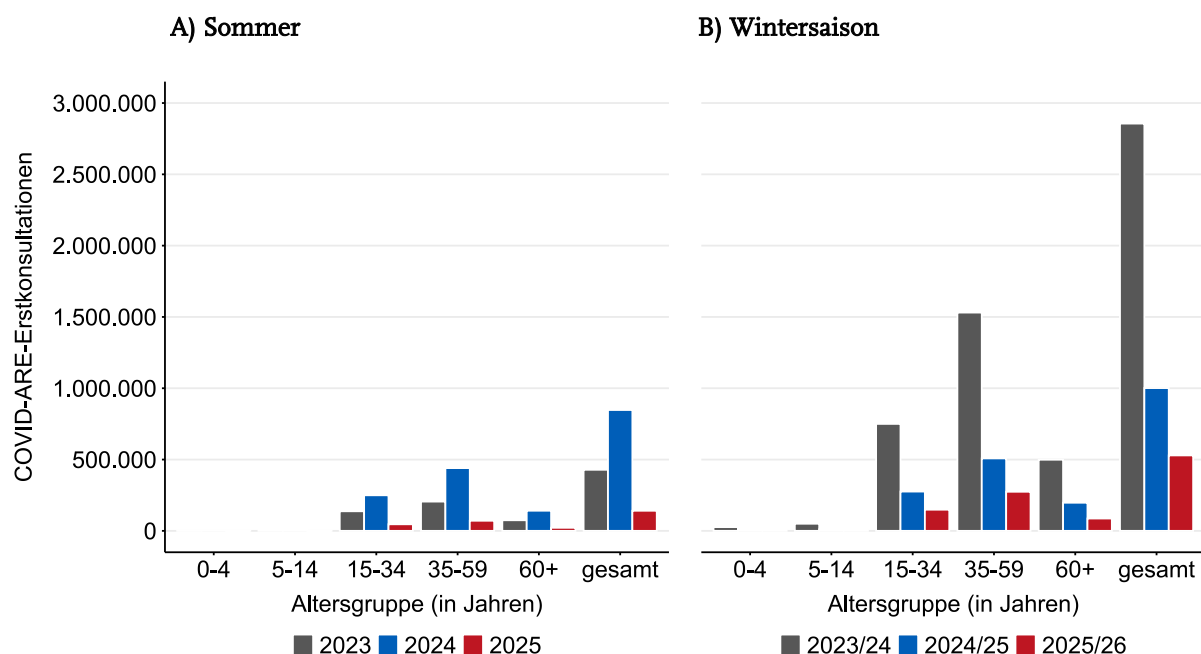


Abbildung 39: Geschätzte Anzahl der ARE-Erstkonsultationen mit zusätzlicher COVID-19-Diagnose (ICD-10-Diagnosecode U07.1!, COVID-ARE-Erstkonsultationen) der postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, differenziert nach Altersgruppen und gesamt sowie für den Zeitraum A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres).

5.2.3 Stationärer Bereich

5.2.3.1 COVID-19-Diagnosen unter den Hospitalisierungen mit SARI

Autorinnen und Autoren: Tamar Gvaladze, Doreen Staat, Ekkehard Schuler, Kristin Tolksdorf

Im Beobachtungszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 – 20. KW 2026) erhielten insgesamt ca. 27.000 Patientinnen und Patienten mit einer schweren akuten respiratorischen Infektion (SARI) eine COVID-19-Diagnose (Tabelle 17), rund 5.000 davon im Sommerzeitraum 2025 (21. KW – 39. KW 2025, 19 Wochen) und ca. 22.000 in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026, je 33 Wochen; Tabelle 16). Somit wurden bei 4,8 % aller hospitalisierten SARI-Fälle im SARI-Krankenhaus-Sentinel eine COVID-19-Diagnose im Beobachtungszeitraum 2025/26 vergeben. Über 80 % der SARI-Fälle, die mit COVID-19 hospitalisiert wurden, waren 60 Jahre und älter (ca. 22.000 von 27.000; Tabelle 17, Abbildung 40, Abbildung 41). Am häufigsten wurde unter den ältesten SARI-Patientinnen und -Patienten eine COVID-19-Diagnose vergeben: Bei 7,1 % der SARI-Fälle ab 80 Jahren wurde COVID-19 diagnostiziert.

Etwa 14 % der an COVID-19 erkrankten SARI-Fälle wurden intensivmedizinisch behandelt (Tabelle 17). Hiervon besonders betroffen waren SARI-Patientinnen und -Patienten im Alter von 60 bis 79 Jahren, unter ihnen kam es bei etwa jedem fünften SARI-Fall mit COVID-19-Diagnose zur Behandlung auf einer Intensivstation (ITS).

Tabelle 17: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle und der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!), Anteil an SARI-Fällen mit COVID-19-Diagnose unter allen SARI-Fällen, Anteil Fälle mit Behandlung auf einer Intensivstation (ITS) unter SARI-Fällen mit COVID-19-Diagnose; jeweils nach Altersgruppen im Bezugszeitraum (Sommer und Wintersaison: 21. KW 2025 – 20. KW 2026); Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.

Altersgruppe (in Jahren)	SARI-Fälle gesamt	SARI-Fälle mit COVID-19-Diagnose		
	Anzahl	Anteil an SARI gesamt	Anzahl	Anteil ITS
0 - 4	75.000	2,3 %	1.700	11 %
5 - 14	24.000	1,4 %	300	5,6 %
15 - 34	23.000	2,5 %	600	13 %
35 - 59	59.000	3,2 %	1.900	12 %
60 - 79	176.000	4,8 %	8.400	21 %
80+	195.000	7,1 %	14.000	9,7 %
Gesamt	551.000	4,8 %	27.000	14 %

Im Beobachtungszeitraum 2025/26 kam es bei den ab 60-Jährigen ab der 34. KW 2025 zu einem Anstieg der Hospitalisierungen aufgrund von SARI mit COVID-19-Diagnose (Abbildung 40). Der Höhepunkt der Fallzahlen wurde in der 41. KW 2025 erreicht, ein deutlicher Rückgang der COVID-19-Krankheitslast erfolgte jedoch erst zum Jahreswechsel 2025/26. Ab der 48. KW 2025 änderten sich die Anteile der krankheitsspezifischen Diagnosen, wodurch bei den SARI-Fällen nicht mehr COVID-19, sondern Influenza von den drei im Fokus stehenden Erkrankungen dominierten (siehe Kapitel *Akute Atemwegserkrankungen*, Abbildung 14B, siehe Kapitel *Influenzavirus-Erkrankungen*, Abbildung 25).

Unter den betrachteten Erkrankungen wurde COVID-19 kurz vor Jahreswechsel von Influenza als vorherrschende Erkrankung bei den SARI-Fällen abgelöst.

Im Gegensatz zu den SARI-Patientinnen und -Patienten mit einer Influenza-Diagnose, bei denen es über alle Altersgruppen hinweg zu einer erhöhten Anzahl an Hospitalisierungen kam, waren bei den SARI-Fällen mit COVID-19 hauptsächlich bestimmte Altersgruppen (ab 60 Jahre) betroffen (vgl. Abbildung 40 mit Abbildung 23 im Kapitel *Influenzavirus-Erkrankungen*; Abbildung 41). Bei den unter 60-Jährigen kam es während des Beobachtungszeitraums 2025/26 zu keiner nennenswerten Zunahme der Zahl an SARI-Fällen mit COVID-19-Erkrankung.

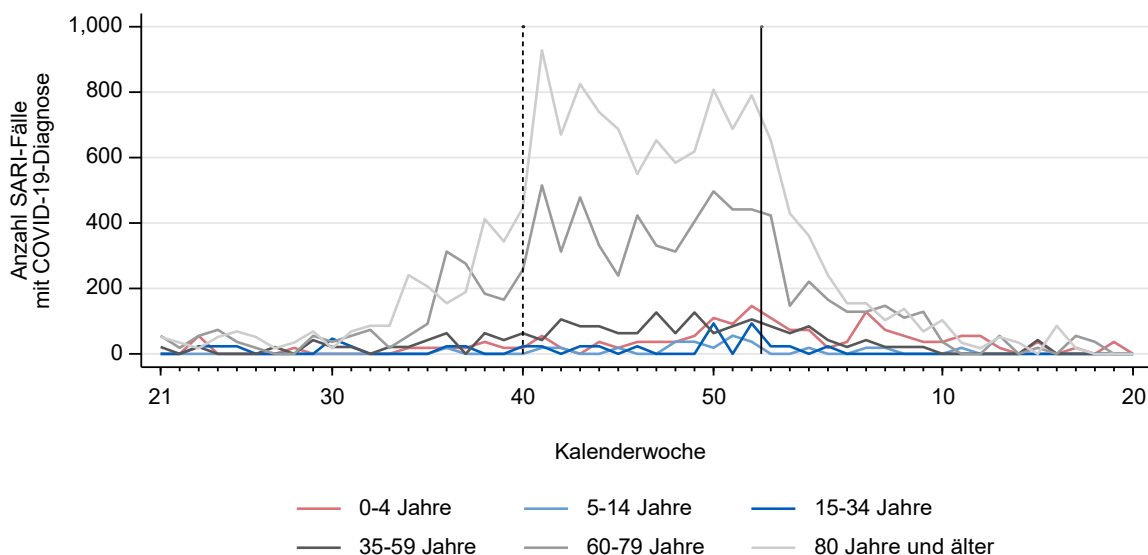


Abbildung 40: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!) in Deutschland nach Altersgruppen im Bezugszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

Unter den SARI-Fällen mit COVID-19-Diagnose lag die Hauptkrankheitslast bei den ab 60-Jährigen.

Im Vergleich zu den beiden vorherigen Jahreszeiträumen wurden sowohl im Sommer 2025 als auch in der Wintersaison 2025/26 bei den ab 60-Jährigen weniger SARI-Fälle mit COVID-19-Diagnose beobachtet (Abbildung 41). Insbesondere in den Wintersaisons kam es zwischen 2023/24 und 2025/26 jedes Jahr etwa zu einer Halbierung der Anzahl an SARI-Fällen mit COVID-19 in den beiden ältesten Altersgruppen (Abbildung 41B). Bei den unter 60-Jährigen COVID-19-SARI-Patientinnen und Patienten traten die meisten Fälle ebenfalls in der Wintersaison 2023/24 auf. Generell lässt sich bei den COVID-19-SARI-Fällen feststellen, dass die Krankheitslast in allen Wintersaisons, auch unter Beachtung der längeren Zeitspanne (Sommer: 19 Wochen, Wintersaison: 33 Wochen), deutlich größer als im jeweiligen Sommer war (Abbildung 41), insbesondere im Beobachtungszeitraum 2023/24 (Abbildung 41, graue Balken).

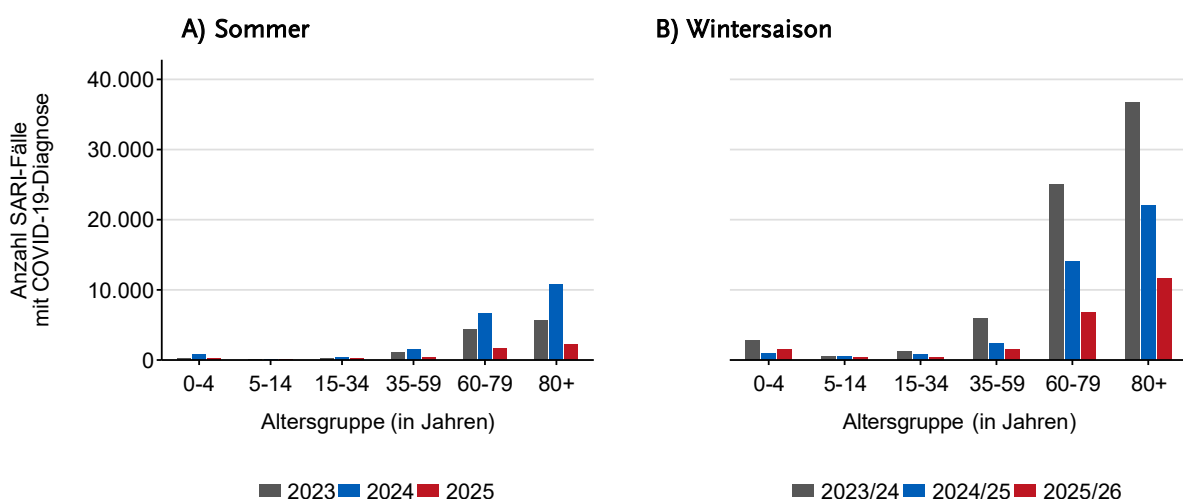


Abbildung 41: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!) in Deutschland nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026, jeweils für den Zeitraum A) Sommer (21. KW – 39. KW; je 19 Wochen) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres; je 33 Wochen); Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

Altersunabhängig nahm sowohl die maximale wöchentliche Anzahl als auch die Gesamtzahl aller SARI-Fälle mit COVID-19-Diagnose im jeweiligen Beobachtungszeitraum (21. KW – 20. KW des Folgejahres) innerhalb der postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 kontinuierlich ab (Gesamtzahl 2023/24: ca. 84.000 SARI-Fälle mit COVID-19-Diagnose, 2024/25: ca. 61.000 Fälle, 2025/26: ca. 27.000 Fälle; Abbildung 42, schwarze Linie).

Dieser kontinuierliche Rückgang in den vergangenen drei Jahren zeigte sich ebenfalls beim maximalen wöchentlichen Anteil an COVID-19-Diagnosen unter den SARI-Fällen: Zum Höhepunkt der Krankheitslast im Beobachtungszeitraum 2025/26 erhielt knapp jeder fünfte

SARI-Fall eine COVID-19-Diagnose, in 2023/24 war es noch etwa jeder dritte Fall (Abbildung 42, gelbe Linie).

In den drei postpandemischen Saisons kam es zu einer sukzessiven Reduktion der Krankheitslast durch COVID-19 bei den SARI-Fällen.

Aufgrund des vergleichsweise frühen Anstiegs der Hospitalisierungen von SARI-Fällen mit COVID-19 im Jahr 2024 (24. KW 2024; 28. KW 2023; 34. KW 2025) kam es bereits im Sommer 2024 zu einer erhöhten Krankheitslast (Abbildung 42, schwarze Linie). Die Haupt-Krankheitslast von COVID-19 unter den SARI-Fällen trat jedoch über die betrachteten Jahre hinweg insbesondere in den Herbstmonaten bis zum Beginn des Winters auf, mit Höhepunkten in der 50. KW 2023, der 43. KW 2024 bzw. der 41. und 52. KW 2025.

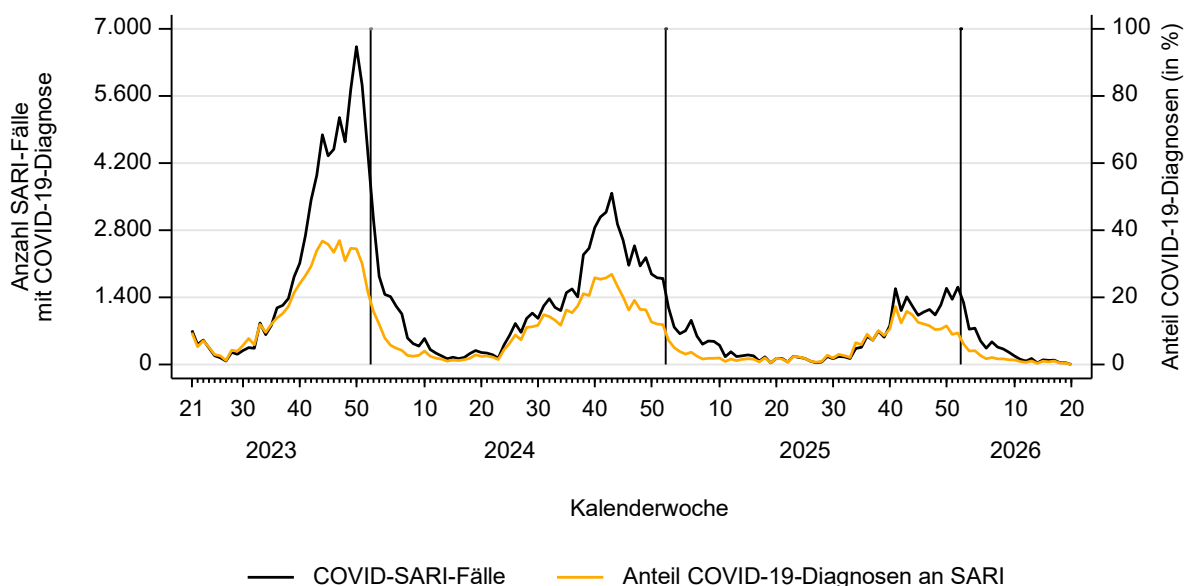


Abbildung 42: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!) (schwarze Linie) sowie der Anteil an COVID-19-Diagnosen bei den SARI-Fällen (gelbe Linie) in den postpandemischen Jahren 2023 bis 2026 in Deutschland. Die schwarzen, senkrechten Striche zeigen den Jahreswechsel. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

5.2.4 COVID-19-assoziierte Übersterblichkeit

Autoren: Udo Buchholz, Andreas Hicketier, Matthias an der Heiden

In den Saisons 2024/25 und 2025/26 konnten über die Übersterblichkeitsanalyse keine Übersterblichkeiten überzeugend mit COVID-19 in Verbindung gebracht werden. Die generelle

Methodik der Übersterblichkeitsanalyse wird im Glossar erläutert. Die Meldezahlen weisen dagegen in allen drei Saisons Todesfälle auf (siehe *COVID-19-Meldungen gemäß IfSG*).

5.2.5 COVID-19-Meldungen gemäß IfSG

Autorinnen: Ann-Sophie Lehfeld, Maria Helmrich

Fallzahlen

Für den Zeitraum von der 21. Meldewoche (MW) 2025 bis zur 20. MW 2026 (Sommerzeitraum 2025 und Wintersaison 2025/26) wurden 140.735 COVID-19-Fälle gemäß Referenzdefinition an das RKI übermittelt. Davon entfielen 138.930 auf laborbestätigte COVID-19-Fälle. Etwas mehr als die Hälfte der Fälle (55 %) war 60 Jahre oder älter. Bei 90.517 laborbestätigten Fällen lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor, davon waren 50.484 (58 %) hospitalisiert. Etwa drei Viertel (76 %) der Hospitalisierten war 60 Jahre oder älter, der Anteil der 0- bis 14-Jährigen betrug etwa 9 %.

Nachdem die COVID-19-Fallzahlen zwischen der 21. und 31. MW 2025 auf niedrigem Niveau bei unter 1.000 wöchentlich übermittelten Fällen blieben, war ab der 32. MW ein Anstieg zu erkennen (Abbildung 43). In den beiden Vorjahren stiegen die Fallzahlen bereits einige Wochen früher an. Es folgte ein längerer Zeitraum mit erhöhten COVID-19-Fallzahlen, der sich bis zum Jahresende erstreckte. In der 50. MW 2025 wurde der Höhepunkt mit über 10.000 übermittelten Fällen erreicht. Danach nahmen die Fallzahlen wieder ab und blieben ab der 12. MW 2026 bei (deutlich) unter 1.000 wöchentlich übermittelten Fällen.

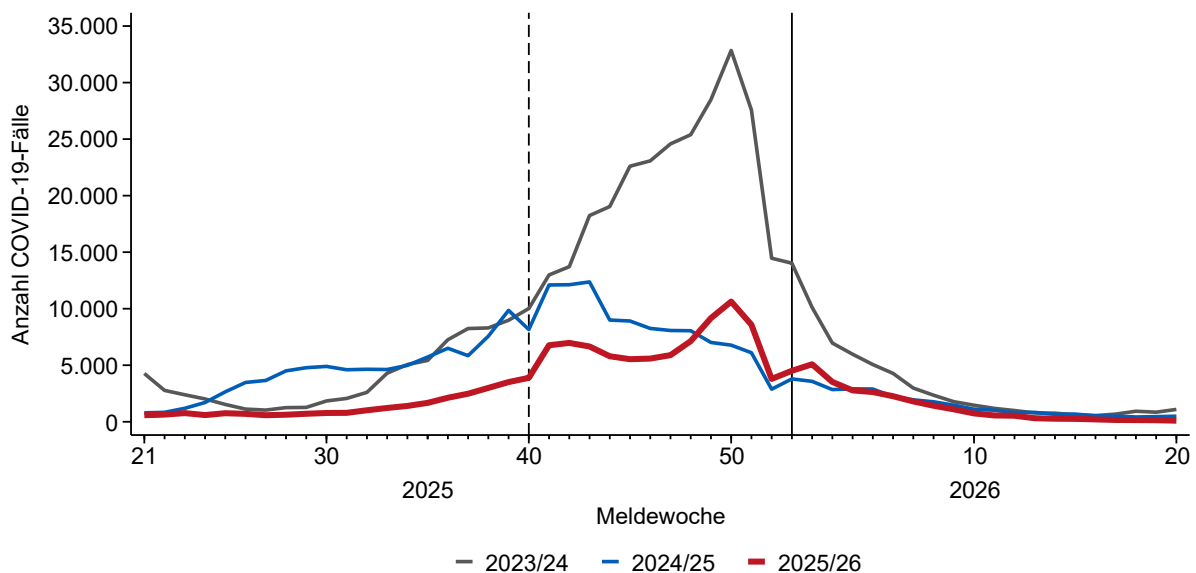


Abbildung 43: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte COVID-19-Fälle nach Meldewoche (21. MW 2025 – 20. MW 2026) und den zwei Vorjahreszeiträumen (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitionskategorien C–E). Der gestrichelte senkrechte Strich markiert den Beginn der Wintersaison (40. MW). Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres.

Todesfälle

Zwischen der 21. MW 2025 und 20. MW 2026 wurden insgesamt 1.827 Todesfälle mit labordiagnostisch bestätigter SARS-CoV-2-Infektion an das RKI übermittelt (Tabelle 18). Davon traten 1.597 Todesfälle in der Wintersaison 2025/26 auf. Dies entspricht unter den laborbestätigten COVID-19-Fällen für den Zeitraum der Wintersaison 2025/26 einem Fall-Verstorbenen-Anteil von 1,4 %. Der Fall-Verstorbenen-Anteil ist im Vergleich zu den beiden vorherigen Wintersaisons weiter leicht zurückgegangen (2023/24: 2,1 %; 2024/25: 1,9 %). Der überwiegende Anteil der Todesfälle trat in der Altersgruppe der ab 80-Jährigen (66 %) und der 60- bis 79-Jährigen (30 %) auf. Der Anteil der bis 34-Jährigen unter den Todesfällen war mit < 1 % sehr gering.

Tabelle 18: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte COVID-19-Todesfälle nach Altersgruppe für den Sommer 2025 (21. MW – 39. MW) und die Wintersaison (40. MW 2025 – 20. MW 2026) (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C – E).

Altersgruppe (Jahre)	Sommer		Wintersaison		Gesamt	
	Todesfälle	Anteil	Todesfälle	Anteil	Todesfälle	Anteil
< 5	2	0,9 %	3	0,2 %	5	0,3 %
5–14	3	1,3 %	0	0 %	3	0,2 %
15–34	1	0,4 %	4	0,3 %	5	0,3 %
35–59	8	3,5 %	62	3,9 %	70	3,8 %
60–79	63	27,4 %	482	30,2 %	545	29,8 %
≥ 80	153	66,5 %	1.046	65,5 %	1.199	65,6 %
Gesamt	230	100 %	1.597	100 %	1.827	100 %

Ausbrüche

Im Sommer 2025 und der anschließenden Wintersaison 2025/26 wurden insgesamt 1.022 COVID-19-Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen gemäß Referenzdefinition an das RKI übermittelt (siehe Abbildung 44). Die Mehrheit der Ausbrüche wurde zwischen der 39. MW und 51. MW 2025 übermittelt.

In der Wintersaison 2025/26 wurden 888 COVID-19-Ausbrüche übermittelt, denen 8.723 Fälle zugeordnet wurden. Dies entspricht einer durchschnittlichen Ausbruchsgröße von 9,8 Fällen pro Ausbruch (Median: 8 Fälle; Spannweite: 5–76 Fälle pro Ausbruch). Wie auch in den Vorjahren wurden im Krankenhaus die meisten Ausbrüche übermittelt (574; 65 %), gefolgt von Ausbrüchen in Alten-/Pflegeheimen (134; 15 %). Unter den sonstigen Settings wurden am häufigsten Reha-Einrichtungen (60; 6,8 %) und medizinische Einrichtungen im Allgemeinen (ohne nähere Spezifizierung; n = 12; 1,3 %) angegeben.

COVID-19-Todesfälle betrafen fast ausschließlich ältere Personen ab 60 Jahren. Die meisten Ausbrüche traten in Krankenhäusern und Pflegeheimen auf.

COVID-19-Ausbrüche	Sommer	Wintersaison	Gesamt
Gesamtzahl Saison	134	888	1.022
Krankenhaus	76	574	650
Alten-/Pflegeheim	32	134	166
Schule	0	0	0
Kita/Hort	2	28	30
sonstige Settings*	24	152	176
Anzahl Ausbruchsfälle	1.403	8.723	10.126
durchschnittliche Fallzahl pro Ausbruch	10,5	9,8	9,9

*Unter sonstige Settings sind alle weiteren Settings wie z.B. privater Haushalt, Arbeitsplatz oder Freizeit zusammengefasst.

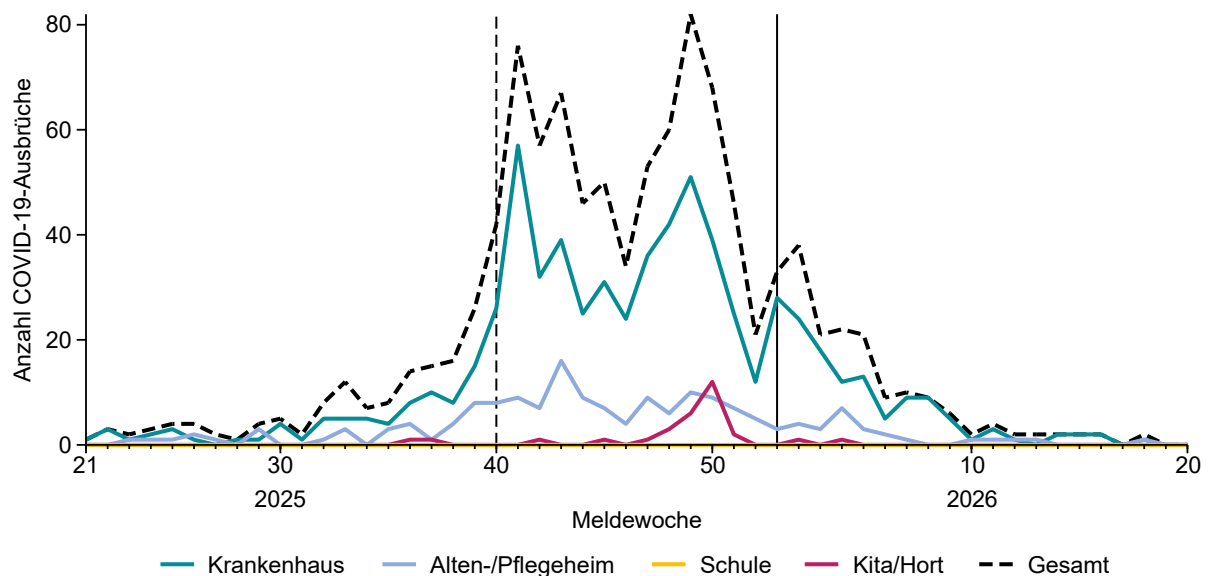


Abbildung 44: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte COVID-19-Ausbrüche gesamt sowie für ausgewählte Settings von der 21. MW 2025 – 20. MW 2026. Es wurden nur Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen gemäß Referenzdefinition (einschließlich klinisch epidemiologisch bestätigter Fälle der RKI-Falldefinitions-kategorien B – E) berücksichtigt. Der gestrichelte senkrechte Strich markiert den Saisonbeginn (40. MW). Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres.

5.3 Virologische und genomische Analysen

5.3.1 Integrierte genomische Surveillance für SARS-CoV-2

Autorinnen: Jessica Schulze, Christin Mache, Romy Kerber

Im Bezugszeitraum von der 21. KW 2025 bis 20. KW 2026 wurden am RKI insgesamt 2.550 SARS-CoV-2 Genomsequenzen aus Patientenproben generiert. Davon stammten 2.161 (85 %) Genomsequenzen aus Proben des IMSSC2-Labornetzwerkes (Abbildung 45). Zusätzlich trug die virologische ARE-Surveillance 281 (11 %) (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*), die virologische SARI-Surveillance 52 (2 %) (siehe *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*) und die virologisch-mikrobiologische Surveillance GrippeWeb-Plus weitere 56 (2 %) SARS-CoV-2 Genomsequenzen bei (Abbildung 45).

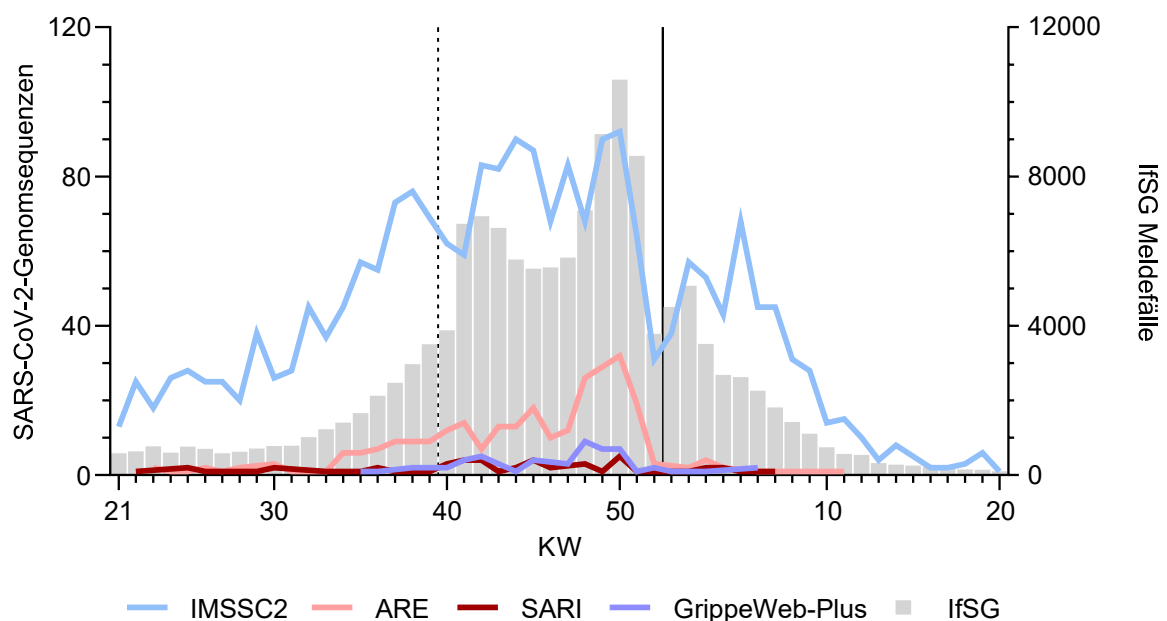


Abbildung 45: Zeitliche Verteilung der Anzahl sequenzierter SARS-CoV-2-positiver Proben nach Probenentnahmedatum im Bezugszeitraum 21. KW 2025 bis 20. KW 2026 aus dem IMSSC2-Labornetzwerk (hellblaue Linie), dem virologischen ARE-Praxis-Sentinel (hellrote Linie), dem virologischen SARI-Krankenhaus-Sentinel (dunkelrote Linie) und GrippeWeb-Plus (violette Linie). Die SARS-CoV-2-Meldefälle gemäß IfSG sind als graue Balken dargestellt. Die senkrechte gestrichelte Linie markiert die Unterteilung des Zeitraums in Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026), die senkrechte durchgehende Linie den Jahreswechsel.

Die in Abbildung 46 dargestellte Verteilung der SARS-CoV-2-Varianten basiert auf genomischen Daten, die im Rahmen des virologischen ARE-Sentinel und des IMSSC2-Labornetzwerks bundesweit erhoben wurden (Abbildung 46A). Die Herkunft der Proben nach Wohnort der Patientinnen und Patienten ist recht gleichmäßig über Deutschland verteilt.

Zu unterschiedlichen Zeitpunkten innerhalb des angegebenen Bezugszeitraums führte die WHO die SARS-CoV-2-Varianten LB.1, KP.3.1.1, XEC, LP.8.1, NB.1.8.1, XFG und BA.3.2 als Variants under Monitoring (VUM). Zu Beginn des Bezugszeitraums dominierten die Varianten LP.8.1 und NB.1.8.1 (Abbildung 46B). Im weiteren zeitlichen Verlauf wurden beide Varianten zunehmend durch die SARS-CoV-2-Variante XFG verdrängt. XFG erreichte Mitte August 2025 den höchsten Anteil unter den in Deutschland zirkulierenden SARS-CoV-2-Varianten und blieb auch zu Beginn der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) die vorherrschende Variante. Ab September 2025 wurde zusätzlich die Variante BA.3.2 nachgewiesen. Diese gewann im weiteren Verlauf an Bedeutung und war Ende des Jahres 2025 kurzzeitig die dominierende Variante in Deutschland. Mit Beginn des Jahres 2026 wurde BA.3.2 jedoch von NB.1.8.1 als vorherrschende Variante abgelöst (Abbildung 46B). Die SARS-CoV-2-Varianten LB.1, KP.3.1.1 und XEC wurden im Bezugszeitraum nur vereinzelt detektiert und spielten somit im Infektionsgeschehen nur eine untergeordnete Rolle.

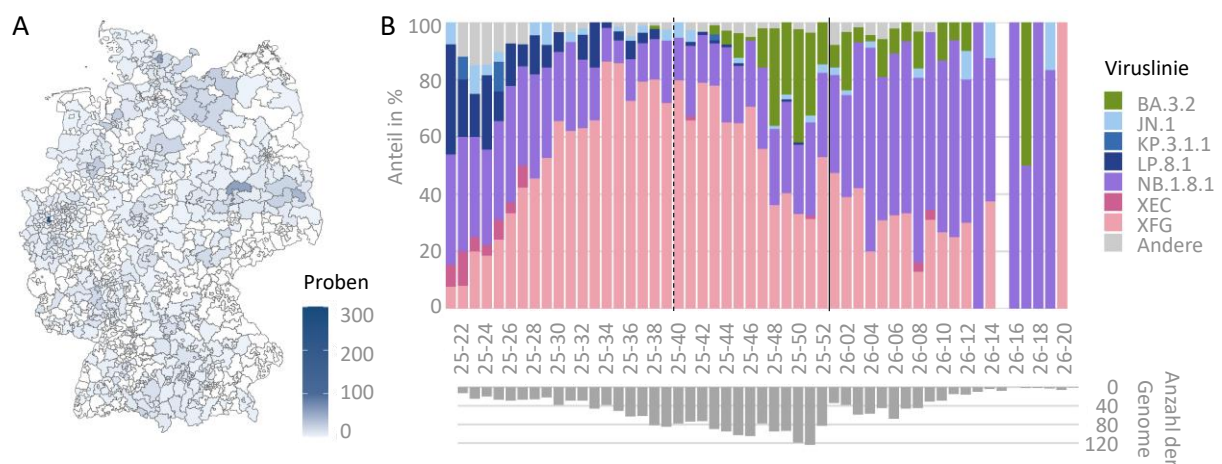


Abbildung 46: Verteilung von SARS-CoV-2-Sequenzen und -Varianten in Deutschland im Bezugszeitraum 21. KW 2025 bis 20. KW 2026. A) Geografische Verteilung von SARS-CoV-2 Sequenzen aus dem ambulanten virologischen ARE-Sentinel und dem IMSSC2-Labornetzwerk im Sommer (21. KW 2025 – 39. KW 2025) und in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die blaue Flächenfärbung kennzeichnet die kumulative Anzahl der SARS-CoV-2 positiven Proben im Zeitraum nach dreistelliger Postleitzahlregion des Wohnortes der Patienten und Patientinnen. B) Zeitliche Verteilung der Anteile von SARS-CoV-2-Linien aus dem ambulanten virologischen ARE-Sentinel und dem IMSSC2-Labornetzwerk. Für die 15. KW 2026 standen keine SARS-CoV-2-Sequenzen zur Verfügung. Die senkrechte gestrichelte Linie markiert die Unterteilung des Zeitraums in Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026), die senkrechte durchgehende Linie den Jahreswechsel.

Unter den insgesamt 56 in der GrippeWeb-Plus-Surveillance erzeugten SARS-CoV-2 Genomsequenzen wurden XFG ($n = 25$; 45 %) und BA.3.2 ($n = 20$; 36 %) am häufigsten detektiert. Die Variante NB.1.8.1 konnte insgesamt achtmal (14 %) nachgewiesen werden.

Auch in der virologischen SARI-Krankenhaus-Surveillance wurde die Variante XFG mit 29 Nachweisen (56 %) von insgesamt 52 analysierten SARS-CoV-2 Genomsequenzen am häufigsten detektiert. NB.1.8.1 wurde in 13 Proben (25 %) und BA.3.2 in drei Proben (6 %) nachgewiesen. Darüber hinaus wurden JN.1 in vier Proben (8 %) sowie LP.8.1 und XEC jeweils einmal (je 2 %) detektiert. Insgesamt entfiel die überwiegende Mehrheit der sequenzierten Genome in 2025/26 auf eine als VUM eingestufte SARS-CoV-2-Linie.

Im Bezugszeitraum (21. KW 2025 - 20. KW 2026) waren XFG, NB.1.8.1 und BA.3.2. die vorrangig zirkulierenden SARS-CoV-2-Varianten

Bei vergleichenden Analysen von XFG, NB.1.8.1 und BA.3.2, in Proben aus dem ARE-Sentinel und dem IMSSC2-Labornetzwerk, zeigte sich, dass BA.3.2 bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahre häufiger detektiert wurde als die beiden anderen vorrangig zirkulierenden Varianten (Abbildung 47). Studien mit internationalen Daten beobachten ebenfalls eine höhere relative Frequenz an BA.3.2-Detektionen in jungen Kindern [63], was vermutlich durch niedrigere Titer neutralisierender Antikörper gegen diese SARS-CoV-2-Variante bedingt ist [64].

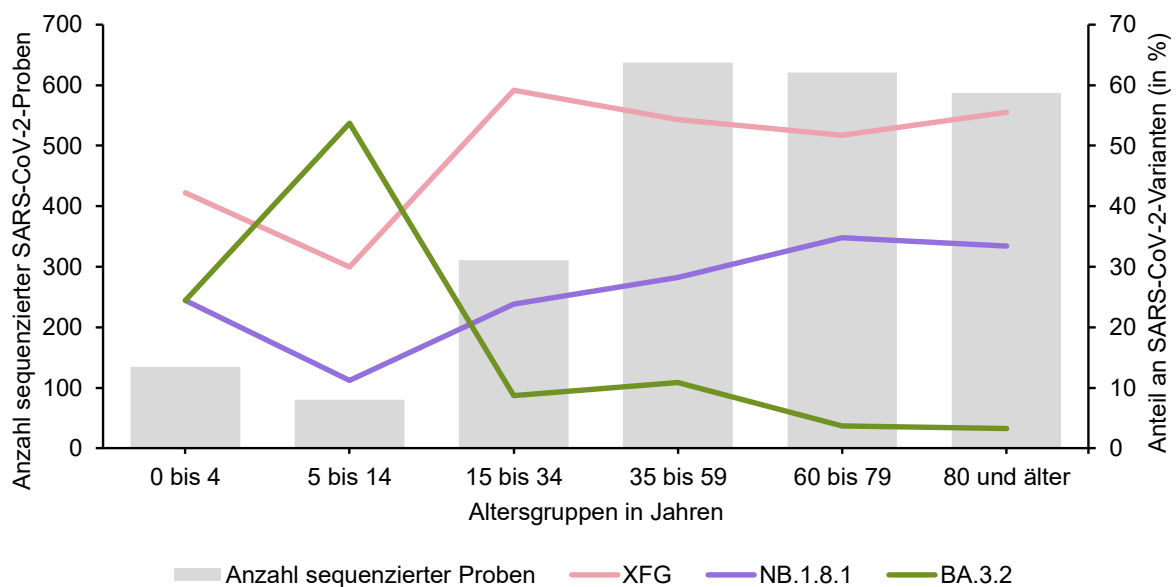


Abbildung 47: Anzahl der sequenzierten SARS-CoV-2-positiven Proben aus dem ARE-Sentinel und IMSSC2-Labornetzwerk nach Altersgruppe (graue Balken, linke y-Achse) sowie Anteil der Proben mit einem Nachweis der SARS-CoV-2-Varianten XFG, NB.1.8.1 und BA.3.2 (Linien, rechte y-Achse) im Bezugszeitraum 21. KW 2025 bis 20. KW 2026.

Im Vergleich mit XFG, NB.1.8.1 wurde BA.3.2 im Bezugszeitraum 2025/26 bei Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren häufiger detektiert.

5.3.2 AMELAG Abwassersequenzierung

Autoren: *Daniel Desirò, Martin Hölzer*

Abbildung 48 zeigt, dass sich die Zusammensetzung der zirkulierenden SARS-CoV-2-Linien in den Abwasserproben des AMELAG-Projekts und in den Proben des IMSSC2-Labornetzwerkes sowie des virologischen ARE-Sentinelns (nachfolgend als IMSSC2-/ARE-Proben benannt) über weite Teile des Beobachtungszeitraums vergleichbar entwickelten. Besonders deutlich ist die Dominanz der Linie XFG in der zweiten Jahreshälfte 2025 in beiden Datensätzen erkennbar. Im Abwasser erreichte XFG ab etwa KW 30/2025 über mehrere Wochen hohe Anteile und blieb auch zu Beginn der Wintersaison 2025/2026 deutlich nachweisbar. Ein vergleichbares Bild zeigte sich in den IMSSC2-/ARE-Proben, in denen XFG über einen längeren Zeitraum ebenfalls zu den dominierenden Linien gehörte.

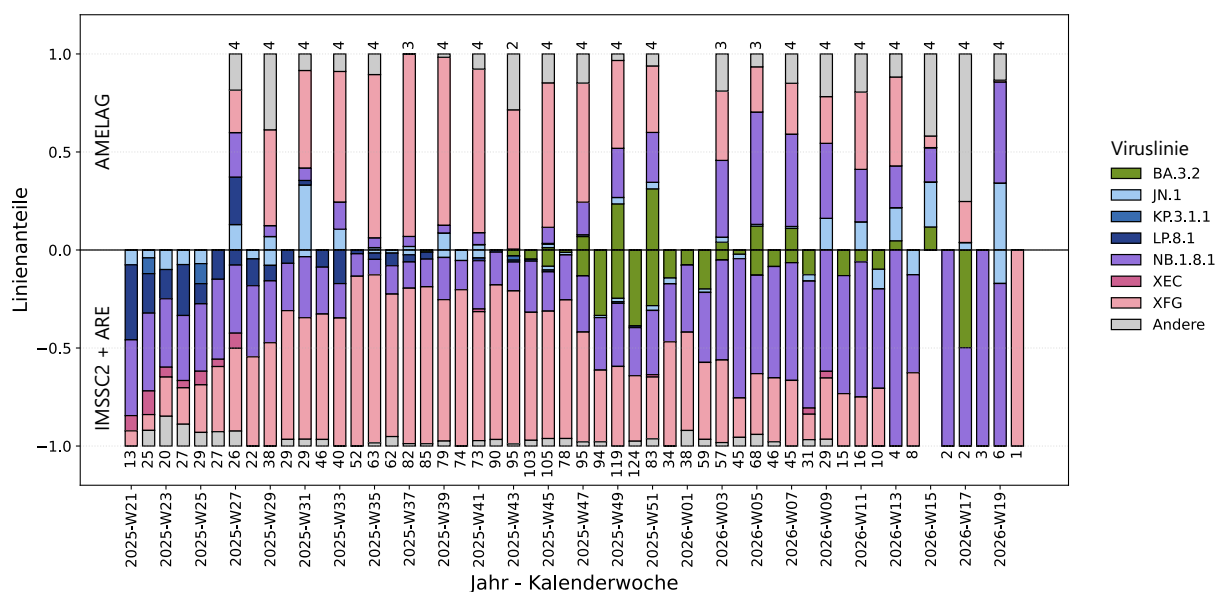


Abbildung 48: Vergleich der relativen SARS-CoV-2-Linienanteile zwischen Proben des AMELAG-Abwassermonitorings und Proben des IMSSC2-Labornetzwerkes einschließlich der virologischen ARE-Surveillance im Zeitraum von KW 21/2025 bis KW 20/2026. Die oberen Balken zeigen die mittleren Linienanteile aus Abwasserproben des AMELAG-Projekts. Grundlage sind 24-Stunden-Mischproben aus vier Kläranlagenstandorten in Deutschland; dargestellt ist jeweils der Mittelwert aller Standorte pro Kalenderwoche. Die unteren Balken zeigen die entsprechenden Linienanteile aus den IMSSC2- und ARE-Proben. Beide Datensätze wurden mit dem bioinformatischen Tool *Freyja* analysiert, wodurch eine methodisch einheitliche Analyse beider Probenarten ermöglicht und der direkte Vergleich zwischen Abwasser- und IMSSC2-/ARE-Proben erleichtert wird. Dies unterscheidet sich von der separaten Darstellung der IMSSC2- und ARE-Daten (vgl. Abbildung 46B), bei der die Linienzuordnung auf Pangolin-Analysen einzelner rekonstruierter SARS-CoV-2-Genome basiert. Die Zahlen oberhalb bzw. unterhalb der Balken geben die Anzahl der in der jeweiligen Kalenderwoche verfügbaren und qualitätsgeprüften Proben an. Dargestellt sind ausgewählte SARS-CoV-2-Linien; nicht gesondert ausgewiesene oder nicht eindeutig zuordenbare Anteile wurden unter der Kategorie „Andere“ zusammengefasst.

Im weiteren Verlauf traten zusätzliche Linien auf, insbesondere BA.3.2 und NB.1.8.1 sowie in geringerem Umfang JN.1. BA.3.2 wurde in beiden Datensätzen gegen Ende des Jahres 2025 bzw. zu Beginn des Jahres 2026 zunehmend nachgewiesen. In den IMSSC2-/ARE-Proben zeigte sich darüber hinaus im Jahr 2026 ein ansteigender Anteil von NB.1.8.1. Entsprechende Signale waren auch im Abwasser erkennbar, wobei die geschätzten Linienanteile dort stärkeren wöchentlichen Schwankungen unterlagen. Insgesamt deutet die Darstellung darauf hin, dass die wesentlichen Veränderungen der zirkulierenden SARS-CoV-2-Linien sowohl im Abwasser als auch in den IMSSC2-/ARE-Proben nachvollzogen werden konnten.

Die Übereinstimmung zwischen beiden Datensätzen ist jedoch nicht vollständig, was aufgrund der unterschiedlichen Probenarten zu erwarten ist. Während IMSSC2-/ARE-Proben in der Regel einzelne Infektionen repräsentieren, stellen Abwasserproben komplexe Mischproben aus großen Einzugsgebieten dar, die gleichzeitig genetische Signaturen mehrerer Viruslinien enthalten können. Unterschiede können unter anderem durch die Zusammensetzung der Einzugsgebiete, die Anzahl verfügbarer IMSSC2-/ARE-Proben, die Viruskonzentration im Abwasser, die Sequenziertiefe und Genomabdeckung sowie durch die bioinformatische Dekonvolution der Mischsignale entstehen. Insbesondere bei niedrigen SARS-CoV-2-Konzentrationen im Abwasser kann die Linienzuordnung erschwert sein, da geringere Mengen viralen Materials die Sequenzierqualität und damit die Zuverlässigkeit der Zuordnung einzelner Linien beeinflussen können [65, 66].

Diese Einschränkung steht im Einklang mit den Ergebnissen zur SARS-CoV-2-Last im Abwasser (siehe *Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance und Partizipative Surveillance)*). Insbesondere nach dem Rückgang der Viruslast zu Beginn des Jahres 2026 könnten die geschätzten Linienanteile im Abwasser stärker durch technische und analytische Unsicherheiten beeinflusst worden sein. Die in einzelnen Kalenderwochen beobachteten höheren Anteile der Kategorie „Andere“ können in diesem Zusammenhang darauf hindeuten, dass weniger virales Material oder weniger eindeutig zuordenbare genomische Information für die Analyse zur Verfügung stand.

Insgesamt zeigt die Abbildung 48, dass das Abwassermonitoring geeignet ist, wesentliche Trends der SARS-CoV-2-Linienentwicklung abzubilden, die auch in den IMSSC2-/ARE-Proben beobachtet werden. Insbesondere die Dominanz von XFG im Verlauf des Jahres 2025 sowie das spätere Auftreten von BA.3.2 und NB.1.8.1 wurde in beiden Datensätzen nachvollziehbar erfasst. Einzelne Unterschiede auf Wochenebene sollten jedoch mit Vorsicht interpretiert werden, da sowohl die teilweise geringe Zahl verfügbarer IMSSC2-/ARE-Proben als auch die methodischen Herausforderungen bei der Analyse komplexer Abwassermischproben die Ergebnisse beeinflussen können [65, 66].

Die Ergebnisse unterstreichen den Mehrwert der kombinierten Nutzung beider Surveillance-Systeme. Das Abwassermonitoring ermöglicht eine bevölkerungsbezogene und weitgehend von Testverhalten oder Inanspruchnahme medizinischer Versorgung unabhängige Überwachung der Viruszirkulation. Es kann Veränderungen der zirkulierenden SARS-CoV-2-Linien möglicherweise frühzeitig erfassen und liefert auch dann Informationen, wenn nur wenige IMSSC2-/ARE-Proben verfügbar sind. Die Surveillance auf Basis des IMSSC2-Labornetzwerkes und des virologischen ARE-Sentinels liefert hingegen hochauflösende Informationen zu einzelnen Infektionen und erlaubt eine zuverlässige Bestätigung sowie weiterführende Charakterisierung zirkulierender Viruslinien anhand individueller Genome. Erst die Kombination beider Ansätze ermöglicht eine umfassende Bewertung der epidemiologischen Situation: Während das Abwassermonitoring Trends auf Bevölkerungsebene abbildet, liefert die Surveillance aus dem IMSSC2-Labornetzwerk

und dem virologischen ARE-Sentinel die notwendige virologische Detailtiefe zur Validierung und Einordnung der beobachteten Entwicklungen. Die vergleichbare Entwicklung der in beiden Systemen beobachteten Trends stärkt zudem das Vertrauen in die Aussagekraft der jeweiligen Surveillance-Daten.

5.3.3 Häufigkeit bestimmter SARS-CoV-2-Varianten in verschiedenen Surveillancesystemen

Autorinnen: Jessica Schulze, Romy Kerber

Im Bezugszeitraum (21. KW 2025 – 20. KW 2026) wurde in allen oben aufgeführten Surveillancesystemen die SARS-CoV-2-Variante XFG am häufigsten nachgewiesen (Abbildung 49). Insgesamt sind die Anteile der Variante XFG in den vier Surveillancesystemen -IMSSC2-Labornetzwerk, virologische ARE-Surveillance, virologische SARI-Surveillance und AMELAG vergleichbar (54 % vs. 52 % vs. 56 % vs. 51 %). NB.1.8.1 wurde im IMSSC2-Labornetzwerk, in der SARI-Surveillance und in AMELAG am zweithäufigsten detektiert (31 % vs. 25 % vs. 21 %). Im Gegensatz dazu wies die Variante BA.3.2 im virologischen ARE-Sentinel und in GrippeWeb-Plus den zweithöchsten Anteil auf (23 % vs. 36 %). Der beobachtete Unterschied zwischen den Systemen ergibt sich wahrscheinlich aus der unterschiedlichen Alterszusammensetzung der Stichproben. Im virologischen ARE-Sentinel und in GrippeWeb-Plus wurden Kinder und Jugendliche (0 bis 14 Jahre) in Bezugszeitraum häufiger beprobt (Probenanteil der 0- bis 14-Jährigen im virologischen SARI-Sentinel: 23 % und IMSSC2: 6 % vs. virologisches ARE-Sentinel: 32 % und GrippeWeb-Plus: 38 %); in dieser Altersgruppe wurde BA.3.2 mit höherer Frequenz nachgewiesen (Vergleich Abbildung 47).

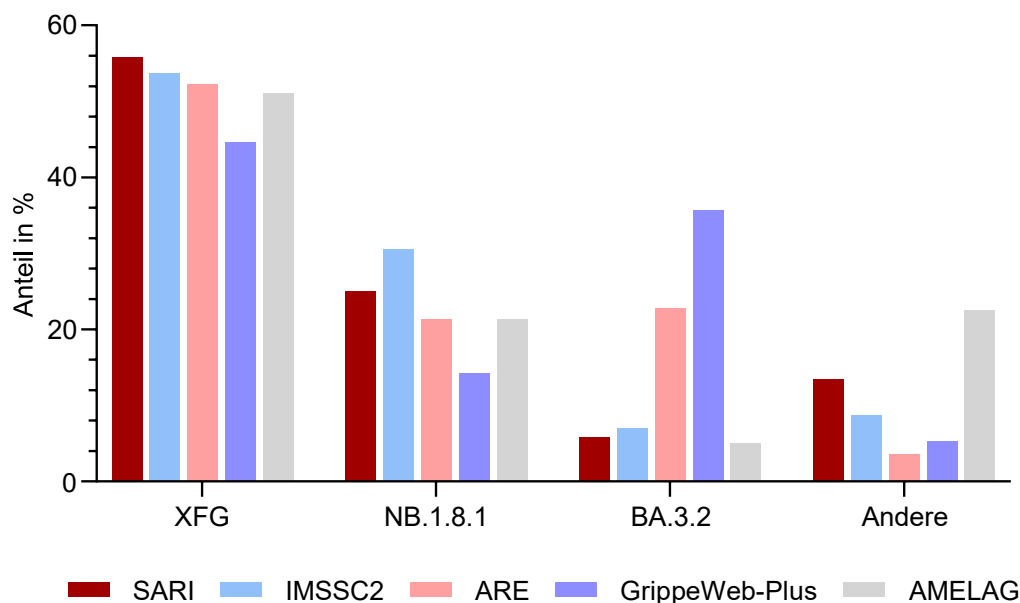


Abbildung 49: Anteil der am häufigsten sequenzierten SARS-CoV-2-Varianten XFG, NB.1.8.1, BA.3.2, inklusive der jeweiligen Sublinien der Variante aus dem virologischen SARI-Sentinel (SARI), dem IMSSC2-Labornetzwerk (IMSSC2), dem virologischen ARE-Sentinel (ARE), und aus GrippeWeb-Plus. Alle Sublinien, die nicht den oben aufgeführten Varianten zuzuordnen sind, werden in der Kategorie „Andere“ zusammengefasst. Aus dem IMSSC2-Labornetzwerk stammen insgesamt 2.161 Genomsequenzen, aus dem virologischen ARE-Sentinel 281, der virologischen SARI-Surveillance 84 und aus GrippeWeb-Plus 56 SARS-CoV-2 Genomsequenzen. Im Rahmen von AMELAG wurden zusätzlich 84 Abwasserproben sequenziert.

5.4 COVID-19-Impfungen

5.4.1 Zusammensetzung des Impfstoffes in der Wintersaison 2025/26

Autorin: Nita Perumal

Entsprechend der Empfehlungen der WHO und der Emergency Task Force der European Medicines Agency zur Stammanpassung für die Zusammensetzung der COVID-19-Impfstoffe für die Wintersaison 2025/26 [67], standen in Deutschland für die Wintersaison 2025/26 die an Omikron-Sublinien **JN.1**, **KP.2** und **LP.8.1** adaptierte **mRNA-Impfstoffe** von Pfizer/Biontech (Comirnaty) sowie der **proteinbasierte Impfstoff** von Novavax (Nuvaxovid) in der Variantenanpassung **JN.1** zur Verfügung. Diese konnten zentral über den Bund beschafft werden.

5.4.2 Impfempfehlung in der Wintersaison 2025/26

Für die Wintersaison 2025/26 hat die STIKO eine jährliche Auffrischimpfung im Herbst für Personen mit einem erhöhten Risiko für einen schweren COVID-19-Verlauf sowie für Personen mit einem erhöhten arbeitsbedingten SARS-CoV-2-Infektionsrisiko empfohlen [26]. Dazu gehörten:

- **alle Personen ab 60 Jahren**
- **Personen ab 6 Monaten mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung** für einen schweren COVID-19-Verlauf infolge einer Grunderkrankung. Zu den Grunderkrankungen gehörten beispielsweise chronische Erkrankungen der Atmungsorgane, chronische Herz-Kreislauf-Erkrankungen, Leber- und Nierenerkrankungen, Diabetes mellitus und andere Stoffwechselerkrankungen, Adipositas, Erkrankungen des zentralen Nervensystem (z. B. Demenz oder psychiatrische Erkrankungen), Trisomie 21, angeborene oder erworbene Immundefizienz (z.B. Human Immunodeficiency Virus-Infektion, chronisch-entzündliche Erkrankungen unter relevanter immunsupprimierender Therapie) und aktive neoplastische Krankheiten
- **Bewohnende von Einrichtungen der Pflege** sowie Personen mit einem erhöhten Risiko für einen schweren Krankheitsverlauf in Einrichtungen der Eingliederungshilfe
- **Personal in Gesundheitseinrichtungen** mit direktem PatientInnen- oder BewohnerInnenkontakt

Personen aus den genannten Risikogruppen konnten auf die Auffrischimpfung verzichten, wenn sie immungesund waren und sich im Laufe des Jahres mit SARS-CoV-2 infiziert hatten. Zudem hat die STIKO für gesunde Kinder und Jugendliche unter 18 Jahren keine COVID-19-Impfung empfohlen, da das Risiko für schwere Verläufe gering war und der Nutzen im Verhältnis zu möglichen Nebenwirkungen als gering eingestuft wurden.

5.4.3 Impfquoten

Autorin: Annika Steffen

Die Impfquote der saisonalen COVID-19-Auffrischimpfung bei Personen ab 60 Jahren lag in der Wintersaison 2024/25 bei 13 %. Bei Personen ab 18 Jahren mit Grunderkrankung betrug sie 8 %. Gegenüber der Vorsaison sind die Impfquoten in beiden Zielgruppen deutlich zurückgegangen. Insgesamt ließen sich deutlich weniger Personen gegen COVID-19 als gegen Influenza impfen. Impfquoten nach Altersgruppe sowie auf Bundesland- und Kreisebene können über das RKI-Impfdashboard „VacMap“ abgerufen und grafisch dargestellt werden (<https://www.rki.de/vacmap>).

5.5 Internationale Situation im Sommer 2025 und in der Wintersaison 2025/26

Autorinnen: Kristin Tolksdorf, Romy Kerber

Die Ausführungen in diesem Kapitel basieren auf den aktuellen Berichten des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC), der Weltgesundheitsorganisation (WHO) sowie des US-amerikanischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (CDC).

Im Sommer 2025 sowie in der Wintersaison 2025/26 zeigte sich bei der überwiegenden Mehrheit der EU-/EWR-Ländern eine ähnliche Dynamik wie in Deutschland [21]. Zu Beginn des Sommerzeitraums in der 21. KW 2025 wurde europaweit ein Anstieg von SARS-CoV-2-Nachweisen im ambulanten und im stationären Bereich beobachtet. In den meisten Ländern kam es zwischen der 34. und der 48. KW 2025 zu einem Höhepunkt der Detektionen von SARS-CoV-2 sowie der SARS-CoV-2-Positivenrate (PR). Europaweit erreichte die PR im ambulanten Bereich in der 38. KW 2025 mit 25 % den Höhepunkt im Beobachtungszeitraum 2025/26. Bis zum Jahresende ging die SARS-CoV-2-Aktivität dann europaweit deutlich zurück und blieb bis zur 20. KW 2026 niedrig. Insbesondere im stationären Bereich lag die SARS-CoV-2-Aktivität im Sommer und Herbst 2025 unter den Werten der Vorjahre 2023 und 2024.

Die höchste PR im ambulanten Bereich wurde in den Altersgruppen der Erwachsenen ab 65 Jahren mit Werten bis zu 47 % (33. KW 2025) erreicht. Im stationären Bereich wurden vor allem Säuglinge im Alter bis zu 2 Monaten sowie ältere Erwachsenen ab 70 Jahren am häufigsten mit einem SARS-CoV-2-Nachweishospitalisiert. Intensivmedizinische Behandlungen von Patienten mit SARS-CoV-2-Nachweis traten vor allem in den Altersgruppen zwischen 60 und 84 Jahren auf. Die meisten Todesfälle unter den hospitalisierten SARI-Fällen mit SARS-CoV-2-Nachweis entfielen auf die älteste Altersgruppe der 85-Jährigen und Älteren. Insgesamt entsprechen die europaweiten Beobachtungen im stationären Bereich den Ergebnissen der deutschen SARI-Surveillance.

Auch die vorherrschenden SARS-CoV-2-Varianten in den EU-/EWR-Ländern entsprachen denen in der deutschen Surveillance detektierten: zu Beginn des Beobachtungszeitraums in der 21. KW 2025 dominierte die Variante BA.2.86, die auch die Variante JN.1 [68] einschließt, mit abnehmenden Anteilen. Zeitgleich nahm der Anteil der Variante XFG zu, die bereits ab der 28. KW 2025 in der Mehrheit der Proben mit SARS-CoV-2-Nachweis zu finden war. Die Variante XFG wurde bis zur 46. KW in drei von vier SARS-CoV-2-positiven Nachweisen detektiert. Nach vereinzelt Detektionen im Sommer 2025 gewann in Europa die Variante BA.3.2 ab der 47. KW 2025 an Bedeutung und wurde bis zum Jahreswechsel 2025/26 zunehmend detektiert.

Zu Beginn des Jahres 2026 setzte sich der abnehmende Trend für die Variante XFG fort, während der Anteil der Varianten BA.3.2 und NB.1.8.1 jeweils zunahm. Ab der 10. KW 2026 war BA.3.2 in den EU-/EWR-Ländern die vorherrschende Variante. Auch weltweit wurde im Sommer 2025 ein Anstieg der SARS-CoV-2-Aktivität bis zur 38. KW 2025 beobachtet. Während im Sommer und Herbst 2024 weltweit noch SARS-CoV-2-PR von bis zu 12 % erfasst wurden, blieb die PR im Sommer und Herbst 2025 in allen WHO-Regionen stets unter 10 % [69, 70]. Die Anzahl der Todesfälle ist seit Mai 2023 weltweit sukzessive zurückgegangen und lag in 2025 und 2026 ebenfalls unter den Zahlen des Vorjahres [70].

Die WHO hat im Februar 2026 das globale Gesundheitsrisiko als moderat eingestuft. Dabei wurde auf eine hohe Immunität in der Bevölkerung und auf eine in den letzten Jahren unveränderte Krankheitsschwere hingewiesen [59]. Dennoch zirkuliert SARS-CoV-2 weiterhin in der Bevölkerung und unterliegt einer fortlaufenden genetischen Evolution in menschlichen und tierischen Populationen, während gleichzeitig die Zahl genomischer Analysen rückläufig ist und die Impfabdeckung in Risikogruppen weiterhin unzureichend bleibt. Es besteht weiterhin die Gefahr, dass nach symptomatischer Infektion gesundheitliche Folgen auftreten, darunter zum Beispiel Post-COVID-19, die mit schwer abzuschätzenden, längerfristigen Einschränkungen der Lebensqualität verbunden sein können.

Angesichts des potenziellen Auftretens neuer SARS-CoV-2-Virusvarianten mit veränderten Eigenschaften, wie beispielsweise einer höher Übertragbarkeit oder Krankheitsschwere, bleibt die kontinuierliche Surveillance von SARS-CoV-2 gemeinsam mit anderen Atemwegserregern und im Rahmen von Sentinel-Systemen auch nach dem Ende der Pandemie ein essenzieller Bestandteil der öffentlichen Gesundheitsvorsorge [71].

6 RSV-Erkrankungen

6.1 Zusammenfassung: RSV-Erkrankungen in der Wintersaison 2025/26

In der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) begann die RSV-Welle entsprechend der RKI-Definition [72] in der 2. KW 2026 und endete in der 15. KW 2026 in Deutschland. Damit dauerte sie insgesamt 14 Wochen. Die verschiedenen Surveillance-Systeme des RKI zeigten ab Ende 2025 einen deutlichen Anstieg der RSV-Aktivität, die im Februar bzw. Anfang März 2026 ihren saisonalen Höhepunkt erreichte. Anschließend ging die RSV-Aktivität wieder deutlich zurück. In der Wintersaison 2025/26 war die **RSV-Aktivität in den meisten Surveillance-Systemen etwas höher** als in der Vorsaison. Dabei zirkulierte RSV in allen Altersgruppen, allerdings war die Krankheitslast bei Säuglingen und Kleinkindern (0 bis 4 Jahre) deutlich höher als in den anderen Altersgruppen. Seit der STIKO-Empfehlung für den monoklonalen Antikörper Nirsevimab ist **die RSV-Krankheitslast bei Säuglingen in den Wintersaisons 2024/25 und 2025/26 deutlich zurückgegangen** [73, 74]. Insgesamt war das saisonale RSV-Geschehen in Deutschland mit dem Verlauf in anderen europäischen Ländern vergleichbar.

Auf der Bevölkerungsebene kam es Ende 2025 zu einem Anstieg der auf Basis der Abwassersurveillance bestimmten RSV-Viruslast sowie der auf Basis der GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten geschätzten RSV-ARE-Inzidenz (siehe *Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance und Partizipative Surveillance)*). In der Wintersaison 2025/26 wurde der Höchstwert der RSV-Viruslast in der 7. KW 2026 und der Höchstwert der RSV-ARE-Inzidenz in der 10. KW 2026 mit etwa 900.000 RSV-ARE-Erkrankungen in Deutschland erreicht (Tabelle 19). Während des Zeitraums der RSV-Welle wurden rund 7,9 Millionen RSV-ARE-Erkrankungen in Deutschland geschätzt. RSV wurde im Rahmen von GrippeWeb-Plus in der Wintersaison 2025/26 am häufigsten bei Kleinkindern nachgewiesen [75].

Im ambulanten Bereich stieg auf Basis der SEED^{ARE}-Surveillance-Daten die Konsultationsinzidenz für RSV-Erkrankungen ab Ende 2025 an (siehe *Ambulanter Bereich*). Die Konsultationsinzidenz erreichte ihren Höhepunkt im Zeitraum von der 6. bis 9. KW 2026 mit wöchentlich etwa 8.400 Arztbesuchen mit RSV-Diagnose in Deutschland (Tabelle 19). Die Krankheitslast war in der Wintersaison 2025/26 mit ca. 85.000 Arztbesuchen mit RSV-Diagnose bezogen auf die Gesamtbevölkerung ähnlich hoch wie in der Vorsaison 2024/25. In der Altersgruppe der Säuglinge (0 bis 1 Jahr) gab es jedoch in der Wintersaison 2025/26 weniger Arztkonsultationen mit RSV-Diagnose als in der Vorsaison 2024/25 und sogar nur etwa halb so viele wie in der Wintersaison 2023/24 (vor der STIKO-Empfehlung für den monoklonalen Antikörper Nirsevimab bei Säuglingen im Juni 2024). Auf Basis der virologischen Surveillance im ambulanten Bereich wurde eine zunehmende RSV-Zirkulation ab Ende 2025 beobachtet, in der 10. KW 2026 erreichte die RSV-Positivenrate (RSV-PR) mit 21 % ihren höchsten Wert (Tabelle 19, siehe auch ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance). Insgesamt wurde in der Wintersaison 2025/26 in 7 % der Proben RSV detektiert. **RSV wurde im ambulanten Bereich vor allem bei Säuglingen und Kleinkindern nachgewiesen.**

Im stationären Bereich erhielten während der Wintersaison 2025/26 auf Basis der Daten aus dem SARI-Krankenhaus-Sentinel insgesamt 8 % der SARI-Fälle eine RSV-Diagnose (Tabelle 19, siehe auch *Stationärer Bereich*). In der 9. KW 2026 wurde eine Maximalzahl von etwa 3.400 SARI-

Fällen mit RSV-Diagnose in Deutschland hospitalisiert. In der Wintersaison 2025/26 traten insgesamt schätzungsweise rund 34.000 SARI-Fälle mit RSV-Diagnose in Deutschland auf, der Großteil davon (31.000) während der 14-wöchigen RSV-Welle. Damit lag die Anzahl über der der Vorsaison. Am häufigsten betroffen waren Säuglinge und Kleinkinder, unter ihnen erhielt etwa jeder dritte SARI-Fall eine RSV-Diagnose. Im Vergleich zur Wintersaison 2023/24 gab es in 2024/25 und 2025/26 nur noch halb so viele SARI-Fälle mit RSV-Erkrankung in der jüngsten Altersgruppe (0 bis 4 Jahre). In den übrigen Altersgruppen wurden deutlich seltener RSV-Erkrankungen bei SARI-Fällen diagnostiziert. Die am häufigsten von Hospitalisierungen mit RSV-Diagnose betroffenen Säuglinge und Kleinkinder wurden am seltensten intensivmedizinisch behandelt. Dagegen erhielt etwa jeder fünfte SARI-Fall mit einer RSV-Diagnose zwischen 60 und 79 Jahren eine intensivmedizinische Behandlung. Auf Basis der virologischen Surveillance im stationären Bereich wurde eine Zunahme der RSV-PR ab Ende 2025 beobachtet, in der 7. KW 2026 erreichte die RSV-PR mit 23 % ihren höchsten Wert (Tabelle 19, siehe auch SARI-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance). Insgesamt ist in der Wintersaison 2025/26 in 7 % der Proben RSV detektiert worden. **RSV wurden im stationären Bereich vor allem bei Säuglingen und Kleinkindern detektiert, betraf jedoch auch die Altersgruppen ab 35 Jahren.**

Seit Juli 2023 ist eine RSV-Infektion gemäß IfSG bundesweit meldepflichtig. In der Wintersaison 2025/26 wurden in Deutschland insgesamt 67.716 labordiagnostisch bestätigte RSV-Fälle an das RKI übermittelt, was einer bundesweiten kumulativen Inzidenz von etwa 81 RSV-Infektionen pro 100.000 Einwohner entspricht (Tabelle 19, siehe auch RSV-Meldungen gemäß IfSG). Sowohl die Anzahl der übermittelten RSV-Fälle als auch die der hospitalisierten RSV-Fälle erreichten ihren Höhepunkt in der 9. Meldewoche (MW) 2026. Der Großteil der übermittelten RSV-Fälle entfiel auf Säuglinge und Kleinkinder (38 %) sowie auf ältere Erwachsene ab 60 Jahren (34 %). Insgesamt wurden in der Wintersaison 2025/26 421 Todesfälle mit RSV-Infektion an das RKI übermittelt. Die meisten Todesfälle traten bei älteren Erwachsenen ab 60 Jahren auf (95 %). Zudem wurden insgesamt 242 RSV-Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen pro Ausbruch an das RKI übermittelt. Der Großteil der Ausbrüche (65 %) trat in Kindergärten bzw. Horten auf.

Untersuchungen des Konsiliarlabors für RSV, PIV und HMPV zeigen, dass RSV-Infektionen in der Wintersaison 2025/26 zu ähnlichen Anteilen durch die RSV-Gruppen A und B hervorgerufen wurden (siehe Weiterführende virologische und genomische Analysen). Die RSV-Gruppe-A-Viren gehörten primär der Linie A.D.3 an, die RSV-Gruppe-B-Viren der Linie B.D.E.1. Diese zirkulierten auch weltweit.

Die STIKO empfahl ab Sommer 2024 die Immunisierung aller Säuglinge mit dem monoklonalen Antikörper Nirsevimab für ihre erste RSV-Saison (siehe RSV-Immunisierung). Zusätzlich galt die Empfehlung für eine einmalige Impfung mit einem der proteinbasierten RSV-Impfstoffe (Arexvy und Abrysvo) oder dem mRNA-RSV-Impfstoff (mResvia) für ältere Erwachsene. **In mehreren Surveillance-Systemen des RKI wurde ein Rückgang der Krankheitslast durch RSV-Erkrankungen bei Säuglingen ab der Wintersaison 2024/25 beobachtet [74].** Dieser Rückgang lässt sich wahrscheinlich auf die Einführung von Nirsevimab zur passiven Immunisierung von Säuglingen zurückführen.

In der Wintersaison 2025/26 begann die RSV-Welle in den EU-/EWR-Ländern und den USA später als in den Vorsaisons (siehe Internationale Situation in der Wintersaison 2025/26). In den EU-/EWR-Ländern stieg die RSV-Aktivität ab Mitte November 2025 an und erreichte Mitte Februar 2026 einen Höchststand, der über dem der beiden Vorsaisons lag. Die höchste RSV-Aktivität wurde bei Säuglingen und Kleinkindern (< 5 Jahre), gefolgt von den Erwachsenen ab 65 Jahren, beobachtet.

Tabelle 19: Eckdaten der RSV-Saison 2025/26: Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, der virologischen ARE-/SARI-Surveillance, der Abwassersurveillance sowie der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), dargestellt für den Zeitraum der RSV-Welle (2. KW 2026 bis 15. KW 2026) und für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026). Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, KW = Kalenderwoche, MW = Meldewoche, NA = nicht anwendbar, RSV = Respiratorische Synzytialviren, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen.

Surveillance-bereich	Indikator	RSV-Welle 2025/26	Wintersaison 2025/26 40. KW 2025 – 20. KW 2026	
		Gesamtwert	Höchstwert (in KW)	Gesamtwert
Bevölkerung GrippeWeb (-Plus) (virologisch, syndromisch)	RSV ²	9,2 %	17 % (8. KW 2026)	4,6 %
	RSV-ARE ¹	ca. 7,9 Mio.	900.000 (10. KW 2026)	ca. 9,2 Mio.
Abwasser	RSV-Last (Genkopien / Liter)	NA	ca. 22.000 (7. KW 2026)	NA
Ambulanter Bereich ARE-Praxis-Sentinel (virologisch, syndromisch)	RSV bei 0- bis 4-Jährigen ²	25 %	38 % (10. und 13. KW 2026)	14 %
	RSV ²	12 %	21 % (10. KW 2026)	7,0 %
	ARE-Konsultationen mit RSV-Diagnose ¹	ca. 70.000	ca. 8.400 (jeweils 6.-9. KW 2026)	ca. 85.000
Stationärer Bereich SARI-Krankenhaus- Sentinel (virologisch, syndromisch)	RSV ²	12 %	23 % (7. KW 2026)	7,0 %
	SARI-Fälle mit RSV-Diagnose ¹	ca. 31.000	ca. 3.400 (9. KW 2026)	ca. 34.000
	Anteil RSV-Diagnosen bei SARI-Fällen	10 %	22 % (10. KW 2026)	8,0 %
Meldungen gemäß IfSG (laborbestätigte Fälle, Fallkategorien C-E)	Anzahl RSV-Fälle	58.238	6.835 (9. MW 2026)	67.716
	Anzahl RSV-Fälle mit Hospitalisierung	16.884	1.873 (9. MW 2026)	20.234

¹ syndromisch: geschätzte Anzahl; ² virologisch: Anteil Proben mit Nachweis

6.2 Epidemiologische Analysen

6.2.1 Bevölkerungsebene (Abwassersurveillance und Partizipative Surveillance)

Autorinnen und Autoren: Ann-Sophie Lehfeld, Janine Michel, Kerstin Prahm, Susan Abunijela, Moritz Bach, Peter Pütz, Udo Buchholz

Die auf Basis der Abwassersurveillance bestimmte RSV-Last sowie die auf Basis der GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten geschätzte RSV-ARE-Inzidenz stiegen etwa ab der 50. KW 2025 an. Der Höchstwert der RSV-ARE-Inzidenz wurde während der RSV-Welle in der 10. KW 2026 erreicht mit etwa 1.000 RSV-ARE-Erkrankungen pro 100.000 Einw. pro Woche (Tabelle 19; Abbildung 50, oben). Während des Zeitraums der RSV-Welle (2. bis 15. KW 2026, Dauer 14 Wochen) wurden anhand der GrippeWeb/GrippeWeb-Plus-Daten rund 7,9 Millionen RSV-ARE-Erkrankungen geschätzt. Wenn man davon ausgeht, dass RSV-Erkrankte sich nicht mehr als einmal pro Saison infizierten, entspricht das einem Anteil von etwa 9,5 % der Bevölkerung.

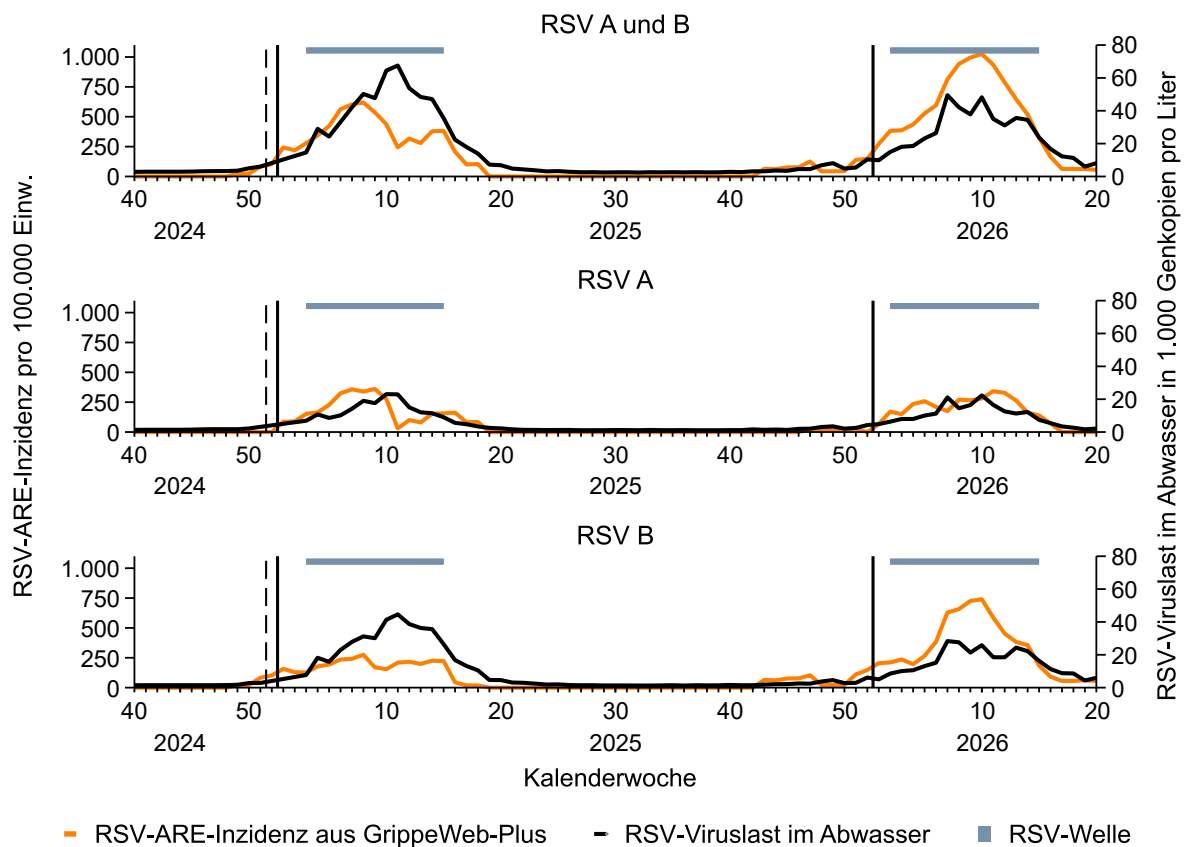


Abbildung 50: Vergleich der auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten geschätzten RSV-ARE-Inzidenz (GrippeWeb-Plus-Teilnehmende mit laborbestätigtem RSV-Nachweis und ARE-Symptomatik; über fünf Wochen gemittelter Wert; linke y-Achse) sowie der aggregierten RSV-Viruslast im Abwasser (rechte y-Achse) für RSV A und B (oben), RSV A (Mitte) und RSV B (unten). Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet.

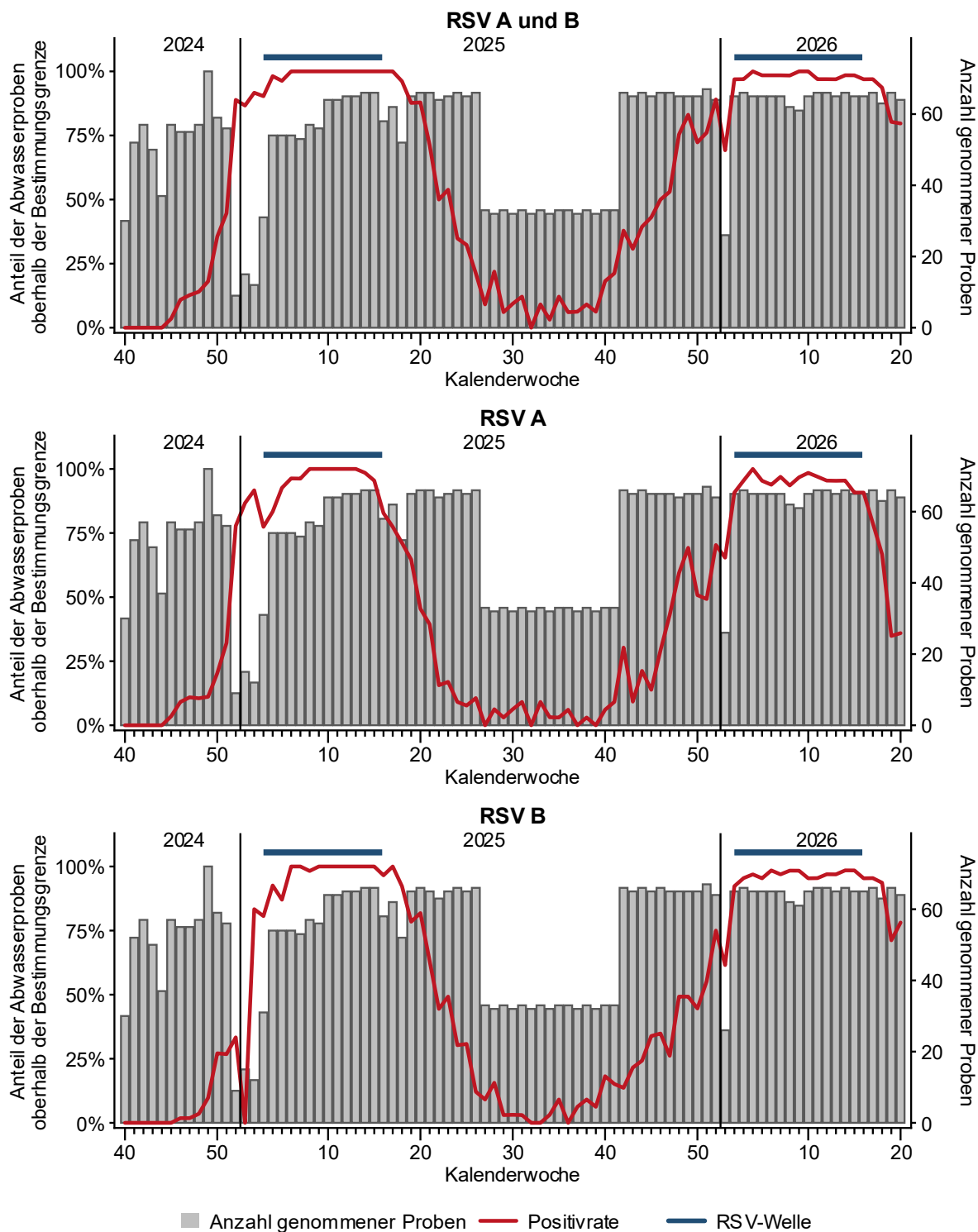


Abbildung 51: Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenzen für RSV-Genomfragmente. Die rote Kurve zeigt den Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenze. Die grauen Balken zeigen die Anzahl der untersuchten Proben. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet.

Die Kurven der beiden Indikatoren bildeten sich bis zur 17. KW 2026 (RSV-ARE-Inzidenz) bzw. 19. KW 2026 (Viruslast) zurück. Im Vergleich mit der Kurve der RSV-Viruslast aus dem Abwasser fällt auf, dass die Welle in der Wintersaison 2025/26 auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten höher ausfällt als in der Vorsaison, während es bei der Viruslast aus den Abwasserdaten umgekehrt ist (Abbildung 50, unten). Hier fiel die Welle in der Wintersaison 2024/25 höher aus als in der Wintersaison 2025/26. Da die relative Stärke der RSV-A-Wellen bei GrippeWeb-Plus und im Abwasser ähnlich bewertet wird, ist der Unterschied bei den RSV-A und B-Gesamtdaten auf die Unterschiede in der Ausprägung bei RSV-B zurückzuführen. Ein Grund dafür ist nicht bekannt.

In der Auswertung des Anteils der Abwasserproben mit Nachweis von RSV-Genom oberhalb der Bestimmungsgrenze zeigt sich besonders für die Wintersaison 2025/26, dass schon ab etwa der 40. KW 2025 ein Anstieg zu beobachten war und damit mehr als 10 Wochen vor der RSV-Welle einsetzte (Abbildung 51). Während der RSV-Welle wiesen über mehrere Wochen hinweg alle Kläranlagen RSV-Genom nach.

Während der RSV-Welle 2025/26 erkrankten schätzungsweise 9,5 % der Bevölkerung in Deutschland an RSV.

RSV wurde im Rahmen von GrippeWeb-Plus in der Wintersaison 2025/26 mit 10 % am häufigsten bei Kleinkindern im Alter von 0 bis 4 Jahren nachgewiesen (Abbildung 52). Bei Erwachsenen lag die Positivenrate bei etwa 5 – 7 % und bei Kindern im Schulalter (5 bis 14 Jahre) bei 3 %.

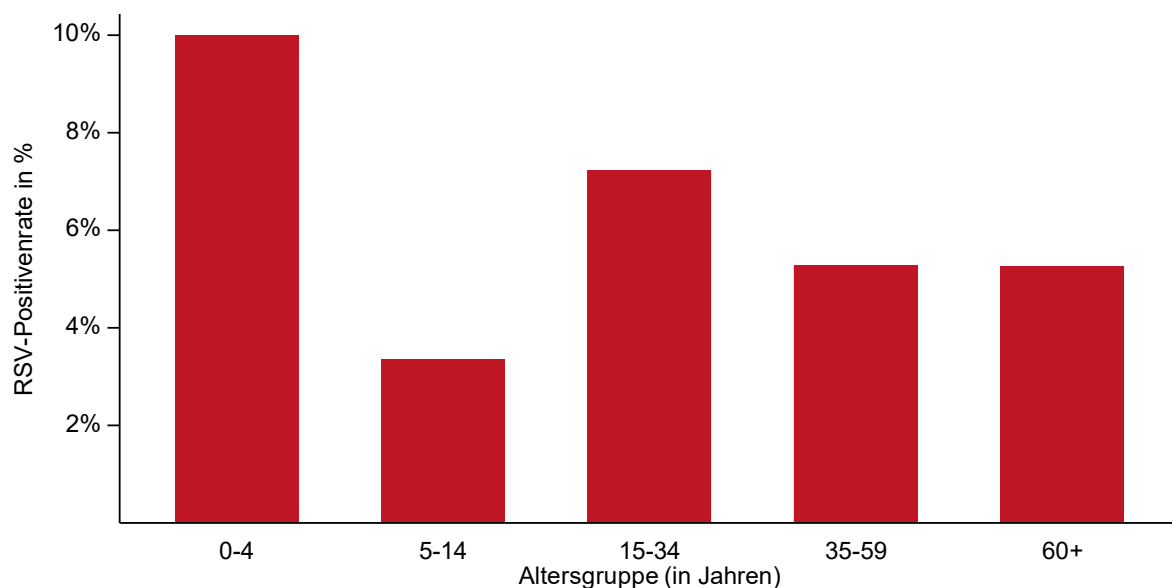


Abbildung 52: Positivenrate (in Prozent) von RSV aus GrippeWeb-Plus nach Altersgruppe in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026).

6.2.2 Ambulanter Bereich

6.2.2.1 Arztkonsultationen mit RSV-Diagnose aus dem ARE-Praxis-Sentinel

Autorinnen und Autoren: Simon Krupka, Juliane Wunderlich, Kerstin Prahm, Ute Preuß, Kristin Tolksdorf

Um die Krankheitslast von RSV-Erkrankungen im ambulanten Bereich abzubilden, werden im SEED^{ARE}-System Arztkonsultationen berücksichtigt, bei denen die Sentinel-Ärztinnen und -Ärzte die ICD-10-Diagnosecodes J12.1, J20.5 oder J21.0 vergeben haben. Die tatsächliche Anzahl an RSV-Erkrankungen wird durch die alleinige Erfassung RSV-spezifischer ICD-10-Codes jedoch unterschätzt [76]. In Abbildung 53 wird die Konsultationsinzidenz für RSV-Erkrankungen mit der Positivenrate für RSV aus der virologischen ARE-Surveillance in der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen betrachtet. Diese Positivenrate dient zur Bestimmung des Beginns und des Endes der RSV-Welle einer Saison.

In der Wintersaison 2025/26 stieg die Konsultationsinzidenz für RSV-Erkrankungen in der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen erst zum Ende des Jahres 2025 an (Abbildung 53). Während der RSV-Welle (2. KW 2026 bis 15. KW 2026) erreichte die Konsultationsinzidenz ihren Höhepunkt in der 6. KW 2026 mit 123 Arztbesuchen pro 100.000 Einwohnende. Das entspricht einer Gesamtzahl von etwa 4.500 Arztbesuchen mit RSV-Diagnose bei Kindern von 0 bis 4 Jahren in Deutschland in dieser Woche (Tabelle 19). Anschließend ging die Konsultationsinzidenz deutlich zurück. Mit der 15. KW 2026 endete die RSV-Welle gemäß Definition des RKI. Im Vergleich zur Wintersaison 2023/24 kam es in den beiden Folgesaisons 2024/25 und 2025/26 zu einem späteren und weniger starken Anstieg der Konsultationen mit RSV-Diagnosen bei den 0- bis 4-Jährigen, auch die RSV-Positivenrate stieg jeweils erst kurz vor dem Jahreswechsel an.

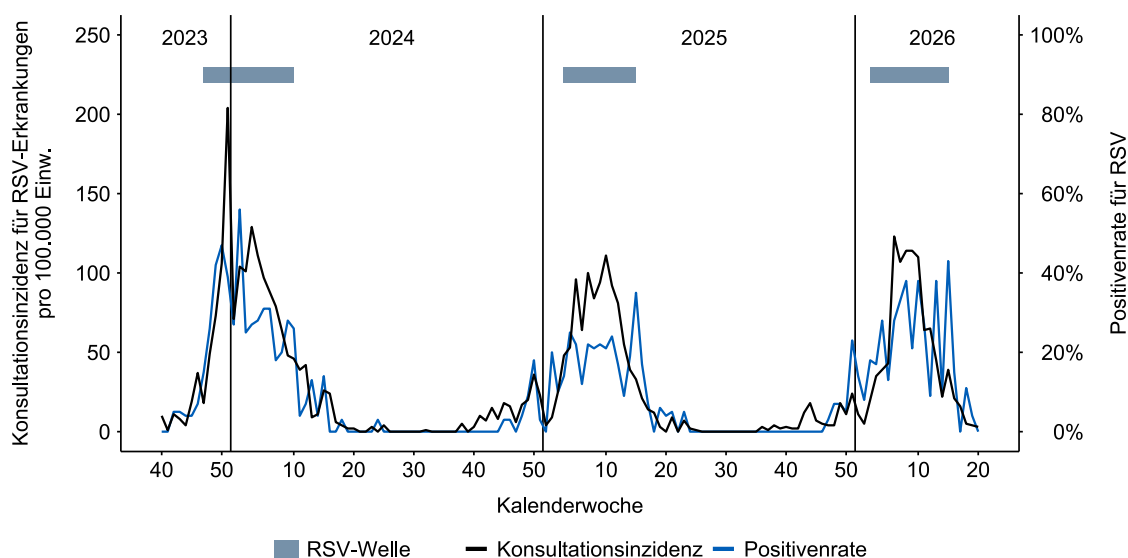


Abbildung 53: Konsultationsinzidenz für RSV-Erkrankungen (ICD-10-Diagnosecodes J12.1, J20.5 und J21.0) pro 100.000 Einw. und Positivenrate (in Prozent) der eingesandten Proben für RSV in der Altersgruppe 0 bis 4 Jahre von der 40. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Die Berechnung der Konsultationsinzidenz beruht auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit denen ARE anhand von ICD-10-Diagnosecodes erhoben werden. Die Positivenrate für RSV beruht auf Daten von 148 Sentinelpraxen der virologischen ARE-Surveillance.

Die Krankheitslast von RSV-Erkrankungen (gesamt) im ambulanten Bereich war in der Wintersaison 2025/26 mit ca. 85.000 Arztbesuchen mit RSV-Diagnose bezogen auf die Gesamtbevölkerung ähnlich hoch wie in der Wintersaison 2023/24 (ca. 84.000, Abbildung 54). Allerdings gab es in der Altersgruppe der Säuglinge (0 bis 1 Jahr) in der Wintersaison 2025/26 nur etwa halb so viele Arztkonsultationen mit RSV-Diagnose wie in der Wintersaison 2023/24 (ca. 24.000 vs. 49.000) und ca. 14 % weniger als in der Wintersaison 2024/25 (etwa 28.000).

Der Rückgang der Krankheitslast von RSV-Erkrankungen bei Säuglingen lässt sich durch die Einführung von Nirsevimab zur passiven Immunisierung von Säuglingen in der RSV-Saison 2024/25 erklären, die die Häufigkeit medizinisch behandelter RSV-Erkrankungen in dieser Altersgruppe deutlich reduziert hat [77]. Während die Anzahl an Arztbesuchen mit RSV-Diagnose bei 0- bis 1-Jährigen ab der Wintersaison 2024/25 stark zurückging, nahm diese bei den 15- bis 79-Jährigen in 2024/25 und 2025/26 jeweils deutlich zu (2023/24: ca. 11.000; 2024/25: ca. 18.000; 2025/26: ca. 33.000; Abbildung 54). Möglicherweise wurden RSV-Erkrankungen in den letzten beiden Saisons durch eine größere Anzahl an durchgeführten Tests insbesondere bei Erwachsenen häufiger entdeckt. Dies könnte im Zusammenhang mit einem veränderten Bewusstsein der Ärzteschaft durch die Einführung der bundesweiten Meldepflicht laborbestätigter RSV-Infektionen im Juli 2023 und der STIKO-Empfehlungen der RSV-Impfung für ältere Erwachsene seit August 2024 stehen [73]. Außerdem sind seit Ende des Jahres 2023 in Deutschland nach dem Änderungsgesetz vom 17. Juli 2023 (Bundesgesetzblatt 2023 I Nr. 190) kombinierte Antigen-Schnelltests für COVID-19-, RSV- und Influenzaerkrankungen, die in Arztpraxen und Privathaushalten verwendet werden, erhältlich.

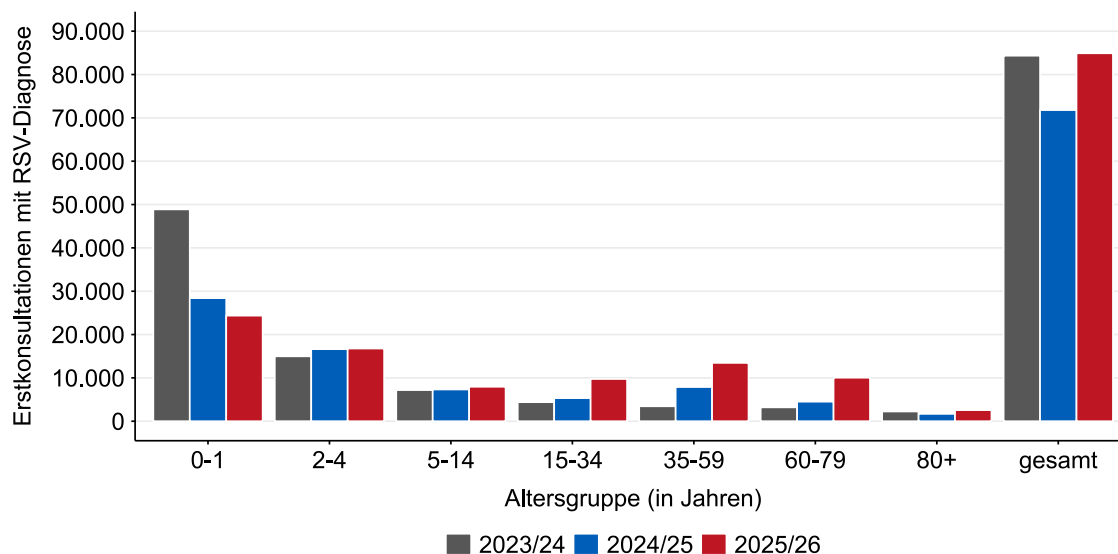


Abbildung 54: Geschätzte Anzahl der Erstkonsultationen mit RSV-Diagnose (ICD-10-Diagnosecodes J12.1, J20.5 oder J21.0) in Deutschland, differenziert nach Altersgruppen und gesamt für den Zeitraum der jeweiligen Wintersaison (40. KW bis 20. KW des Folgejahres).

6.2.3 Stationärer Bereich

6.2.3.1 RSV-Diagnosen unter den Hospitalisierungen mit SARI

Autorinnen und Autoren: Tamar Gvaladze, Doreen Staat, Ekkehard Schuler, Kristin Tolksdorf

In der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026) erhielten insgesamt ca. 34.000 SARI-Patientinnen und -Patienten eine RSV-Diagnose, etwa 31.000 davon während der RSV-Welle (2. KW 2026 bis 15. KW 2026) (Tabelle 19). Somit wurden in der Wintersaison 2025/26 bei 8,0 % aller hospitalisierten SARI-Fälle im SARI-Krankenhaus-Sentinel eine RSV-Diagnose vergeben (Tabelle 20).

Am häufigsten waren Säuglinge und Kleinkinder (0 bis 4 Jahre) von einer RSV-Erkrankung betroffen, unter ihnen erhielt etwa jeder dritte SARI-Fall eine RSV-Diagnose in der Wintersaison 2025/26 (Tabelle 20, Abbildung 55, Abbildung 56). Somit war RSV in der Altersgruppe der Säuglinge und Kleinkinder in der Wintersaison 2025/26 die am häufigsten gestellte Diagnose unter den betrachteten krankheitsspezifischen Diagnosen (Influenza: 28 %, COVID-19: 2,7 %, RSV: 31 %; vgl. Tabelle 7, Tabelle 17 und Tabelle 20). In den anderen Altersgruppen lag der Anteil an SARI-Patientinnen und -Patienten, bei denen eine RSV-Erkrankung diagnostiziert wurde bei maximal 5,0 % (Tabelle 20).

Tabelle 20: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle und der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0), Anteil an SARI-Fällen mit RSV-Diagnose unter allen SARI-Fällen, Anteil Fälle mit Behandlung auf einer Intensivstation (ITS) unter SARI-Fällen mit RSV-Diagnose; jeweils nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026); Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.

Altersgruppe (in Jahren)	SARI-Fälle gesamt	SARI-Fälle mit RSV-Diagnose		
	Anzahl	Anteil an SARI gesamt	Anzahl	Anteil ITS
0 - 4	63.000	31 %	19.000	5,6 %
5 - 14	20.000	5,0 %	1.000	11 %
15 - 34	17.000	1,5 %	300	9,1 %
35 - 59	45.000	3,3 %	1.500	9,9 %
60 - 79	133.000	4,0 %	5.400	21 %
80+	151.000	4,6 %	6.900	8,9 %
Gesamt	429.000	8,0 %	34.000	9,1 %

Rund 9 % aller SARI-Fälle mit RSV-Diagnose erhielten eine intensivmedizinische Behandlung (Tabelle 20). Unter den 5- bis 59-jährigen sowie den ab 80-jährigen SARI-Patientinnen und -Patienten mit einer RSV-Erkrankung wurde etwa jeder zehnte, bei den 60- bis 79-Jährigen sogar etwa jeder fünfte Fall auf einer Intensivstation (ITS) behandelt (Tabelle 20).

Säuglinge und Kleinkinder, die am häufigsten mit RSV diagnostizierte Altersgruppe, wurde hingegen am seltensten intensivmedizinisch behandelt.

Zum Höhepunkt der RSV-Welle 2025/26 wurde bei etwa jedem fünften SARI-Fall eine RSV-Diagnose vergeben.

In der Wintersaison 2025/26 kam es bei den 0- bis 4-jährigen SARI-Patientinnen und Patienten kurz vor dem Jahreswechsel und somit bereits vor Beginn der RSV-Welle (2. KW bis 15. KW 2026) zu einem leichten Anstieg und ab der 4. KW 2026 zu einem deutlichen Anstieg der RSV-Diagnosen (Abbildung 55). In der 9. KW 2026 erreichte die Zahl der SARI-Fälle mit RSV-Diagnose bei Säuglingen und Kleinkindern ihren Höhepunkt und ging danach deutlich zurück. Die Fallzahlen in den Altersgruppen ab 60 Jahren stiegen erst ab der 6. KW 2026 an und gingen mit einer deutlich geringeren Krankheitslast im Vergleich zur jüngsten Altersgruppe einher. In allen anderen Altersgruppen kam es zu keiner nennenswerten Zunahme an SARI-Fällen mit RSV-Diagnose in der Wintersaison 2025/26.

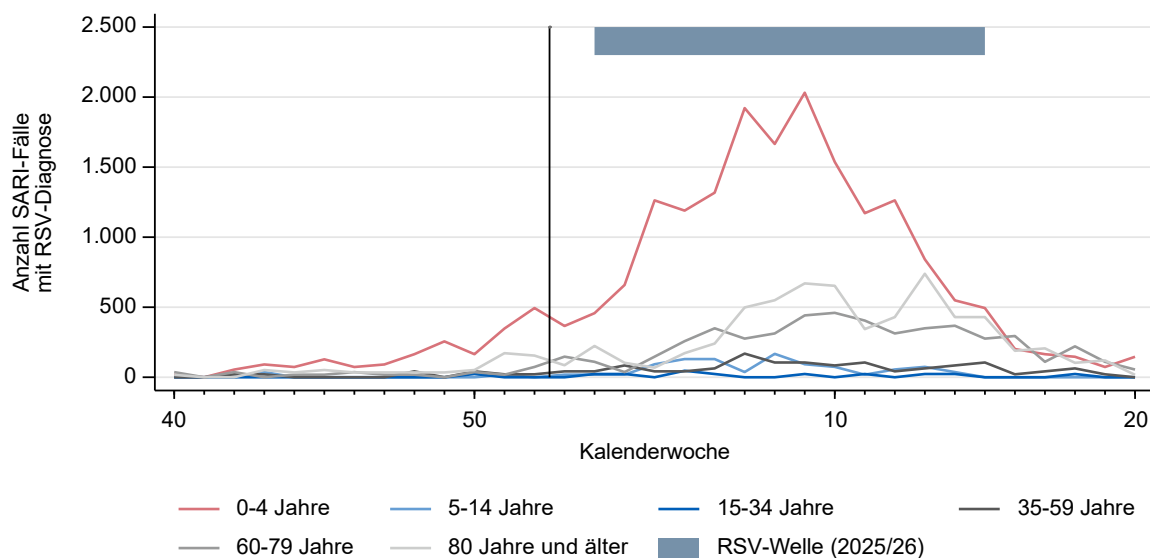


Abbildung 55: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0) in Deutschland nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der RSV-Welle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

Im Gegensatz zur Influenza, die in allen Altersgruppen während der Wintersaison 2025/26 zu Hospitalisierungen führte, wurden RSV-Infektionen hauptsächlich bei SARI-Fällen im Säuglings- und Kleinkindalter (0 bis 4 Jahre) diagnostiziert (vgl. Abbildung 23 im Kapitel *Influenzavirus-Erkrankungen* mit Abbildung 55; Abbildung 56).

Im Vergleich zur Wintersaison 2023/24 wurden in den Wintersaisons 2024/25 und 2025/26 jeweils nur etwa halb so viele SARI-Fälle mit RSV-Diagnose im Alter von 0 bis 4 Jahren hospitalisiert (Abbildung 56). Dies könnte zurückzuführen sein auf die Nutzung der seit Sommer 2024 von der STIKO empfohlenen spezifischen RSV-Prophylaxe zum Schutz vor schweren Erkrankungen durch RSV bei Neugeborenen und Säuglingen in ihrer ersten RSV-Saison [74]. In der Altersgruppe der ab 60-Jährigen wurde dagegen in der Wintersaison 2025/26 eine höhere Zahl an SARI-Fällen mit RSV-Diagnosen beobachtet. In den übrigen Altersgruppen waren die Fallzahlen der SARI-Patientinnen und -Patienten mit einer RSV-Diagnose in der Wintersaison 2025/26 vergleichbar zu denen der beiden Vorsaisons (Abbildung 56).

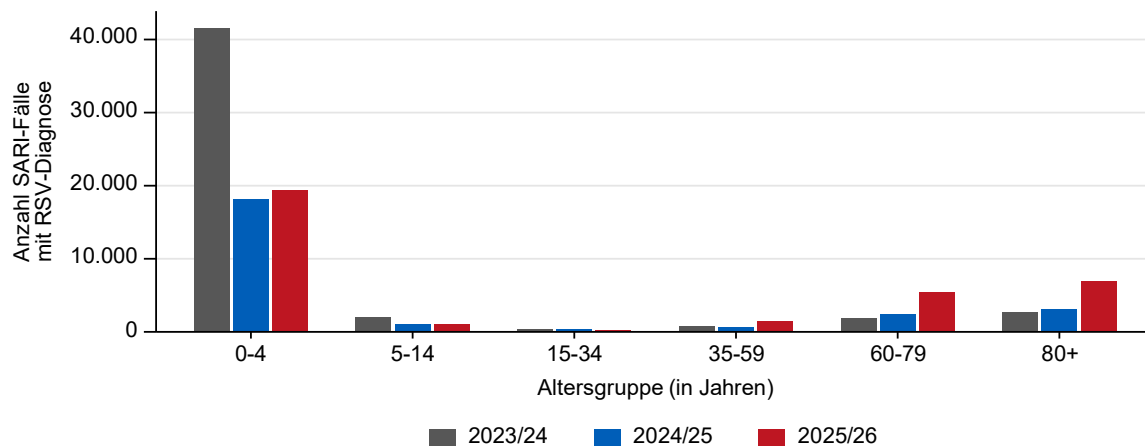


Abbildung 56: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0) in Deutschland nach Altersgruppen für die postpandemischen Wintersaisons 2023/24 bis 2025/26 (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

Altersunabhängig betrachtet lag die Gesamtzahl aller SARI-Fälle mit RSV-Diagnose in der Wintersaison 2025/26 (ca. 34.000) höher als in der Vorsaison 2024/25 (ca. 25.000), jedoch niedriger als in der Wintersaison 2023/24 (ca. 49.000). Ein ähnliches Verhältnis zeigte sich ebenfalls bei Betrachtung der maximalen wöchentlichen Anzahl an SARI-Patientinnen und -Patienten mit einer diagnostizierten RSV-Erkrankung in den vergangenen drei Wintersaisons (Abbildung 57, schwarze Linie).

Im Vergleich zu den beiden Vorsaisons erhielten in der Wintersaison 2025/26 mehr SARI-Patientinnen und -Patienten ab 60 Jahren eine RSV-Diagnose.

Die RSV-Welle 2026 begann ähnlich wie in der vorherigen Wintersaison 2024/25 erst nach dem Jahreswechsel und somit erneut erst nach dem Beginn der Grippewelle und später als in der Wintersaison 2023/24 (Abbildung 57). Zum Höhepunkt der RSV-Welle 2026 um die 10. KW

erhielt etwa jeder fünfte SARI-Fall eine RSV-Diagnose (22 %, Tabelle 19, Abbildung 57 (blaue Linie)). Ein vergleichbarer maximaler wöchentlicher Anteil an SARI-Fällen mit RSV-Erkrankung unter allen SARI-Fällen wurde auch in der Wintersaison 2023/24 zum Höhepunkt der RSV-Welle beobachtet (21 %; Abbildung 57), in der Wintersaison 2024/25 lag dieser bei nur 9 %.

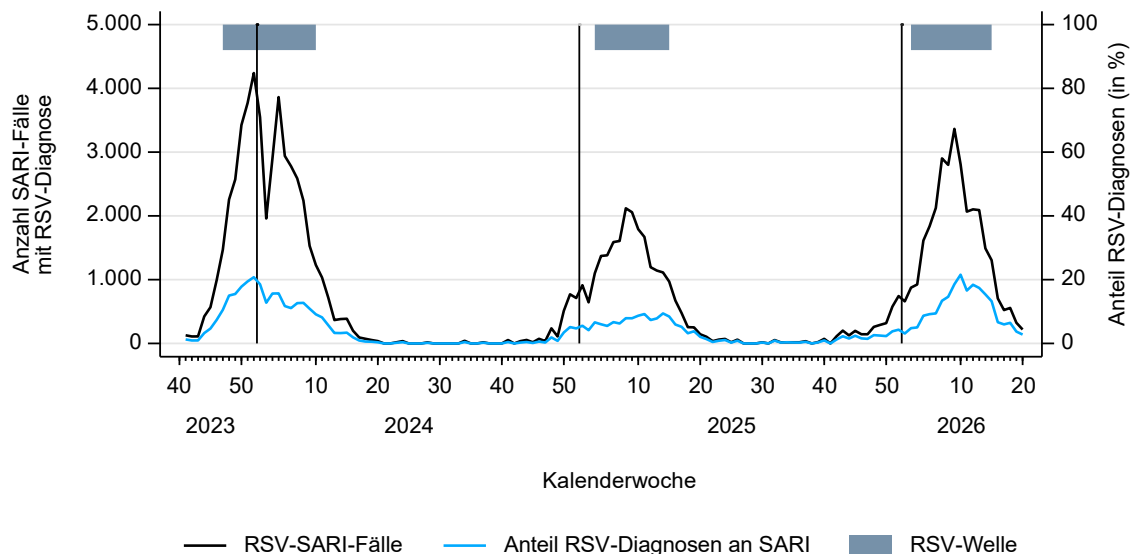


Abbildung 57: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0) (schwarze Linie) sowie der Anteil an RSV-Diagnosen bei den SARI-Fällen (blaue Linie) in den postpandemischen Jahren 2023 bis 2026 in Deutschland. Die schwarzen, senkrechten Striche zeigen den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der RSV-Welle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.

6.2.4 RSV-/Influenza-assoziierte Übersterblichkeit

Autoren: Udo Buchholz, Andreas Hicketier, Matthias an der Heiden

Die RSV-assoziierte Übersterblichkeit lässt sich nicht klar von der Influenza-assoziierten Übersterblichkeit trennen, deswegen werden beide gemeinsam im Kapitel *Influenza-/RSV-assoziierte Übersterblichkeit* behandelt.

6.2.5 RSV-Meldungen gemäß IfSG

Autorinnen: Wei Cai, Maria Helmrich

Fallzahlen

Seit dem 21. Juli 2023 ist RSV-Infektion gemäß IfSG bundesweit meldepflichtig. In der Wintersaison 2025/26 (40. MW 2025 bis 20. MW 2026) wurden in Deutschland insgesamt 69.632 RSV-Fälle an das RKI übermittelt, die der Referenzdefinition (klinisch-epidemiologisch und labordiagnostisch bestätigte Fälle der RKI-Falldefinitionskategorien B – E) entsprechen. Davon waren 67.716 Fälle (97 %) labordiagnostisch bestätigt (RKI-Falldefinitionskategorien C – E), was

einer bundesweiten kumulativen Inzidenz von etwa 81 RSV-Infektionen pro 100.000 Einwohner für den untersuchten Zeitraum entspricht. Der Großteil der laborbestätigten RSV-Fälle entfiel auf Säuglinge und Kleinkinder unter fünf Jahren (38 %, 25.840) sowie auf ältere Erwachsene ab 60 Jahren (34 %, 23.240).

Ähnlich wie in der Vorsaison traten in der RSV-Saison 2025/26 die meisten RSV-Fälle unter Kleinkindern und älteren Erwachsenen auf.

Ab der 40. MW 2025 stieg die Zahl der laborbestätigten RSV-Fälle allmählich an (Abbildung 58). Nach dem Jahreswechsel beschleunigte sich dieser Anstieg und erreichte in der 9. MW 2026 mit 6.835 Fällen seinen Höhepunkt. Ab der 10. MW 2026 ging die Fallzahl rasch zurück. Von den insgesamt 67.716 laborbestätigten RSV-Fällen wurden der Großteil (86 %; 58.238) während der RSV-Welle (2. MW 2026 bis 15. MW 2026) übermittelt.

Ein vergleichbarer saisonaler Verlauf zeigte sich in der Wintersaison 2025/26 und in der Vorsaison 2024/25 (Abbildung 58). In beiden Saisons wurde der Höchstwert der Fallzahlen in der 9. MW erreicht, wobei dieser in der Wintersaison 2025/26 höher lag. Die Wintersaison 2023/24 unterschied sich hingegen durch einen früheren Anstieg und Rückgang der Fallzahlen sowie einen längeren Zeitraum erhöhter RSV-Fallzahlen bei gleichzeitig einen niedrigeren wöchentlichen Höchstwert.

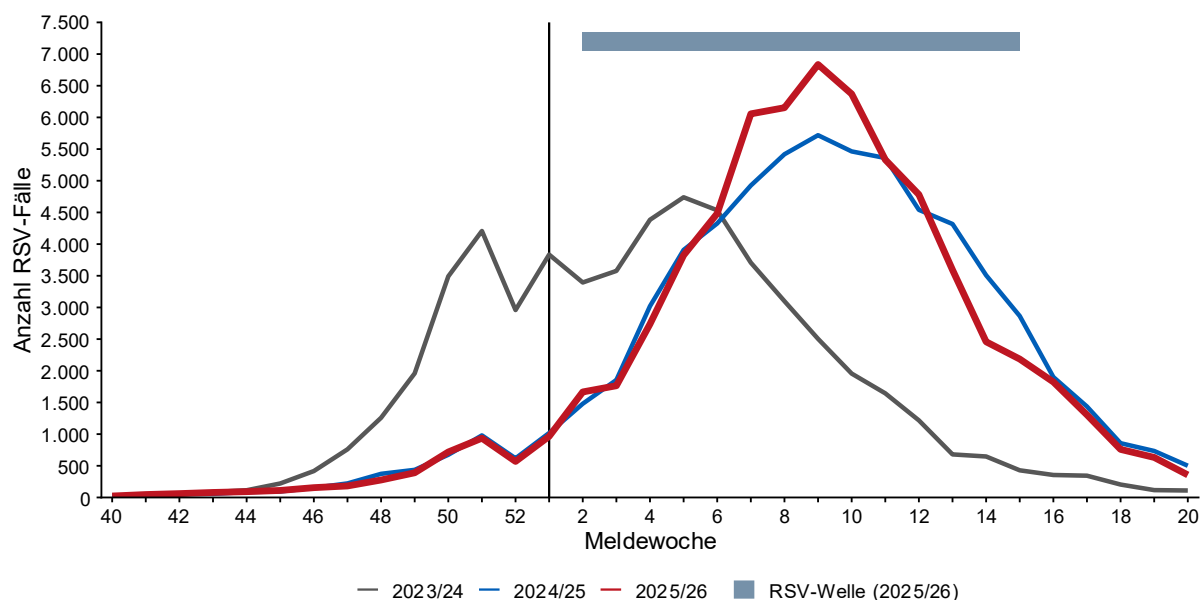


Abbildung 58: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte RSV-Fälle nach Meldewoche in der Wintersaison 2025/26 und den zwei Vorsaisons (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C–E). Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der RSV-Welle.

Unter allen laborbestätigten RSV-Fällen lag für 44.801 Fälle (66 %) eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Davon wurden 20.234 Fälle (45 %) stationär aufgenommen. Der Großteil der hospitalisierten RSV-Fälle entfiel auf ältere Erwachsene ab 60 Jahren (47 %, 9.587) sowie auf Kleinkinder unter fünf Jahren (39 %, 7.960).

Todesfälle

Insgesamt wurden in der Wintersaison 2025/26 421 Todesfälle mit RSV-Infektion an das RKI übermittelt (Tabelle 21). Dies entspricht 0,6 % aller übermittelten laborbestätigten RSV-Fälle. Der Fall-Verstorbenen-Anteil ist im Vergleich zur Wintersaison 2023/24 (0,3 %, 173) gestiegen und im Vergleich zur Vorsaison 2024/25 (0,6 %, 408) stabil geblieben. In der Wintersaison 2025/26 wurden 86 % (364) der Todesfälle während der RSV-Welle übermittelt. Die meisten Todesfälle traten bei älteren Erwachsenen ab 60 Jahren auf (95 %, 402; Tabelle 21). Bei Kleinkindern unter fünf Jahren war der Anteil mit 1,2 % hingegen gering.

Tabelle 21: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte RSV-Todesfälle nach Altersgruppe in der Wintersaison 2025/26 (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C–E).

Todesfälle nach Altersgruppe		
Altersgruppe (Jahre)	Todesfälle	Anteil
<5	5	1,2 %
5-14	2	0,5 %
15-34	2	0,5 %
35-59	10	2,4 %
60-79	147	34,9 %
≥80	255	60,6 %
Gesamt	421	100 %

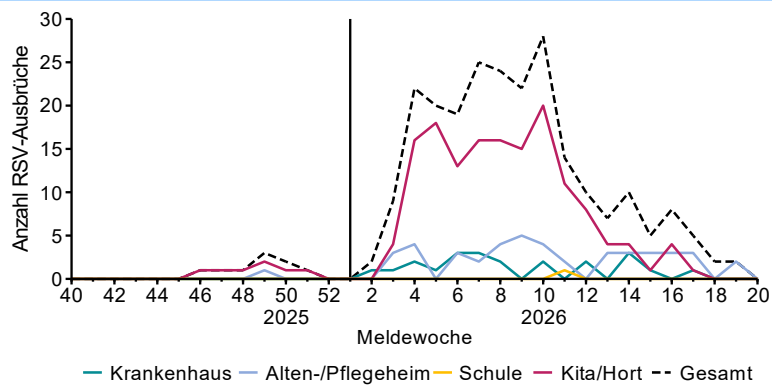
Ausbrüche

In der Wintersaison 2025/26 wurden insgesamt 242 RSV-Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen pro Ausbruch an das RKI übermittelt (Abbildung 59). Im Durchschnitt gab es zehn übermittelte Fälle pro Ausbruch. Der Großteil der Ausbrüche (65 %, 158) trat in Kinder-gärten/Horten auf. Des Weiteren wurden 44 Ausbrüche (18 %) im Setting Alten-/Pflegeheim, 22

Ausbrüche (9 %) im Setting Krankenhaus und ein Ausbruch (0,4 %) im Setting Schule übermittelt. Unter den sonstigen Settings wurden Reha-Einrichtung, Betreuungseinrichtung (ohne nähere Spezifizierung) und privater Haushalt mit jeweils drei Ausbrüchen am häufigsten angegeben.

RSV-Ausbrüche

Gesamtzahl Saison	242
Krankenhaus	22
Alten-/Pflegeheim	44
Schule	1
Kita/Hort	158
sonstige Settings*	17
Anzahl Ausbruchsfälle	2.431
durchschnittliche Fallzahl pro Ausbruch	10,0



*Unter sonstige Settings sind alle weiteren Settings wie z.B. privater Haushalt, Arbeitsplatz oder Freizeit zusammengefasst.

Abbildung 59: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte RSV-Ausbrüche gesamt sowie für ausgewählte Settings in der Wintersaison 2025/26. Es wurden nur Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen gemäß Referenzdefinition (einschließlich klinisch epidemiologisch bestätigter Fälle der RKI-Falldefinitions-kategorien B – E) berücksichtigt. Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres.

RSV-Todesfälle betrafen überwiegend ältere Erwachsene. Die meisten Ausbrüche traten in Kindergärten und Horten auf.

6.3 Weiterführende virologische und genomische Analysen

6.3.1 Ergebnisse des Konsiliarlabors für respiratorische Syncytialviren (RSV), Parainfluenzaviren (PIV) und humane Metapneumoviren (HMPV)

Autorinnen und Autoren: Janine Reiche, Sophie Köndgen, Barbara Biere, Somayyeh Sedaghatjoo, Stephan Fuchs, Thorsten Wolff, Ralf Dürrwald, Djin-Ye Oh

Untersuchungen des Konsiliarlabors für RSV, PIV und HMPV zeigen, dass RSV-Infektionen in der Wintersaison 2025/26 zu ähnlichen Anteilen durch die RSV-Gruppen A und B (jeweils ca. 50 % bei 0- bis 4-Jährigen) hervorgerufen wurden. Aus Proben des ARE-Praxis-Sentinel (n = 180) sowie des SARI-Krankenhaus-Sentinel (n = 60) wurden 240 RSV-positive Proben sequenziert und auf Basis der Vollgenomkonsensus-Sequenzen mit Nextclade [78] genetisch analysiert (siehe *ARE-Praxis-Sentinel: virologische Surveillance*, *SARI-Krankenhaus-Sentinel: virologische Surveillance*).

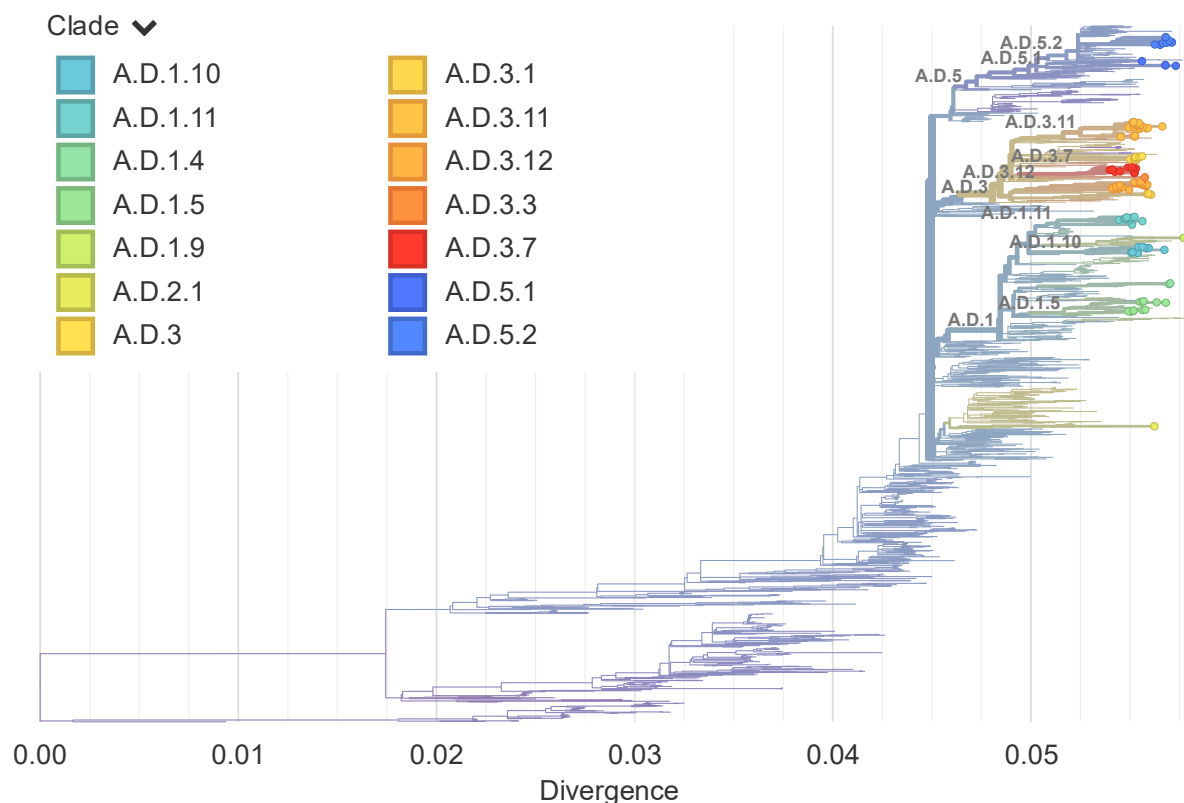


Abbildung 60: Phylogenetische Einordnung von RSV-A-Sequenzen (farbige Kreise) aus Proben des ARE-Praxis- und SARI-Krankenhaus-Sentinel in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) auf Grundlage einer Nextclade-Analyse [78]. Die Farben kennzeichnen die zugewiesene Linie (Clade), blass dargestellte Äste die übrigen Referenzsequenzen. Die x-Achse zeigt die Divergenz in Substitutionen pro Position. Visualisierung mit Auspice/Nextstrain [79].

Davon gehörten 117 Viren zur RSV-Gruppe A, die sich vorrangig in den Sublinien A.D.3.11 (20 %), A.D.3.12 (18 %) und A.D.3.7 (10 %) einordnen lassen (Abbildung 60). Die übergeordnete Linie A.D.3 zirkulierte bereits in der vergangenen Saison in Deutschland und stellte mit 20 % die zweithäufigste Linie dar. RSV-Gruppe-B-Viren ($n = 123$) gehörten primär der Sublinie B.D.E.1 (63 %) an (Abbildung 61), welche bereits in der vergangenen Saison prädominierte. Die in Deutschland nachgewiesenen (Sub-)Linien wurden auch weltweit nachgewiesen [79].

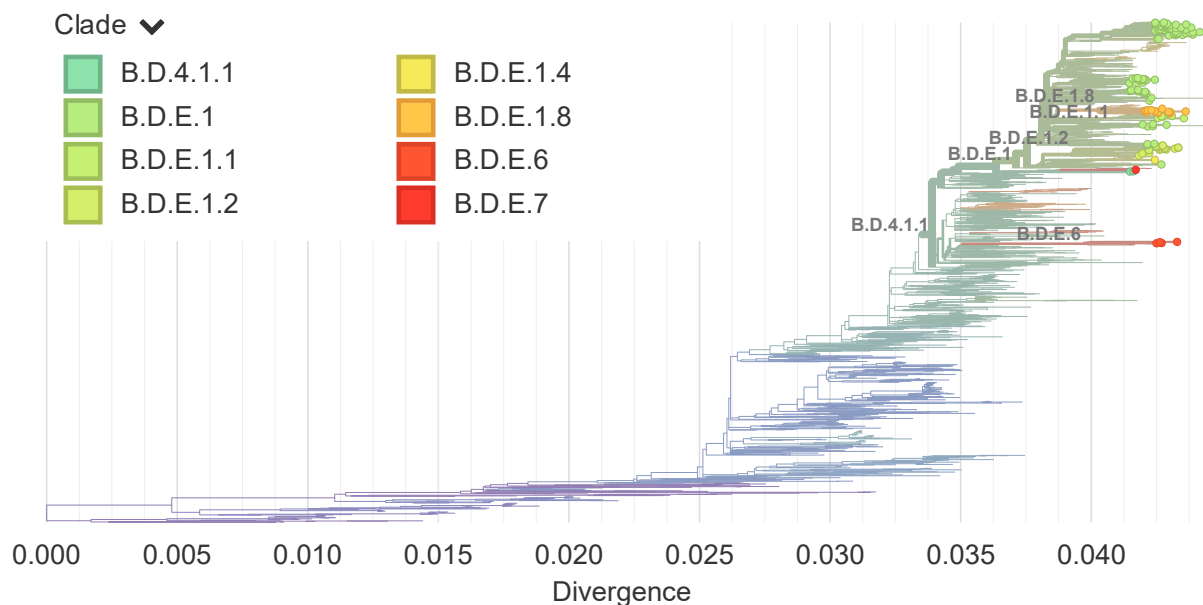


Abbildung 61: Phylogenetische Einordnung von RSV-B-Sequenzen (farbige Kreise) aus Proben des ARE-Praxis- und SARI-Krankenhaus-Sentinels in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) auf Grundlage einer Nextclade-Analyse [78]. Die Farben kennzeichnen die zugewiesene Linie (Clade), blass dargestellte Äste die übrigen Referenzsequenzen. Die x-Achse zeigt die Divergenz in Substitutionen pro Position, nicht maßstabsgleich zu Abbildung 60. Visualisierung mit Auspice/Nextstrain [79].

Die in Deutschland nachgewiesenen RSV-Linien und -Sublinien wurden auch weltweit nachgewiesen.

6.4 RSV-Immunisierung

6.4.1 Aktuelle Empfehlungen zur Immunisierung bzw. Impfung gegen RSV in der Wintersaison 2025/26

Autorin: Viktoria Schönfeld

In der Wintersaison 2025/26 empfahl die STIKO [80] die Immunisierung gegen RSV mit dem monoklonalen Antikörper Nirsevimab für **alle Neugeborenen und Säuglinge < 1 Jahr** unabhängig von möglichen Risikofaktoren in ihrer 1. RSV-Saison.

Zusätzlich galt die Empfehlung für eine einmalige Impfung mit einem der zugelassenen proteinbasierten RSV-Impfstoffe (Arexvy und Abrysvo) oder dem mRNA-RSV-Impfstoff (mResvia) als Standardimpfung für **alle Personen ≥ 75 Jahre** sowie als Indikationsimpfung für Personen im Alter von **60 bis 74 Jahren mit einer relevant beeinträchtigenden Grunderkrankung** und für **Bewohnende in Einrichtungen der Pflege**.

6.4.2 Impfquoten

Autorin: Annika Steffen

Die Immunisierungsquote der zwischen April und September 2024 geborenen Säuglinge lag bei 54 %. Zu später geborenen Kindern bzw. zu Erwachsenen gibt es bisher keine Daten. Immunisierungs- und Impfquoten nach Altersgruppen sowie auf Bundesland- und Kreisebene können über das RKI-Impfdashboard „VacMap“ abgerufen und grafisch dargestellt werden (<https://www.rki.de/vacmap>).

6.5 Internationale Situation in der Wintersaison 2025/26

Autorin: Wei Cai

Die Ausführungen in diesem Kapitel basieren auf den aktuellen Berichten des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC), der Weltgesundheitsorganisation (WHO) sowie des US-amerikanischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (CDC).

In der Wintersaison 2025/26 zeigte sich in EU-/EWR-Ländern weiterhin das typische saisonale RSV-Muster [21]. Allerdings bestanden zwischen den Ländern Unterschiede hinsichtlich Beginn, Höhepunkt und Dauer der RSV-Saison. Auf Grundlage ambulanter Surveillance-Daten aus etwa 20 EU-/EWR-Ländern begann die RSV-Welle im Durchschnitt später als in den drei Vorsaisons. Die RSV-Positivenrate (PR) stieg ab Mitte November 2025 deutlich an, erreichte Mitte Februar 2026 mit durchschnittlich 14 % ihren Höhepunkt und ging anschließend wieder zurück. Damit lag der saisonale Höchstwert deutlich über dem der beiden Vorsaisons. Die höchste RSV-PR wurde bei Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahren beobachtet, gefolgt von Erwachsenen ab 65 Jahren. Auch im stationären Bereich lag die RSV-PR über der der Vorsaison. Besonders hohe RSV-PR wurden auch bei Kindern im Alter von 0 bis 4 Jahren beobachtet. Die meisten hospitalisierten RSV-Fälle entfielen auf Kinder im Alter von 12 bis 23 Monaten. Auf

Intensivstationen waren überwiegend Säuglinge im Alter von 0 bis 2 Monaten betroffen. RSV-assoziierte Todesfälle traten vor allem bei hochbetagten Erwachsenen ab 85 Jahren auf.

Für die Wintersaison 2025/26 empfahlen 23 EU-/EWR-Länder eine RSV-Immunisierung [81]. In 16 Ländern wurde der monoklonale Antikörper Nirsevimab für alle Säuglinge empfohlen, in drei Ländern ausschließlich für Säuglinge mit erhöhtem Risiko für schwere Krankheitsverläufe. Drei Länder setzten ausschließlich auf die Impfung Schwangerer, während fünf Länder diese zusätzlich als Alternative zu Nirsevimab anboten. Der hohe Anteil der 12- bis 23-monatigen Kinder unter den Hospitalisierten könnte möglicherweise mit der Immunisierung von Säuglingen unter 1 Jahr zusammenhängen: Durch die Verhinderung schwerer RSV-Verläufe bei Säuglingen kann sich der relative Anteil älterer Kinder unter den hospitalisierten RSV-Fällen erhöhen.

Weltweit tritt RSV überwiegend auch saisonal auf [82]. Die globale RSV-Situation war jedoch heterogener. In gemäßigten Regionen zirkuliert das Virus vor allem im Spätherbst und Winter, während in tropischen und subtropischen Regionen ebenfalls Phasen erhöhter Zirkulation auftreten, jedoch meist ohne klar ausgeprägtes saisonales Muster. In der Saison 2025/26 blieb die globale RSV-Krankheitslast insgesamt überwiegend niedrig, wobei zeitweise erhöhte Aktivitäten in einzelnen Ländern und Regionen beobachtet wurden [83]. Jährlich verursacht RSV weltweit schätzungsweise 3,6 Millionen Hospitalisierungen und rund 100.000 Todesfälle bei Kindern unter fünf Jahren [82]. Etwa die Hälfte der Todesfälle betrifft Säuglinge unter sechs Monaten; 97 % treten in Ländern mit niedrigem und mittlerem Einkommen auf. Auch ältere Erwachsene sind besonders gefährdet. In den USA werden RSV-Infektionen bei Personen ab 65 Jahren jährlich mit bis zu 160.000 Hospitalisierungen und 10.000 Todesfällen in Verbindung gebracht. In der Wintersaison 2025/26 setzte die RSV-Aktivität in den meisten US-Bundesstaaten später als üblich ein [84]. Die Krankheitslast in den USA war in dieser Saison nicht höher als in den Vorsaisons. Die höchste RSV-Krankheitslast lag bei Säuglingen unter 1 Jahr.

Glossar

Akute respiratorische Erkrankung (ARE)

Akute Atemwegserkrankung, die anhand eines Symptoms/Syndroms bzw. einer Diagnose, z.B. in einer Sentinelpraxis bei einer Patientin oder einem Patienten festgestellt und erhoben wird. Eine ARE ist z.B. definiert als Pharyngitis, Bronchitis oder Pneumonie mit oder ohne Fieber.

Bei GrippeWeb ist eine ARE definiert als eine neu aufgetretene Atemwegserkrankung mit Husten ODER Halsschmerzen ODER Fieber, unabhängig von einem Arztbesuch.

Im SEED^{ARE}-System ist eine Person eine ARE-Patientin oder ein ARE-Patient, wenn mindestens ein ICD-10-Diagnosecode aus den folgenden Diagnosegruppen erhoben wurde:

- J00 bis J06 (akute Infektionen der oberen Atemwege)
- J09 bis J11 (Influenza)
- J12 bis J18 (Pneumonie)
- J20 bis J22 (Bronchitis, Bronchiolitis und sonstige akute Infektionen der unteren Atemwege)
- J44.0 (chronische obstruktive Lungenkrankheit mit akuter Infektion der unteren Atemwege)
- B34.9 (Virusinfektion, nicht näher bezeichnet)

Siehe auch Schwere akute respiratorische Infektion (SARI)

AMELAG/Abwassersurveillance

AMELAG ist das Akronym für das **Abwasser**monitoring für die **epidemiologische Lage**bewertung. Dabei werden wöchentlich die Viruslasten von SARS-CoV-2, Influenzavirus und Respiratorischem Synzytialvirus (RSV) im kommunalen Abwasser überwacht. Es werden 24-Stunden-Mischproben genommen. Das Projekt wird vom Robert Koch-Institut (RKI) und dem Umweltbundesamt (UBA) gemeinsam mit dem Bundesministerium für Gesundheit (BMG), dem Bundesministerium für Umwelt, Klimaschutz, Naturschutz und nukleare Sicherheit (BMUKN), den 16 Bundesländern, ihren Landeslaboren sowie den Betreibenden der teilnehmenden Kläranlagen durchgeführt. Es hatte eine erste Phase von 2022-2024, die zweite Phase mit nur noch bis zu 70 Kläranlagen begann 2025.

Antigene Charakterisierung von Influenzaviren

Influenzavirusisolate wurden im Hämagglutinationshemmtest (HHT) auf ihre Reaktivität mit Antiseren getestet, die in Frettchen gegen die Impfstämme der Influenzasaison 2025/2026 generiert wurden (A/Victoria/4897/2022 A(H1N1)pdm09, A/Croatia/10136RV/2023, B/Austria/1359417/2021 B/Victoria, B/Phuket/3073/2013 B/Yamagata). Der HHT nutzt die Eigenschaft der Influenzaviren, Erythrozyten zu agglutinieren. Antikörper gegen das Hämagglutinin von Influenzaviren können diese Reaktion hemmen. Aus dem Vergleich der Reaktivität der Virusisolate zum Titer des Impfstamms können Schlussfolgerungen gezogen werden, inwieweit die zirkulierenden Influenzaviren antigenetisch vom Impfstammvirus

abweichen. Dies ist allein auf der Basis genetischer Analysen nicht möglich. Diese Analysen dienen der Untersuchung der Passgenauigkeit der Impfstämme. Sie erlauben keine vollständigen Aussagen zur Wirksamkeit der Impfstoffe, da hier noch andere Faktoren berücksichtigt werden müssen (Abstand zur letzten Impfung, Zahl vorangegangener Antigenkontakte, Expositionsdosis, Alter u. a.). Weil diese Parameter in die Berechnung der Wirksamkeit der Influenza-Impfung (Impfeffektivität) nicht einbezogen oder nur partiell berücksichtigt werden, ergeben sich häufig Impfeffektivitäts-Werte, die nicht den Daten der im Labor ermittelten Passgenauigkeit entsprechen. Deshalb ermöglichen die Untersuchungen zur Impfeffektivität Aussagen zum Anwendungserfolg der Impfstoffe; sie lassen jedoch keine Schlussfolgerungen zur Wirksamkeit (Efficacy) der Impfstoffe selbst zu.

ARE-Erstkonsultation

siehe ARE-Konsultationsinzidenz

ARE-Inzidenz

Aus den GrippeWeb-Daten berechnete Inzidenz akuter Atemwegserkrankungen auf Bevölkerungsebene.

ARE-Konsultationsinzidenz

Aus dem ARE-Praxis-Sentinel berechnete wöchentliche Anzahl von ARE, die bei einem Arzt / einer Ärztin zur Vorstellung kommen, bezogen auf die Bevölkerung [85]. Arztbesuche derselben ARE-Patientinnen und -Patienten innerhalb von zwei Wochen werden demselben Erkrankungsgeschehen zugeordnet (ARE-Erstkonsultation). Die ARE-Konsultationsinzidenz ist schon auf dem Hintergrundniveau (d. h. außerhalb der Grippewelle/ Influenzawelle) sehr stark altersabhängig und wird daher auch für verschiedene Altersgruppen ermittelt und bewertet. Die altersspezifische ARE-Konsultationsinzidenz wird angegeben als Anzahl der in den Arztpraxen gesehenen ARE pro 100.000 Personen der jeweiligen Altersgruppe [85]. Dabei wird die beobachtete Zahl der ARE-Konsultationen mit der geschätzten von den Sentinelpraxen betreuten Bevölkerung in Beziehung gesetzt und auf die Gesamtbevölkerung hochgerechnet. Diese Berechnung erfolgt unter Einbezug der jeweils aktuellen Bevölkerungszahlen in Deutschland sowie der jährlichen Ärztestatistiken der Gesundheitsberichterstattung des Bundes (GBE).

ARE-Praxis-Sentinel

Bundesweites Netzwerk primärversorgender Arztpraxen, welches der der syndromischen und virologischen Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) im ambulanten Bereich dient. Hierbei werden Informationen zur aktuellen Aktivität und zum saisonalen Verlauf von Atemwegserkrankungen in der Bevölkerung sowie zu aktuell zirkulierenden Atemwegsviren bereitgestellt.

Im syndromischen Bereich setzt sich das Sentinel aus zwei Komponenten zusammen:

- Praxen, die nach Altersgruppen aggregierte Daten zu den in den Praxen beobachteten ARE-Fällen über eine Online-Eingabemaske wöchentlich melden, und

- SEED^{ARE}-Praxen (Sentinel zur elektronischen Erfassung von Diagnosecodes akuter respiratorischer Erkrankungen), die wöchentlich fallbasierte Daten anhand von ICD-10-Diagnosecodes der Patientinnen und Patienten übermitteln.

Durch die Kombination beider Datentypen ermöglicht das ARE-Praxis-Sentinel eine umfassende Beurteilung der Aktivität akuter Atemwegserkrankungen in der ambulanten Versorgung.

siehe auch [Virologische Surveillance](#)

siehe auch [RKI - ARE-Praxis-Sentinel](#)

ARE/SARI-Aktivitätsbereiche (Schwellenwerte)

Seit der Saison 2025/26 wird die ARE- und SARI-Aktivität anhand von fest definierten Schwellenwerten kategorisiert und in Aktivitätsbereiche eingeteilt und berichtet. Dabei werden alle berechneten Wochenwerte (Inzidenzen) der letzten fünf nicht-pandemischen Saisons (für die ARE-Saison 2025/26 sind das: 2016/17, 2017/18, 2018/19, 2023/24 und 2024/25) in aufsteigender Reihenfolge geordnet. Danach werden Bereiche anhand der Perzentile definiert und folgendermaßen klassifiziert:

- 0 bis < 30 % = sehr niedrig
- 30 bis < 60 % = niedrig
- 60 bis < 90 % = moderat
- 90 bis < 99 % = hoch
- 99 % = sehr hoch.

Befindet sich eine Inzidenz z.B. im „sehr niedrigen“ Bereich, bedeutet dies, dass bis zu 30 % aller Wochenwerte der letzten fünf nicht-pandemischen Saisons in diesem unteren Bereich lagen. Dieser Wertebereich deckt somit die Perzentile 0 – 30 ab. Eine Inzidenz auf der 50. Perzentile bedeutet, dass 50 % aller Werte aus diesen fünf Saisons unterhalb oder höchstens so hoch und 50 % darüber lagen, und wird damit dem Aktivitätsbereich „niedrig“ zugeordnet.

Bestimmungsgrenze in der Abwassersurveillance

Die Bestimmungsgrenze in der Abwassersurveillance gibt an, ab welcher Konzentration die Viruslast sicher quantifiziert werden kann. Unterhalb des Bestimmungsbereichs kann u.U. trotzdem Genom oder Genomfragmente eines Erregers nachgewiesen, jedoch nicht quantifiziert werden, dies ist die sogenannte Nachweisgrenze. Unterhalb der Nachweisgrenze ist kein Genom des Erregers mehr nachweisbar.

COVID-19-Inzidenz (GrippeWeb)

GrippeWeb-Teilnehmende mit Symptomen und einem SARS-CoV-2-Erregernachweis (Selbst-/Schnelltest oder laborbestätigt) als Anteil aller Meldenden. Dies ergibt eine Schätzung der Inzidenz in der Bevölkerung.

COVID-ARE-Erstkonsultation

siehe [COVID-ARE-Konsultationsinzidenz](#)

COVID-ARE-Konsultationsinzidenz

Aus SEED^{ARE}-Praxen des ARE-Praxis-Sentinelns berechnete Inzidenz von ambulanten Konsultationen mit akuter respiratorischer Erkrankung (ARE), bei denen zusätzlich eine laborbestätigte COVID-19-Diagnose (U07.1!) im Rahmen desselben Erkrankungsgeschehens kodiert wurde. Wird im Zusammenhang mit einer ARE-Konsultation eine COVID-19-Diagnose vergeben, gelten weitere Arztbesuche derselben Person wegen ARE erst nach 90 Tagen wieder als Neuerkrankung (COVID-ARE-Erstkonsultation). Der Arztbesuch, bei dem der SARS-CoV-2-Nachweis kodiert wurde, muss innerhalb eines Zeitfensters von 7 Tagen vor bis 20 Tage nach der ARE-Konsultation liegen [62].

siehe auch ARE-Konsultationsinzidenz

COVID-SARI-Hospitalisierungsinzidenz

Aus dem SARI-Krankenhaus-Sentinel berechnete Inzidenz der Fälle mit einer schweren akuten Atemwegserkrankung (SARI), die zusätzlich eine COVID-19-Diagnose (U07.1! – laborbestätigte COVID-19-Erkrankung) erhalten haben.

siehe auch SARI-Hospitalisierungsinzidenz

Dekonvolution

Dekonvolution bezeichnet im Zusammenhang mit der Abwassersurveillance ein bioinformatisches Verfahren, mit dem die Zusammensetzung einer Mischprobe rechnerisch bestimmt wird. Da Abwasser gleichzeitig genetisches Material vieler verschiedener SARS-CoV-2-Linien enthält, können diese nicht direkt voneinander getrennt werden. Stattdessen wird mithilfe von Dekonvolution geschätzt, welche Viruslinien in der Probe enthalten sind und welchen Anteil sie jeweils ausmachen [65].

Erreger-ARE-Inzidenz

(GrippeWeb-Plus; z.B. COVID-19-, Influenza- oder RSV-ARE-Inzidenz)

Die Erreger-spezifische-ARE-Inzidenz gibt die Inzidenz der ARE an, die auf einen bestimmten Atemwegserreger zurückzuführen ist. Wenn die ARE-Inzidenz in einer Woche z.B. 6.000 beträgt und die COVID-ARE-Inzidenz bei 500 liegt, dann wären 500 von 6.000 ARE, also etwa 8 % der ARE-Inzidenz auf COVID-19 zurückzuführen. Die Erreger-ARE-Inzidenz wird wie folgt berechnet: Die bereinigten Positivenraten aus GrippeWeb-Plus wurden – stratifiziert nach Kindern und Erwachsenen – zuerst in ILI- und non-ILI-spezifische Positivenraten (ILI + non-ILI = ARE) unterteilt. Danach wurden diese jeweils mit der ILI- bzw. non-ILI-Inzidenz aus GrippeWeb multipliziert. Anschließend wurden die ILI- und non-ILI-Werte zu einer Erreger-ARE-Inzidenz addiert.

Erreger-assoziierte Übersterblichkeit

Zur Ermittlung der geschätzten Übersterblichkeit aufgrund eines Erregers wurden alle Perioden mit Übersterblichkeit in Deutschland während der Saisons 2023/24, 2024/25 und 2025/26 mit den Wellen des jeweiligen Erregers abgeglichen. Die Perioden mit Übersterblichkeit werden dem Übersterblichkeitsbericht des RKIs entnommen, der – basierend auf nach § 5b BevStatG von Destatis bereitgestellten Sterbedaten - wöchentlich Übersterblichkeitsanalysen bereitstellt. Da in den Übersterblichkeitsdaten auch Angaben zum Sterbeort enthalten sind, war es auch möglich die Daten, nicht nur nach Alter, sondern auch nach Sterbeort (Alten- und Pflegeheim, Krankenhaus, andere) aufgeschlüsselt zu analysieren. Sofern zwei Übersterblichkeitsperioden in derselbe Welle auftraten, wurden die Punktschätzer addiert und die Konfidenzintervalle mit der Gauß'schen Fehlerfortpflanzung berechnet.

Siehe auch dem Übersterblichkeitsbericht des RKI: https://robert-koch-institut.github.io/Bericht_zur_Uebersterblichkeit_in_Deutschland/#/

Freyja

Freyja ist ein bioinformatisches Analyseprogramm zur Bestimmung von SARS-CoV-2-Linien in Sequenzierungsdaten. Es wurde insbesondere für die Auswertung von Abwasserproben entwickelt, in denen häufig mehrere Viruslinien gleichzeitig vorkommen. Dazu verwendet Freyja ein Dekonvolutionsverfahren, mit dem die Anteile der verschiedenen Viruslinien in einer Mischprobe rechnerisch geschätzt werden. Hierfür nutzt das Programm charakteristische genetische Veränderungen bekannter Viruslinien, um deren Zusammensetzung und relative Anteile in einer Probe zu bestimmen [65].

Siehe auch [Abwassersurveillance](#)

GrippeWeb

GrippeWeb ist ein Webportal des Robert Koch-Instituts, das auf die direkten Meldungen aus der Bevölkerung angewiesen ist ("citizen science"). Die Teilnehmenden melden einmal pro Woche, ob sie in der Vorwoche eine neue Atemwegserkrankung hatten oder nicht. Daraus kann dann der Anteil der Bevölkerung berechnet werden, der eine neue Atemwegserkrankung hatte. Alle Personen ab 16 Jahren, die hauptsächlich in Deutschland leben, können über das Webportal an GrippeWeb teilnehmen.

Weitere Informationen sind abrufbar unter: <https://www.rki.de/grippeweb>.

GrippeWeb-Plus

GrippeWeb-Plus ist die virologisch-mikrobiologische Surveillance auf Bevölkerungsebene, bei der eine zufällig ausgewählte Stichprobe von regelmäßig meldenden GrippeWeb-Teilnehmenden Abstrichmaterialien erhalten. Bei Auftreten einer akuten Atemwegsinfektion soll eine Probe aus dem vorderen Nasenbereich entnommen werden, welche anschließend am RKI auf 24 verschiedene Atemwegserreger untersucht wird, darunter u.a. Influenzaviren, SARS-CoV-2 und

Respiratorische Synzytialviren (RSV). Es nehmen rund 800 Kinder und Erwachsene aus etwa 480 verschiedenen Haushalten an GrippeWeb-Plus teil (Stand Juli 2026).

Grippewelle / Influenzawelle

Als Grippewelle wird der Zeitraum erhöhter Aktivität von Influenza A- und B-Viren bezeichnet. Nach Definition des RKI beginnt die Influenzawelle, wenn die untere Grenze für das 95 %-Konfidenzintervall der geschätzten Influenza-Positivenrate in zwei aufeinanderfolgenden Kalenderwochen 10 % überschreitet mit der ersten Woche dieses Zeitraums. Die Welle endet, wenn die untere Grenze des Konfidenzintervalls der Positivenrate zwei Wochen hintereinander 10 % unterschreitet mit der Woche vor dem Rückgang unter 10 %.

Hämagglutinin (HA)

Siehe Molekulare Analyse von Influenzaviren

Harvesting

Harvesting (oder auch engl. Mortality displacement) wird als zeitliche Vorverlagerung von Todesfällen bezeichnet, wo ein kurzfristig erhöhtes Mortalitätsrisiko dazu führt, dass besonders vulnerable Personen früher sterben, wodurch in einem nachfolgenden Zeitraum weniger Todesfälle auftreten, als ohne das vorausgegangene Ereignis zu erwarten gewesen wäre.

ICD-10-Code

International Classification of Diseases, Revision 10 – internationale statistische Klassifikation der Krankheiten und verwandter Gesundheitsprobleme

Influenza-like illness (ILI)

ILI sind grippeähnliche Erkrankungen mit den Symptomen (Husten ODER Halsschmerzen) UND Fieber; ILI ist eine Untergruppe der ARE (ARE = ILI + nonILI).

Infektionsschutzgesetz (IfSG)

Dem Gesundheitsamt wird gemäß § 7 Abs. 1 Nr. 25, 38a, 44a IfSG der direkte Nachweis von Influenzaviren, RSV und SARS-CoV-2 namentlich gemeldet. Dazu gehören auch in ärztlichen Praxen durchgeführte Schnelltests. Darüber hinaus stellt das Gesundheitsamt gemäß § 25 Abs. 1 IfSG ggf. eigene Ermittlungen an.

Integrierte genomische Surveillance (IGS)

Bei der integrierten genomischen Surveillance werden die genomischen Daten eines Erregers aus der Patientenprobe mit den entsprechenden epidemiologischen Fallinformationen aus dem Meldesystem nach IfSG verknüpft.

Integrierte molekulare Surveillance von SARS-CoV-2 (IMSSC2)

Um neu auftretende und sich verändernde SARS-CoV-2-Viruslinien möglichst schnell zu entdecken, werden von bundesweit kooperierenden Primärdiagnostiklaboren wöchentlich bis zu 100 zufällig ausgewählte SARS-CoV-2-positive Proben zur Sequenzierung an das RKI geschickt. Anschließend werden die Genomdaten der SARS-CoV-2-Viruslinie mit den klinisch-epidemiologischen Daten der Patientinnen und Patienten aus dem IfSG-Meldewesen zusammengeführt (Integration). Das ermöglicht zum Beispiel die frühe Entdeckung genetischer Veränderungen des Virus, die zu einer Veränderung der Krankheitsschwere in den Patientinnen und Patienten führen können. Damit wird, angesichts der fortlaufenden Veränderungen des Viruserbguts, die kontinuierliche Überwachung von SARS-CoV-2, seiner Varianten und die Auswirkung auf die COVID-19 Erkrankungssituation sichergestellt.

Molekulare Analyse von Influenzaviren

Im Rahmen der molekularen Analyse werden die Vollgenome von Influenzaviren sequenziert. Im Fokus der Analyse stehen hierbei die kodierenden Gene für das Hämagglutinin (HA) und die Neuraminidase (NA). Da beide Proteine auf der Virushülle lokalisiert und der Immunabwehr exponiert sind, unterliegen ihre kodierenden Gene einer kontinuierlichen evolutionären Anpassung. Um diese zu untersuchen, werden die HA- und NA-Gene genetischen Gruppen zugeordnet, die spezifische Mutationen teilen. Für das HA-Gen wird die von der WHO definierte Kladen-Nomenklatur verwendet [20]. Ergänzend werden die HA- und NA-Gene gemäß der Nextstrain-Nomenklatur in Subkladen eingeteilt (<https://clades.nextstrain.org/> [19, 78]). Das multifunktionale und variable HA steht im Mittelpunkt der globalen Influenzavirus-Überwachung und der Impfstoffentwicklung. Darüber hinaus zeigen Studien, dass eine funktionelle Balance zwischen Rezeptorbindung durch das HA und Rezeptorabbau durch die NA notwendig ist, um eine effiziente Virusreplikation und die Transmission und Anpassung an neue Wirte zu ermöglichen. Reassortierungsereignisse können diese Balance stören, wodurch Viren mit neuartigen HA/NA-Kombinationen entstehen, deren Fitness von der Kompatibilität beider Proteine abhängt [86, 87]. Die gemeinsame Analyse von HA- und NA-Subkladen ermöglicht daher eine detailliertere genetische Charakterisierung der zirkulierenden Influenzaviren und kann Hinweise auf Reassortierungsereignisse sowie die Etablierung erfolgreicher Virusgenotypen liefern.

Neuraminidase (NA)

Siehe Molekulare Analyse von Influenzaviren

Pango und Pangolin

Pango bezeichnet das dynamische Nomenklatorsystem zur Benennung und Einordnung phylogenetischer SARS-CoV-2-Linien [88]. Pangolin ist ein bioinformatisches Software-Tool dessen Name sich von *Phylogenetic Assignment of Named Global Outbreak Lineages* ableitet [89]. Diese Software ist ein bioinformatisches Werkzeug zur Zuordnung von SARS-CoV-2-Genomen zu bekannten im Pango-System definierten Viruslinien. Dazu wird die genetische Sequenz eines Virus mit einer internationalen Referenzdatenbank verglichen. Pangolin wird vor allem für klinische Proben verwendet, bei denen in der Regel jeweils das Genom eines einzelnen Virus bestimmt wird.

Positivenrate (PR)

In der virologische Surveillance der berechnete Anteil der Nachweise von Atemwegserregern in Prozent (%) an allen eingesandten und untersuchten Sentinelproben im Rahmen von GrippeWeb-Plus, des ARE-Praxis-Sentinelns sowie des SARI-Krankenhaus-Sentinelns. Häufig (bei einer ausreichend großen Anzahl eingesandter Proben) wird eine zunehmende Positivenrate vor einem signifikanten Anstieg der Erkrankungszahlen beobachtet und dann als „bedeutsame“ Viruszirkulation bezeichnet.

Resistenzprüfung von Influenzaviren

Um Influenzaviren auf ihre Empfindlichkeit gegenüber antiviralen Wirkstoffen zu untersuchen, erfolgt eine phänotypische Charakterisierung mittels eines fluorometrischen Enzym-Inhibitionstests zur Bestimmung der 50 % inhibitorischen Konzentration (IC_{50}) für die Neuraminidase-Inhibitoren Oseltamivir und Zanamivir. Ergänzend werden zur Identifizierung molekularer Resistenzmarker die Genomsequenzen folgender therapeutischen Zielproteine analysiert: Neuraminidase (NA), M2-Ionenkanal sowie Cap-abhängige Endonuklease der Polymerase-Untereinheit Polymerase Acidic (PA) [90].

RSV-Welle

Als RSV-Welle wird der Zeitraum erhöhter RSV-Aktivität bezeichnet. Als Indikator dafür wird die RSV-Positivenrate in der Altersgruppe der 0- bis 4-Jährigen in der virologischen ARE-Sentinelnsurveillance genutzt [72]. Nach Definition des RKI beginnt die RSV-Welle, wenn bei den 0- bis 4-Jährigen die untere Grenze für das 95 %-Konfidenzintervall der geschätzten RSV-Positivenrate in zwei aufeinanderfolgenden Kalenderwochen 5 % überschreitet mit der ersten Woche dieses Zeitraums. Die RSV-Welle endet, wenn die untere Grenze des Konfidenzintervalls der Positivenrate zwei Wochen hintereinander 5 % unterschreitet mit der Woche vor dem Rückgang unter 5 %.

siehe auch [RKI - RSV-Infektionen \(Respiratorische Synzytial-Viren\) - Antworten auf häufig gestellte Fragen zu RSV \(Respiratorische Synzytial-Viren\)-Infektionen](#)

Saison

Zeitraum von der 40. Kalenderwoche (KW) eines Jahres bis zur 39. KW des Folgejahres. Sie setzt sich zusammen aus der **Wintersaison** (40. eines Jahres bis 20. KW des Folgejahres) und dem **Sommer** (21. bis 39. KW desselben Jahres).

Im Rahmen dieses Berichts wird zudem der Zeitraum von der 21. KW bis zur 20. KW des Folgejahres betrachtet (**Beobachtungs-/Bezugszeitraum**: Sommer und die sich anschließende Wintersaison).

SARI-Hospitalisierungsinzidenz

Die Hospitalisierungsinzidenz schwerer akuter Atemwegserkrankungen (stationärer Bereich) ist die aus dem SARI-Krankenhaus-Sentinel berechnete Inzidenz der Fälle, die neu in ein Krankenhaus neu aufgenommen wurden und dort die Diagnose (ICD-10-Codes J09 bis J22 in der Hauptdiagnose) einer schweren akuten Atemwegserkrankung erhalten haben.

Diese Inzidenz ist stark altersabhängig und wird daher auch für verschiedene Altersgruppen ermittelt und bewertet. Die altersspezifische SARI-Hospitalisierungsinzidenz wird angegeben als Anzahl der mit SARI hospitalisierten Fälle pro 100.000 Personen der jeweiligen Altersgruppe. Dabei wird die beobachtete Anzahl der SARI-Hospitalisierungen mit der geschätzten von den Sentinelkliniken abgedeckten Bevölkerung in Beziehung gesetzt und auf die Gesamtbevölkerung hochgerechnet.

siehe auch [Schwere akute respiratorische Infektion \(SARI\)](#)

SARI-Krankenhaus-Sentinel

Das SARI-Krankenhaus-Sentinel dient der syndromischen Erfassung und Auswertung schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI) im stationären Bereich. Sie wird durch das ICOSARI-System (ICD-10-Code-basierte Krankenhaussurveillance schwerer akuter respiratorischer Infektionen) des RKI umgesetzt und basiert auf einem Netzwerk von Sentinel-Krankenhäusern. Dafür werden zeitnah erreg器übergreifend akute Atemwegsinfektionen anhand von Symptomen bzw. ärztlichen Diagnosen systematisch in einem Netzwerk von teilnehmenden Krankenhäusern (Sentinel), erfasst.

Die SARI-Krankenhaussurveillance liefert Informationen zur Krankheitsschwere, Häufigkeit und zum saisonalen Verlauf schwerer Atemwegserkrankungen und ermöglicht eine zeitnahe Bewertung des Geschehens im stationären Bereich. Dabei liegt der Fokus auf den Atemwegserkrankungen Influenza, COVID-19 und RSV-Infektionen.

siehe auch [RKI - SARI-Krankenhaus-Sentinel](#)

SARS-CoV-2-Varianten

Viren unterliegen einer kontinuierlichen genetischen Veränderung. Unterscheiden sich diese Veränderungen deutlich von bereits bekannten Viruslinien, werden diese als neue Varianten

definiert. Zur Identifizierung solcher Varianten werden Virusgenome sequenziert und hinsichtlich genetischer Unterschiede analysiert.

Seit dem Auftreten von SARS-CoV-2 im Jahr 2020 hat sich das Virus weltweit kontinuierlich weiterentwickelt. Dabei sind zahlreiche Virusvarianten entstanden, die anhand ihrer Eigenschaften und ihrer potenziellen Bedeutung für die öffentliche Gesundheit klassifiziert werden. Hierzu werden Varianten in die Kategorien „Varianten unter Beobachtung“ (Variants under Monitoring, VUM), „Varianten von Interesse“ (Variants of Interest, VOI) und „Varianten von Bedeutung“ (Variants of Concern, VOC) eingeteilt.

siehe auch [Variant under Monitoring](#)

Schwere akute respiratorische Infektion (SARI)

Schwere akute Atemwegserkrankung, die eine Hospitalisierung benötigt.

SARI wird anhand eines Syndroms bzw. einer Kombination von respiratorischen Diagnosen im Sentinel-Krankenhaus bei einer Patientin / einem Patienten festgestellt bzw. erhoben. Eine SARI-Patientin bzw. ein SARI-Patient ist im SARI-Krankenhaus-Sentinel definiert, wenn in der Haupt-Entlass-Diagnose oder der vorläufigen Hauptdiagnose mindestens ein ICD-10-Code aus den folgenden Diagnosegruppen erhoben wurde:

- J09 bis J11 (Influenza)
- J12 bis J18 (Pneumonie)
- J20 bis J22 (Bronchitis, Bronchiolitis und sonstige akute Infektionen der unteren Atemwege)

SEED^{ARE}-Modul

Komponente in einem Arztinformationssystem (Praxissoftware), die die SEED^{ARE}-Schnittstelle auf der Seite der Arztpraxis unterstützt und dazu dient, regelmäßig Daten zu ARE und Praxiskontakten zu exportieren und zu verschlüsseln. Die entstehende Datei kann dann von der teilnehmenden Praxis an das RKI gesendet werden.

SEED^{ARE}-System

Das Sentinel zur elektronischen Erfassung von Diagnosecodes akuter respiratorischer Erkrankungen ist ein Netzwerk aus primärversorgenden Arztpraxen in Deutschland. Diese senden wöchentlich über ihre Praxissoftware fallbasierte, pseudonymisierte Daten von gesetzlich versicherten Patientinnen und Patienten, für die mindestens ein ICD-10-Diagnosecode für akute respiratorische Erkrankungen kodiert wurde, verschlüsselt an das RKI. Der Vorteil liegt in der geringen Arbeitsbelastung für Ärztinnen und Ärzte bzw. das Praxispersonal bei der Erfassung der für die Surveillance genutzten Daten. Durch die Zeitnähe, die Stabilität und die Einfachheit der Datenübertragung hat sich dieses System zur Überwachung akuter Atemwegserkrankungen zum Beispiel im Rahmen saisonaler Grippe- und RSV-Wellen sowie der COVID-19-Pandemie bereits bewährt [2, 62, 91, 92].

Sentinel-Surveillance

In der Sentinel-Surveillance werden regelmäßig Daten zu bestimmten infektions-epidemiologischen Fragestellungen erhoben und bewertet, etwa zur aktuellen Verbreitung akuter respiratorischer Erkrankungen. Teilnehmer eines Sentinels sind z.B. Ärztinnen und Ärzte in Praxen oder Kliniken.

Sequenziertiefe

Die Sequenziertiefe beschreibt, wie oft einzelne Bereiche des Virusgenoms während der Sequenzierung gelesen werden. Werden dieselben Abschnitte mehrfach erfasst, können zufällige Fehler besser erkannt und ausgeglichen werden. Eine hohe Sequenziertiefe erhöht daher die Zuverlässigkeit der Ergebnisse und verbessert die Erkennung von Virusvarianten [65].

Sequenzierqualität

Die Sequenzierqualität beschreibt, wie zuverlässig die während der Sequenzierung bestimmten genetischen Informationen sind. Sie hängt unter anderem von der Qualität des Ausgangsmaterials, der Laboranalyse und der Vollständigkeit der erfassten Genomabschnitte ab. Eine hohe Sequenzierqualität ist Voraussetzung dafür, Viruslinien und genetische Veränderungen sicher zu identifizieren [65].

STIKO

Die Ständige Impfkommission (STIKO) beim Robert Koch-Institut ist ein unabhängiges, ehrenamtliches Expertengremium, das Impfempfehlungen für die Bevölkerung in Deutschland entwickelt.

siehe auch [Ständige Impfkommission](#)

Syndromische ARE-/SARI-Surveillance

Die syndromische Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) bzw. schwerer akuter Atemwegsinfektionen (SARI) informiert über die aktuelle Krankheitsschwere und -häufigkeit sowie den saisonalen Verlauf von akuten Atemwegserkrankungen. Dabei liegt der Fokus auf den Atemwegserkrankungen Influenza, COVID-19 und RSV-Erkrankungen. Dafür werden zeitnah erregerübergreifend akute Atemwegsinfektionen anhand von Symptomen bzw. Diagnosen systematisch in einer Stichprobe, etwa einem Netzwerk von Arztpraxen oder Kliniken (Sentinel), erfasst.

siehe auch [Sentinel-Surveillance](#)

Übersterblichkeit

siehe [Erreger-assoziierte Übersterblichkeit](#)

Untersterblichkeit

Im Übersterblichkeitsbericht des RKI werden modellierte Kurven gezeigt, die auf der Grundlage früherer Sterblichkeitsdaten berechnet werden, dies wird als Basiskurve bezeichnet. Die tatsächlich aufgetretene Sterblichkeit (Gesamtmortalität) wird mit dieser Basiskurve verglichen. Kommt es dabei zu einer geringeren Sterblichkeit als „üblich“, wird von einer Untersterblichkeit gesprochen.

siehe auch der Übersterblichkeitsbericht des RKI: https://robert-koch-institut.github.io/Bericht_zur_Uebersterblichkeit_in_Deutschland/#/

Virologische Surveillance

Die virologische Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) bzw. schwerer akuter Atemwegsinfektionen (SARI) liefert ergänzend zur syndromischen Surveillance Informationen über die aktuell in der Bevölkerung zirkulierenden Atemwegserregern. Dazu werden Atemwegsproben von etwa 800 Personen aus der Bevölkerung, ARE-Patientinnen und -Patienten aus mehr als 100 Arztpraxen sowie von SARI-Patientinnen und -Patienten aus 12 Kliniken eingesandt und am Robert Koch-Instituts auf unterschiedliche virale und zum Teil bakterielle Erreger (u.a. Influenzaviren, SARS-CoV-2, RSV) untersucht.

Viruslast, aggregierte (Abwasser)

Die Viruslast im Abwasser bezeichnet die gemessene Konzentration viraler Genom-Kopien pro Liter eines Erregers wie z. B. SARS-CoV-2, Influenzaviren oder RSV im Zulauf einer Kläranlage. Die aggregierte Viruslast bezeichnet die zusammengefasste und gewichtete Viruslast über mehrere Kläranlagenstandorte hinweg. Hierbei werden die Messwerte für jede Kläranlage zunächst auf Wochenbasis gemittelt, anschließend nach systematischen Standort- oder Laborunterschieden adjustiert, nach der Einwohnerzahl im Einzugsgebiet gewichtet und über alle Kläranlagen gemittelt. Nur Wochen, in denen mindestens 20 Standorte Daten liefern, werden in die Aggregation einbezogen.

Die aggregierten Werte werden anschließend statistisch geglättet (mittels LOESS-Verfahren), um ein stabiles bundesweites Trendbild der Viruszirkulation zu erzeugen. Für jeden Zeitpunkt werden punktweise Konfidenzintervalle unter Verwendung der t-Verteilung berechnet, um die Unsicherheit der Schätzungen zu quantifizieren.

siehe auch [RKI Open Data - Abwassersurveillance AMELAG](#)

[Abwassersurveillance AMELAG-Wochenbericht](#)

Variant under Monitoring

Der Begriff „Variant Under Monitoring“ (VUM) bezieht sich auf SARS-CoV-2-Varianten, die vorrangig Aufmerksamkeit und Überwachung durch die Gesundheitsbehörden erfordern, um diese Variante mit anderen zirkulierenden SARS-CoV-2-Varianten zu vergleichen und eine zusätzliche Gefahr für die globale öffentliche Gesundheit zu erkennen.

Tabellen

Tabelle 1: Eckdaten akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE): Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, dargestellt für den Sommer (21. KW – 39. KW 2025) sowie für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) in Deutschland. Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, ILI = influenza-like illness, KW = Kalenderwoche, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen	8
Tabelle 2: Anzahl der am ARE-Praxis-Sentinel des RKI teilnehmenden Ärztinnen und Ärzte sowie der Arztpraxen nach Fachrichtung und nach Datenübertragungsweg von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026. Datenstand: 2.6.2026.	15
Tabelle 3: Anzahl eingesandter Proben und Proben mit Virusnachweis der untersuchten viralen Atemwegs-erreger in der virologischen Surveillance pro Altersgruppe und gesamt für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026.....	20
Tabelle 4: Geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle, sowie Anteil der SARI-Fälle mit intensivmedizinischer Behandlung und Anteil an verstorbenen SARI-Fällen im SARI-Krankenhaus-Sentinel; jeweils nach Altersgruppe sowie für die Zeiträume Sommer (21. KW – 39. KW 2025, 19 Wochen) und Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026, 33 Wochen). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.....	25
Tabelle 5: Anzahl eingesandter Proben und Proben mit Virusnachweis der untersuchten viralen Atemwegserreger in der virologischen Surveillance pro Altersgruppe und gesamt für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026.....	30
Tabelle 6: Eckdaten der Influenza-Saison 2025/26: Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, der virologischen ARE-/SARI-Surveillance, der Abwassersurveillance sowie der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), dargestellt für den Zeitraum der Grippewelle (48. KW 2025 bis 10. KW 2026) und für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026). Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, KW = Kalenderwoche, MW = Meldewoche, NA = nicht anwendbar, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen.....	37
Tabelle 7: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle und der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10), Anteil an SARI-Fällen mit Influenza-Diagnose unter allen SARI-Fällen, Anteil Fälle mit Behandlung auf einer Intensivstation (ITS) unter SARI-Fällen mit Influenza-Diagnose; jeweils nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026); Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.....	46
Tabelle 8: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte Influenza-Todesfälle nach Altersgruppe in der Wintersaison 2025/26 (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C-E).	54
Tabelle 9: Kladen und Subkladen der Hämagglutinin-(HA-) und Neuraminidase-(NA-)Gene saisonaler Influenza A- und B-Viren. Die Subkladen-spezifischen Mutationen und die daraus abgeleiteten Aminosäuresubstitutionen sind relativ zu den Referenzviren A/Darwin/6/2021 (A(H3N2)), A/Wisconsin/588/2019 (A(H1N1)pdm09) und B/Brisbane/60/2008 (B/Victoria) dargestellt (Nextclade v3.21.2, Datenset Version 2026-04-14--11-55-23Z [19],	

https://clades.nextstrain.org/). *Entsprechend der WHO-Definition sind sieben Substitutionen charakteristisch für die Subklade K. Zusätzlich zu den genannten Substitutionen zählen hierzu HA1:T328A und HA2:S49N [20]).	56
Tabelle 10: Anteil der Hämagglutinin-(HA-) und Neuraminidase-(NA-)Subkladen sowie nachgewiesene HA/NA-Genotypen (Kombination der HA/NA-Subkladen) von Influenza A(H3N2)-Viren.	57
Tabelle 11: Anteil der Hämagglutinin-(HA-) und Neuraminidase-(NA-)Subkladen sowie nachgewiesene HA/NA-Genotypen (Kombination der HA/NA-Subkladen) von Influenza A(H1N1)pdm09-Viren.	58
Tabelle 12: Standardimpfung sowie Indikations-, Berufs- und Reiseimpfung für alle Altersgruppen zur Verhinderung der Influenza.	64
Tabelle 13: Influenza-, Influenza A(H1N1)pdm09- und Influenza A(H3N2)-Fälle sowie Kontrollen nach Impfstatus in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) für alle Altersgruppen im ambulanten Bereich.	66
Tabelle 14: Schätzung der Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza A(H3N2)- und Influenza A(H1N1)pdm09-Erkrankung in der Wintersaison 2023/24, 2024/25 und 2025/26 (40. KW – 20. KW) im ambulanten Bereich.	68
Tabelle 15: Influenza-, Influenza A(H1N1)pdm09- und Influenza A(H3N2)-Fälle sowie Kontrollen nach Impfstatus in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) für alle Altersgruppen im stationären Bereich.	69
Tabelle 16: Eckdaten von SARS-CoV-2 im Sommer 2025 und in der Wintersaison 2025/2026: Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, der virologischen ARE-Surveillance, der Abwassersurveillance sowie der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), dargestellt für den Sommerzeitraum (21. KW 2025 – 39. KW 2025) sowie die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, KW = Kalenderwoche, MW = Meldewoche, NA = nicht anwendbar, SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen.	80
Tabelle 17: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle und der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!), Anteil an SARI-Fällen mit COVID-19-Diagnose unter allen SARI-Fällen, Anteil Fälle mit Behandlung auf einer Intensivstation (ITS) unter SARI-Fällen mit COVID-19-Diagnose; jeweils nach Altersgruppen im Bezugszeitraum (Sommer und Wintersaison: 21. KW 2025 – 20. KW 2026); Daten aus 63 Sentinellkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.	86
Tabelle 18: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte COVID-19-Todesfälle nach Altersgruppe für den Sommer 2025 (21. MW – 39. MW) und die Wintersaison (40. MW 2025 – 20. MW 2026) (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C – E).	91
Tabelle 19: Eckdaten der RSV-Saison 2025/26: Indikatoren aus den Systemen der syndromischen ARE-/SARI-Surveillance, der virologischen ARE-/SARI-Surveillance, der Abwassersurveillance sowie der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG), dargestellt für den Zeitraum der RSV-Welle (2. KW 2026 bis 15. KW 2026) und für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026). Daten hochgerechnet für die Bevölkerung in Deutschland. ARE = akute respiratorische Erkrankungen, KW = Kalenderwoche, MW = Meldewoche, NA = nicht anwendbar, RSV = Respiratorische Synzytialviren, SARI = Schwere akute respiratorische Infektionen.	104
Tabelle 20: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle und der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0), Anteil an SARI-Fällen mit RSV-Diagnose unter allen SARI-Fällen, Anteil	

Fälle mit Behandlung auf einer Intensivstation (ITS) unter SARI-Fällen mit RSV-Diagnose; jeweils nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026); Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand:

2.6.2026..... 110

Tabelle 21: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte RSV-Todesfälle nach Altersgruppe in der Wintersaison 2025/26 (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C–E). 115

Abbildungen

Abbildung 1: Wöchentliche geschätzte ARE-Inzidenz in Deutschland pro 100.000 Einw. in der Saison 2025/26 (rote Linie) sowie in den beiden Vorsaisons. Zudem werden die ARE-Aktivitätsbereiche in den verschiedenen Grauabstufungen abgebildet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Saison 2025/26.

Datenstand: 2.6.2026..... 9

Abbildung 2: Geschätzte kumulierte ARE-Inzidenz, Anzahl an ARE-Erkrankungen sowie durchschnittliche Anzahl ARE nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Für die Berechnung der durchschnittlichen ARE pro Altersgruppe wurden nur GrippeWeb-Teilnehmende eingeschlossen, die an mindestens 90 % der Wochen im entsprechenden Zeitraum gemeldet haben. Datenstand: 2.6.2026. 10

Abbildung 3: Geschätzte kumulierte ILI-Inzidenz, Anzahl an ILI-Erkrankungen sowie durchschnittliche Anzahl ILI nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Für die Berechnung der durchschnittlichen ILI pro Altersgruppe wurden nur GrippeWeb-Teilnehmende eingeschlossen, die an mindestens 90 % der Wochen im entsprechenden Zeitraum gemeldet haben. Datenstand: 2.6.2026. 11

Abbildung 4: Anteil der GrippeWeb-Teilnehmenden (TN), die aufgrund ihrer ARE eine Arztpraxis aufgesucht haben, stratifiziert nach Altersgruppen und für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Datenstand: 2.6.2026..... 12

Abbildung 5: Positivenrate (in Prozent) der in den Zeiträumen A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) nachgewiesenen Atemwegserreger in GrippeWeb-Plus, stratifiziert nach Kindern (bis 14 Jahre) und Erwachsenen (ab 15 Jahre). Datenstand: 2.6.2026..... 13

Abbildung 6: Geschätzte ARE-Inzidenz (Linie) sowie der jeweilige Anteil der verschiedenen Erreger (Auswahl), der den ARE zuzuschreiben ist (Flächen), von der 21. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Dargestellt ist ein über fünf Wochen geglätteter Wert. Als horizontale Balken ist der Zeitraum der Grippewelle (dunkelblau) und RSV-Welle (hellblau; nach RKI-Definition) eingezeichnet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt die Jahreswechsel. Datenstand: 2.6.2026..... 14

Abbildung 7: Wöchentliche geschätzte ARE-Konsultationsinzidenz in Deutschland pro 100.000 Einw. in der Saison 2025/26 (rote Linie) sowie in den beiden Vorsaisons. Zudem werden die ARE-Aktivitätsbereiche in den verschiedenen Grauabstufungen abgebildet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Saison 2025/26. Datenstand: 2.6.2026..... 16

Abbildung 8: Geschätzte Anzahl der ARE-Erstkonsultationen nach Altersgruppen und gesamt für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Datenstand: 2.6.2026..... 17

Abbildung 9: Altersverteilung der verwendeten Diagnosegruppen akuter Atemwegserkrankungen (ARE) für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die Auswertungen basieren auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit

denen akute respiratorische Erkrankungen (ARE) anhand von ICD-10-Codes erhoben werden.

Datenstand: 2.6.2026.....18

Abbildung 10: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivenrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026. Der gestrichelte, senkrechte Strich markiert den Übergang des Sommers (21. KW – 39. KW 2025) in die Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Datenstand: 2.6.2026.....19

Abbildung 11: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivenrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) pro Altersgruppe für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026..... 23

Abbildung 12: Wöchentliche geschätzte SARI-Hospitalisierungsinzidenz in Deutschland pro 100.000 Einw. in der Saison 2025/26 (rote Linie) sowie in den beiden Vorsaisons. Zudem werden die SARI-Aktivitätsbereiche in den verschiedenen Grauabstufungen abgebildet. Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Saison 2025/26.

Daten aus 63 Sentinelkliniken. Datenstand: 2.6.2026.....24

Abbildung 13: Geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026, jeweils für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW; je 19 Wochen) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres; je 33 Wochen). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026..... 26

Abbildung 14: A) Wöchentliche geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle nach Altersgruppen, sowie B) Wöchentliche geschätzte Anzahl der neu im Krankenhaus aufgenommenen SARI-Fälle, kumuliert nach krankheitsspezifischen Diagnosen (COVID-19-Diagnose: ICD-10-Code U07.1!, Influenza-Diagnose: ICD-10-Code J10, RSV-Diagnose: ICD-10 Codes J12.1, J20.5, J21.0), sowie Mehrfachdiagnosen (zwei oder mehr dieser Diagnosen) und SARI-Gesamtzahl (schwarze Linie); 21. KW 2025 – 20. KW 2026. Der gestrichelte, senkrechte Strich markiert den Übergang des Sommers (21. KW – 39. KW 2025, 19 Wochen) in die Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026, 33 Wochen). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle und der hellblaue Balken den Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) in der Wintersaison 2025/26. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland, gerundet. Datenstand: 2.6.2026.....27

Abbildung 15: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivenrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026. Der gestrichelte, senkrechte Strich markiert den Übergang des

Sommers (21. KW – 39. KW 2025) in die Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Datenstand: 2.6.2026..... 29

Abbildung 16: Anzahl eingesandter Proben und Anteil der Nachweise für Influenza A- und B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivenrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) pro Altersgruppe für die Zeiträume A) Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und B) Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Datenstand: 2.6.2026..... 33

Abbildung 17: Vergleich der auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten geschätzten Influenza-ARE-Inzidenz (GrippeWeb-Plus-Teilnehmende mit laborbestätigtem Influenzavirus-Nachweis und ARE-Symptomatik; über fünf Wochen gemittelter Wert; linke y-Achse) sowie der aggregierten Influenza-Viruslast im Abwasser (rechte y-Achse) für Influenza A und B (oben), Influenza A (Mitte) und Influenza B (unten) von der 40. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der Grippewelle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet. Der Wechsel von der ersten zur zweiten AMELAG-Phase, der mit einer kleineren Anzahl an teilnehmenden Kläranlagen einherging, ist mit einer vertikalen, gestrichelten Linie gekennzeichnet..... 38

Abbildung 18: Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenzen für Influenza A- bzw. Influenza B-Virusfragmente. Die rote Kurve zeigt den Anteil der Abwasserproben, in denen Influenza-Genom oberhalb der Bestimmungsgrenze nachgewiesen wurde. Die grauen Säulen zeigen die Anzahl der untersuchten Proben. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der Grippewelle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet. 40

Abbildung 19: Positivenrate (in Prozent) von Influenzaviren aus GrippeWeb-Plus nach Altersgruppe für die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026). 41

Abbildung 20: ARE-Konsultationsinzidenz mit Influenzadiagnose (ICD-10-Diagnosecode J10) pro 100.000 Einw. und Positivenrate (in Prozent) der eingesandten Proben für Influenza A- und B-Viren von der 40. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Die Berechnung der Konsultationsinzidenz beruht auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit dem ARE anhand von ICD-10-Diagnosecodes erhoben werden. Die Positivenrate für Influenza A- und B-Viren beruht auf Daten von 148 Sentinelpraxen der *virologischen ARE-Surveillance*. 42

Abbildung 21: Geschätzte Anzahl der ARE-Erstkonsultationen mit Influenzadiagnose (ICD-10-Diagnosecode J10) in Deutschland, differenziert nach Altersgruppen und gesamt, für den Zeitraum der jeweiligen Wintersaison (40. KW bis 20. KW des Folgejahres)..... 43

Abbildung 22: A) Anzahl eingesandter Proben und Anteile der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen im Rahmen der virologischen ARE-Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die senkrechte durchgehende Linie markiert den Jahreswechsel. B) Prozentuale Verteilung der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen Influenzavirusnachweisen aus der virologischen ARE-Surveillance nach Altersgruppen in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). 45

Abbildung 23: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10) in Deutschland nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken

markiert den Zeitraum der Grippewelle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.	47
Abbildung 24: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10) in Deutschland nach Altersgruppen für die postpandemischen Wintersaisons 2023/24 bis 2025/26 (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.	47
Abbildung 25: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer Influenza-Diagnose (ICD-10-Code J10) (schwarze Linie) sowie der Anteil an Influenza-Diagnosen bei den SARI-Fällen (rote Linie) in den postpandemischen Jahren 2023 bis 2026 in Deutschland. Die schwarzen, senkrechten Striche zeigen den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der Grippewelle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026.	48
Abbildung 26: A) Anzahl eingesandter Proben und Anteile der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen im Rahmen der virologischen SARI-Surveillance eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die senkrechte durchgehende Linie markiert den Jahreswechsel. B) Prozentuale Verteilung der Nachweise von Influenza A(H1N1)pdm09-, A(H3N2)- und B-Viren an allen Influenzavirusnachweisen aus der virologischen SARI-Surveillance nach Altersgruppen in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026).	49
Abbildung 27: Während der Aktivität von Influenzaviren bzw. RSV beobachtete Übersterblichkeit, nach Altersgruppe, nach Sterbeort und für Deutschland gesamt, für die Saisons 2024/25 und 2025/26.	51
Abbildung 28: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte Influenzafälle nach Meldewoche in der Wintersaison	52
Abbildung 29: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte Influenza-Ausbrüche gesamt sowie für ausgewählte Settings in der Wintersaison 2025/26. Es wurden nur Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen gemäß Referenzdefinition (einschließlich klinisch epidemiologisch bestätigter Fälle der RKI-Falldefinitions-kategorien B – E) berücksichtigt. Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres.	53
Abbildung 30: Hämagglutinin (HA)/Neuraminidase (NA)-Genotypen (Kombinationen aus HA- und NA-Subkladen) der Influenza A(H3N2)-Viren von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026.	59
Abbildung 31: Hämagglutinin (HA)/Neuraminidase (NA)-Genotypen (Kombinationen aus HA- und NA-Subkladen) der Influenza A(H1N1)pdm09-Viren von der 21. KW 2025 bis zur 20. KW 2026.	59
Abbildung 32: Anteil (in Prozent) der Hämagglutinin-(HA-)Subkladen an Proben mit Influenza A(H1N1)pdm09- und A(H3N2)-Viren bei GrippeWeb-Plus, dem virologischen ARE-Praxis-Sentinel und dem SARI-Krankenhaus-Sentinel in dem Zeitraum von der 21. KW 2025 bis 20. KW 2026. Die Bestimmung der Subkladen erfolgte über Sequenzanalyse der HA-Gene via Nextclade (siehe Kapitel 4.3).	62
Abbildung 33: Schätzung der Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza-, Influenza A(H3N2)- und Influenza A(H1N1)pdm09-Erkrankung in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) im ambulanten Bereich.	67
Abbildung 34: Schätzung der Wirksamkeit der saisonalen Influenza-Impfung gegen eine laborbestätigte Influenza- Erkrankung sowie spezifisch gegen eine Influenza A(H3N2)-Erkrankung in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026) im stationären Bereich.	70
Abbildung 35: Vergleich der aus GrippeWeb berechneten COVID-19-Inzidenz (GrippeWeb-Teilnehmende mit einer neu aufgetretenen Atemwegserkrankung, die als Erregernachweis	

„SARS-CoV-2“ (laborbestätigt oder per Schnell-/Selbsttest) angegeben haben, linke y-Achse; nicht geglättet) mit der auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten geschätzten COVID-ARE-Inzidenz (GrippeWeb-Plus-Teilnehmende mit laborbestätigtem COVID-19-Nachweis und ARE-Symptomatik; über fünf Wochen gemittelter Wert; linke y-Achse) sowie der aggregierten SARS-CoV-2-Viruslast im Abwasser (rechte y-Achse; nicht geglättet). Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Der Wechsel von der ersten zur zweiten AMELAG-Phase, der mit einer kleineren Anzahl an teilnehmenden Kläranlagen einherging, ist mit einer vertikalen, gestrichelten Linie gekennzeichnet. 81

Abbildung 36: Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenzen für SARS-CoV-2-Fragmente. Die rote Kurve zeigt den Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenze. Die grauen Balken zeigen die Anzahl der untersuchten Proben. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. 83

Abbildung 37: Positivenrate (in Prozent) von SARS-CoV-2 aus GrippeWeb-Plus nach Altersgruppe für A) den Sommer 2025 (21. KW – 39. KW) und B) die Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026). 83

Abbildung 38: Konsultationsinzidenz für COVID-ARE pro 100.000 Einw. und Positivenrate (in Prozent) der eingesandten Proben für SARS-CoV-2 von der 21. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Die Berechnung der Konsultationsinzidenz beruht auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit denen ARE anhand von ICD-10-Diagnosecodes erhoben werden. Die Positivenrate für SARS-CoV-2 beruht auf Daten von 148 Sentinelpraxen der *virologischen ARE-Surveillance*. 84

Abbildung 39: Geschätzte Anzahl der ARE-Erstkonsultationen mit zusätzlicher COVID-19-Diagnose (ICD-10-Diagnosecode U07.1!, COVID-ARE-Erstkonsultationen) der postpandemischen Jahre 2023 bis 2026 in Deutschland, differenziert nach Altersgruppen und gesamt sowie für den Zeitraum A) Sommer (21. KW – 39. KW) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres). 85

Abbildung 40: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!) in Deutschland nach Altersgruppen im Bezugszeitraum 2025/26 (21. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026. 87

Abbildung 41: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!) in Deutschland nach Altersgruppen für die postpandemischen Jahre 2023 bis 2026, jeweils für den Zeitraum A) Sommer (21. KW – 39. KW; je 19 Wochen) und B) Wintersaison (40. KW – 20. KW des Folgejahres; je 33 Wochen); Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026. 88

Abbildung 42: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer COVID-19-Diagnose (ICD-10-Code U07.1!) (schwarze Linie) sowie der Anteil an COVID-19-Diagnosen bei den SARI-Fällen (gelbe Linie) in den postpandemischen Jahren 2023 bis 2026 in Deutschland. Die schwarzen, senkrechten Striche zeigen den Jahreswechsel. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026. 89

Abbildung 43: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte COVID-19-Fälle nach Meldewoche (21. MW 2025 – 20. MW 2026) und den zwei Vorjahreszeiträumen (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitions-kategorien C–E). Der gestrichelte senkrechte Strich markiert den Beginn der Wintersaison (40. MW). Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres. 90

Abbildung 44: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte COVID-19-Ausbrüche gesamt sowie für ausgewählte Settings von der 21. MW 2025 – 20. MW 2026. Es wurden nur Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen gemäß Referenzdefinition (einschließlich klinisch epidemiologisch bestätigter Fälle der RKI-Falldefinitions-kategorien B – E) berücksichtigt. Der gestrichelte

senkrechte Strich markiert den Saisonbeginn (40. MW). Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres. 92

Abbildung 45: Zeitliche Verteilung der Anzahl sequenzierter SARS-CoV-2-positiver Proben nach Probenentnahmedatum im Bezugszeitraum 21. KW 2025 bis 20. KW 2026 aus dem IMSSC2-Labornetzwerk (hellblaue Linie), dem virologischen ARE-Praxis-Sentinel (hellrote Linie), dem virologischen SARI-Krankenhaus-Sentinel (dunkelrote Linie) und GrippeWeb-Plus (violette Linie). Die SARS-CoV-2-Meldefälle gemäß IfSG sind als graue Balken dargestellt. Die senkrechte gestrichelte Linie markiert die Unterteilung des Zeitraums in Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026), die senkrechte durchgehende Linie den Jahreswechsel..... 93

Abbildung 46: Verteilung von SARS-CoV-2-Sequenzen und -Varianten in Deutschland im Bezugszeitraum 21. KW 2025 bis 20. KW 2026. A). Geografische Verteilung von SARS-CoV-2 Sequenzen aus dem ambulanten virologischen ARE-Sentinel und dem IMSSC2-Labornetzwerk im Sommer (21. KW 2025 – 39. KW 2025) und in der Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Die blaue Flächenfärbung kennzeichnet die kumulative Anzahl der SARS-CoV-2 positiven Proben im Zeitraum nach dreistelliger Postleitzahlregion des Wohnortes der Patienten und Patientinnen. B) Zeitliche Verteilung der Anteile von SARS-CoV-2-Linien aus dem ambulanten virologischen ARE-Sentinel und dem IMSSC2-Labornetzwerk. Für die 15. KW 2026 standen keine SARS-CoV-2-Sequenzen zur Verfügung. Die senkrechte gestrichelte Linie markiert die Unterteilung des Zeitraums in Sommer (21. KW – 39. KW 2025) und Wintersaison (40. KW 2025 – 20. KW 2026), die senkrechte durchgehende Linie den Jahreswechsel..... 94

Abbildung 47: Anzahl der sequenzierten SARS-CoV-2-positiven Proben aus dem ARE-Sentinel und IMSSC2-Labornetzwerk nach Altersgruppe (graue Balken, linke y-Achse) sowie Anteil der Proben mit einem Nachweis der SARS-CoV-2-Varianten XFG, NB.1.8.1 und BA.3.2 (Linien, rechte y-Achse) im Bezugszeitraum 21. KW 2025 bis 20. KW 2026. 95

Abbildung 48: Vergleich der relativen SARS-CoV-2-Linienanteile zwischen Proben des AMELAG-Abwassermonitorings und Proben des IMSSC2-Labornetzwerks einschließlich der virologischen ARE-Surveillance im Zeitraum von KW 21/2025 bis KW 20/2026. Die oberen Balken zeigen die mittleren Linienanteile aus Abwasserproben des AMELAG-Projekts. Grundlage sind 24-Stunden-Mischproben aus vier Kläranlagenstandorten in Deutschland; dargestellt ist jeweils der Mittelwert aller Standorte pro Kalenderwoche. Die unteren Balken zeigen die entsprechenden Linienanteile aus den IMSSC2- und ARE-Proben. Beide Datensätze wurden mit dem bioinformatischen Tool Freyja analysiert, wodurch eine methodisch einheitliche Analyse beider Probenarten ermöglicht und der direkte Vergleich zwischen Abwasser- und IMSSC2-/ARE-Proben erleichtert wird. Dies unterscheidet sich von der separaten Darstellung der IMSSC2- und ARE-Daten (vgl. Abbildung 46B), bei der die Linienzuordnung auf Pangolin-Analysen einzelner rekonstruierter SARS-CoV-2-Genome basiert. Die Zahlen oberhalb bzw. unterhalb der Balken geben die Anzahl der in der jeweiligen Kalenderwoche verfügbaren und qualitätsgeprüften Proben an. Dargestellt sind ausgewählte SARS-CoV-2-Linien; nicht gesondert ausgewiesene oder nicht eindeutig zuordenbare Anteile wurden unter der Kategorie „Andere“ zusammengefasst..... 96

Abbildung 49: Anteil der am häufigsten sequenzierten SARS-CoV-2-Varianten XFG, NB.1.8.1, BA.3.2, inklusive der jeweiligen Sublinien der Variante aus dem virologischen SARI-Sentinel (SARI), dem IMSSC2-Labornetzwerk (IMSSC2), dem virologischen ARE-Sentinel (ARE), und aus GrippeWeb-Plus. Alle Sublinien, die nicht den oben aufgeführten Varianten zuzuordnen sind, werden in der Kategorie „Andere“ zusammengefasst. Aus dem IMSSC2-Labornetzwerk stammen insgesamt 2.161 Genomsequenzen, aus dem virologischen ARE-Sentinel 281, der virologischen SARI-Surveillance 84

und aus GrippeWeb-Plus 56 SARS-CoV-2 Genomsequenzen. Im Rahmen von AMELAG wurden zusätzlich 84 Abwasserproben sequenziert. 98

Abbildung 50: Vergleich der auf Basis der GrippeWeb-Plus-Daten geschätzten RSV-ARE-Inzidenz (GrippeWeb-Plus-Teilnehmende mit laborbestätigtem RSV-Nachweis und ARE-Symptomatik; über fünf Wochen gemittelter Wert; linke y-Achse) sowie der aggregierten RSV-Viruslast im Abwasser (rechte y-Achse) für RSV A und B (oben), RSV A (Mitte) und RSV B (unten). Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet. 105

Abbildung 51: Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenzen für RSV-Genomfragmente. Die rote Kurve zeigt den Anteil der Abwasserproben oberhalb der Bestimmungsgrenze. Die grauen Balken zeigen die Anzahl der untersuchten Proben. Der schwarze senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. Als horizontaler blauer Balken wurde der Zeitraum der RSV-Welle (nach RKI-Definition) gekennzeichnet. 106

Abbildung 52: Positivenrate (in Prozent) von RSV aus GrippeWeb-Plus nach Altersgruppe in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 bis 20. KW 2026). 107

Abbildung 53: Konsultationsinzidenz für RSV-Erkrankungen (ICD-10-Diagnosecodes J12.1, J20.5 und J21.0) pro 100.000 Einw. und Positivenrate (in Prozent) der eingesandten Proben für RSV in der Altersgruppe 0 bis 4 Jahre von der 40. KW 2023 bis zur 20. KW 2026. Die Berechnung der Konsultationsinzidenz beruht auf den fallbasierten Daten des SEED^{ARE}-Systems, mit denen ARE anhand von ICD-10-Diagnosecodes erhoben werden. Die Positivenrate für RSV beruht auf Daten von 148 Sentinelpraxen der virologischen ARE-Surveillance. 108

Abbildung 54: Geschätzte Anzahl der Erstkonsultationen mit RSV-Diagnose (ICD-10-Diagnosecodes J12.1, J20.5 oder J21.0) in Deutschland, differenziert nach Altersgruppen und gesamt für den Zeitraum der jeweiligen Wintersaison (40. KW bis 20. KW des Folgejahres). 109

Abbildung 55: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0) in Deutschland nach Altersgruppen in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026). Der schwarze, senkrechte Strich zeigt den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der RSV-Welle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026. 111

Abbildung 56: Geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0) in Deutschland nach Altersgruppen für die postpandemischen Wintersaisons 2023/24 bis 2025/26 (40. KW – 20. KW des Folgejahres). Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026. 112

Abbildung 57: Wöchentliche geschätzte Anzahl der SARI-Fälle mit einer RSV-Diagnose (ICD-10-Codes J12.1, J20.5, J21.0) (schwarze Linie) sowie der Anteil an RSV-Diagnosen bei den SARI-Fällen (blaue Linie) in den postpandemischen Jahren 2023 bis 2026 in Deutschland. Die schwarzen, senkrechten Striche zeigen den Jahreswechsel. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der RSV-Welle. Daten aus 63 Sentinelkliniken, hochgerechnet auf die Bevölkerung in Deutschland. Datenstand: 2.6.2026. 113

Abbildung 58: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte RSV-Fälle nach Meldewoche in der Wintersaison 2025/26 und den zwei Vorsaisons (alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen der RKI-Falldefinitionskategorien C–E). Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres. Der dunkelblaue Balken markiert den Zeitraum der RSV-Welle. 114

Abbildung 59: Gemäß IfSG an das RKI übermittelte RSV-Ausbrüche gesamt sowie für ausgewählte Settings in der Wintersaison 2025/26. Es wurden nur Ausbrüche mit mindestens fünf Fällen gemäß Referenzdefinition (einschließlich klinisch epidemiologisch bestätigter Fälle der RKI-

Falldefinitions-kategorien B – E) berücksichtigt. Der senkrechte Strich markiert die 1. MW des Jahres..... 116

Abbildung 60: Phylogenetische Einordnung von RSV-A-Sequenzen (farbige Kreise) aus Proben des ARE-Praxis- und SARI-Krankenhaus-Sentinels in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) auf Grundlage einer Nextclade-Analyse [78]. Die Farben kennzeichnen die zugewiesene Linie (Clade), blass dargestellte Äste die übrigen Referenzsequenzen. Die x-Achse zeigt die Divergenz in Substitutionen pro Position. Visualisierung mit Auspice/Nextstrain [79]......117

Abbildung 61: Phylogenetische Einordnung von RSV-B-Sequenzen (farbige Kreise) aus Proben des ARE-Praxis- und SARI-Krankenhaus-Sentinels in der Wintersaison 2025/26 (40. KW 2025 – 20. KW 2026) auf Grundlage einer Nextclade-Analyse [78]. Die Farben kennzeichnen die zugewiesene Linie (Clade), blass dargestellte Äste die übrigen Referenzsequenzen. Die x-Achse zeigt die Divergenz in Substitutionen pro Position, nicht maßstabsgleich zu Abbildung 46. Visualisierung mit Auspice/Nextstrain [79]. 118

Literaturverzeichnis

- 1 World Health Organization: (2023). Statement on the fifteenth meeting of the IHR (2005) Emergency Committee on the COVID-19 pandemic; [https://www.who.int/news/item/05-05-2023-statement-on-the-fifteenth-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-\(covid-19\)-pandemic](https://www.who.int/news/item/05-05-2023-statement-on-the-fifteenth-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-coronavirus-disease-(covid-19)-pandemic)
- 2 Krupka S, Wunderlich J, Tolksdorf K: Krankheitslast akuter Atemwegserkrankungen im ambulanten Bereich nach dem Ende der COVID-19-Pandemie. *Epidemiologisches Bulletin* 2025;31:3–13. DOI 10.25646/13339
- 3 Lehfeld A-S, Buchholz U, Prahm K, *et al.*: Symptomprofile, Erkrankungsraten und Sequenzierung der häufigsten Atemwegserreger auf Bevölkerungsebene. *Epidemiologisches Bulletin* 2025;35:14–29. DOI 10.25646/13390
- 4 Gvaladze T, Buda S, Schuler E, *et al.*: Krankheitslast von schweren akuten Atemwegserkrankungen (SARI) in der Saison 2023/24 im Vergleich mit acht Vorsaisons in Deutschland. *Epidemiologisches Bulletin* 2024;41:3–12. DOI 10.25646/12879
- 5 Staat D, Schuler E, Tolksdorf K: Krankheitslast von schweren akuten Atemwegserkrankungen (SARI) in der Saison 2024/25 im stationären Bereich. *Epidemiologisches Bulletin* 2025;31:14–23. DOI 10.25646/13338
- 6 Bayer C, Remschmidt C, an der Heiden M, *et al.*: Internet-based syndromic monitoring of acute respiratory illness in the general population of Germany, weeks 35/2011 to 34/2012. *Eurosurveillance* 2014;19:4. DOI 10.2807/1560-7917.es2014.19.4.20684
- 7 Jain S, Self WH, Wunderink RG, *et al.*: Community-acquired pneumonia requiring hospitalization among U.S. adults. *The New England Journal of Medicine* 2015;373;5:415–427. DOI 10.1056/NEJMoa1500245
- 8 Jain S, Williams DJ, Arnold SR, *et al.*: Community-acquired pneumonia requiring hospitalization among U.S. children. *The New England Journal of Medicine* 2015;372;9:835–845. DOI 10.1056/NEJMoa1405870
- 9 Tolksdorf K, Buda S, Schuler E, *et al.*: Schwereereinschätzung von COVID-19 mit Vergleichsdaten zu Pneumonien aus dem Krankenhaus-sentinel für schwere akute Atemwegserkrankungen am RKI (ICOSARI). *Epidemiologisches Bulletin* 2020;2020;14:3–9. DOI 10.25646/6601
- 10 World Health Organization: (2024). Pandemic influenza severity assessment (PISA): a WHO guide to assess the severity of influenza in seasonal epidemics and pandemics, second edition; <https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/30d73208-215a-48b0-aa97-33a8278e78b8/content>
- 11 Mao L, Lehfeld A-S, Cai W, *et al.*: Saisonrückblick 2024/25 zu COVID-19, Influenza und RSV-Infektionen auf Grundlage der IfSG-Meldedaten – Ausbruchsgeschehen, Hospitalisierungen und Todesfälle im Fokus. *Epidemiologisches Bulletin* 2025;41:3–14. DOI 10.25646/13477
- 12 European Centre for Disease Prevention and Control: (2025). Threat assessment brief – Assessing the risk of influenza for the EU/EEA in the context of increasing circulation of A(H3N2) subclade K; <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Threat%20Assessment%20Brief%20-%20Assessing%20the%20risk%20of%20increasing%20circulation%20of%20A%28H3N2%29%20subclade%20K.pdf>
- 13 World Health Organization: (2026). Global Respiratory Virus Activity: Weekly Update N° 579; <https://www.who.int/publications/m/item/global-respiratory-virus-activity--weekly-update-n--579>
- 14 World Health Organization: Seasonal influenza: update on the current situation in the northern hemisphere. 2026 <https://www.who.int/news-room/events/detail/2026/02/04/default-calendar/seasonal-influenza-update-on-the-current-situation-in-the-northern-hemisphere>
- 15 Robert Koch-Institut: (2026). Bericht zur Übersterblichkeit in Deutschland; https://robert-koch-institut.github.io/Bericht_zur_Uebersterblichkeit_in_Deutschland/#/
- 16 Erdwiens A, Hackmann C, Preuß U, *et al.*: Virologische ARE- und SARI-Surveillance – Zirkulation von Atemwegsviren in der Saison 2024/25. *Epidemiologisches Bulletin* 2025;35:30–41. DOI 10.25646/13389
- 17 Egeskov-Cavling AM, Hansen CL, Johannesen CK, *et al.*: Excess mortality and hospitalisations associated with respiratory syncytial virus, influenza, and COVID-19 among adults in Denmark (2015–2024): a modelling study. *The Lancet Regional Health Europe* 2025;55:101396. DOI 10.1016/j.lanepe.2025.101396
- 18 Koel BF, Burke DF, Bestebroer TM, *et al.*: Substitutions near the receptor binding site determine major antigenic change during influenza virus evolution. *Science* 2013;342;6161:976–979. DOI 10.1126/science.1244730
- 19 Hadfield J, Megill C, Bell SM, *et al.*: Nextstrain: real-time tracking of pathogen evolution. *Bioinformatics* 2018;34;23:4121–4123. DOI 10.1093/bioinformatics/bty407

- 20 World Health Organization: (2026). Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2026–2027 northern hemisphere influenza season; <https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2026-2027-northern-hemisphere-influenza-season>
- 21 European Centre for Disease Prevention and Control. European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVISS). <https://erviss.org/> [Abrufdatum: 30.06.2026]
- 22 Duwe S, Naneh, M., Milde, J., Dürrwald, R.: Increased circulation of influenza A(H1N1)pdm09 influenza viruses with reduced susceptibility to oseltamivir, Germany 2024-2026. submitted 2026.
- 23 Duwe SC, Schmidt B, Gärtner BC, *et al.*: Prophylaxis and treatment of influenza: options, antiviral susceptibility, and existing recommendations. *GMS Infectious Diseases* 2021;9:Doc02. DOI 10.3205/id000071
- 24 Duwe SC, Milde J, Heider A, *et al.*: Increase of synergistic secondary antiviral mutations in the evolution of A(H1N1)pdm09 influenza virus neuraminidases. *Viruses* 2024;16;7. DOI 10.3390/v16071109
- 25 Oh DY, Milde J, Ham Y, *et al.*: Preparing for the Next Influenza Season: Monitoring the Emergence and Spread of Antiviral Resistance. *Infection and Drug Resistance* 2023;16:949–959. DOI 10.2147/idr.S389263
- 26 Ständige Impfkommision beim Robert Koch-Institut: Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2026. *Epidemiologisches Bulletin* 2026;4:1–79. DOI 10.25646/13636.6
- 27 World Health Organization: Influenza season underway across the WHO European Region: WHO calls for vigilance and vaccination. 2026 <https://www.who.int/europe/news/item/25-11-2025-influenza-season-underway-across-the-who-european-region-who-calls-for-vigilance-and-vaccination>
- 28 Pan American Health Organization / World Health Organization: (2026). Epidemiological alert: seasonal influenza and other respiratory viruses in the southern hemisphere; <https://www.paho.org/sites/default/files/2026/04/2026-april-27-phe-epi-alert-influenza-rsv-engfinal.pdf>
- 29 European Centre for Disease Prevention and Control: (2026). Communicable disease threats report, 16 – 22 May 2026, week 21; <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Communicable-disease-threats-report-week-21-2026.pdf>
- 30 FluWatch+ surveillance program: (2026). Canadian respiratory virus surveillance report; <https://health-infobase.canada.ca/respiratory-virus-surveillance/influenza.html>
- 31 US Center for Disease Control and Prevention: (2026). Weekly US Influenza Surveillance Report: Key Updates for Week 20, ending May 23, 2026; <https://www.cdc.gov/fluview/surveillance/2026-week-20.html>
- 32 Starick E, Beer M, Hoffmann B, *et al.*: Phylogenetic analyses of highly pathogenic avian influenza virus isolates from Germany in 2006 and 2007 suggest at least three separate introductions of H5N1 virus. *Veterinary Microbiology* 2008;128;3-4:243–252. DOI 10.1016/j.vetmic.2007.10.012
- 33 Cai W, Schweiger B, Buchholz U, *et al.*: Protective measures and H5N1-seroprevalence among personnel tasked with bird collection during an outbreak of avian influenza A/H5N1 in wild birds, Ruegen, Germany, 2006. *BMC Infectious Diseases* 2009;9:170. DOI 10.1186/1471-2334-9-170
- 34 Friedrich-Loeffler-Institut. 20 Jahre Vogelgrippe „H5N1“ in Deutschland – Forschung und Monitoring bleiben zentral. <https://www.fli.de/de/aktuelles/kurznachrichten/neues-einzelansicht/20-jahre-vogelgrippe-h5n1-in-deutschland-forschung-und-monitoring-bleiben-zentral/>
- 35 Gupta N, Grobusch MP, Drexler JF, *et al.*: Endemic avian influenza landscape in Asia: sustained zoonotic risks. *Infection* 2026;54;1:85–102. DOI 10.1007/s15010-025-02681-y
- 36 Peacock TP, Moncla L, Dudas G, *et al.*: The global H5N1 influenza panzootic in mammals. *Nature* 2025;637;8045:304–313. DOI 10.1038/s41586-024-08054-z
- 37 Uhart MM, Vanstreels RET, Nelson MI, *et al.*: Epidemiological data of an influenza A/H5N1 outbreak in elephant seals in Argentina indicates mammal-to-mammal transmission. *Nature Communications* 2024;15;1:9516. DOI 10.1038/s41467-024-53766-5
- 38 EFSA Panel on Animal Health and Welfare, Alvarez J, Boklund AE, *et al.*: Risk of infection of dairy cattle in the EU with highly pathogenic avian influenza virus affecting dairy cows in the United States of America (H5N1, Eurasian lineage goose/Guangdong clade 2.3.4.4b, genotype B3.13). *EFSA Journal* 2025;23;12:e9801. DOI 10.2903/j.efsa.2025.9801
- 39 Rolfes MA, Kniss K, Kirby MK, *et al.*: Human infections with highly pathogenic avian influenza A(H5N1) viruses in the United States from March 2024 to May 2025. *Nature Medicine* 2025;31;11:3889–3898. DOI 10.1038/s41591-025-03905-2
- 40 US Center for Disease Control and Prevention. A(H5) bird flu: current situation. <https://www.cdc.gov/bird-flu/situation-summary/index.html> [Abrufdatum: 10.06.2026]
- 41 Friedrich-Loeffler-Institut. Drastischer Anstieg von Geflügelpestausbüchen – Keine Entspannung in Sicht. <https://www.fli.de/de/aktuelles/kurznachrichten/neues-einzelansicht/drastischer-anstieg-von-gefluegelpestausbuechen-keine-entspannung-in-sicht/> [Abrufdatum: 02.06.2026]

- 42 European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control, European Union Reference Laboratory for Avian Influenza, *et al.*: Avian influenza overview September–November 2025. EFSA Journal 2025;23;12:e9834. DOI 10.2903/j.efsa.2025.9834
- 43 Günther A, Herrmann C, Sehl-Ewert J, *et al.*: Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) clade 2.3.4.4b virus and mass mortality in Eurasian cranes, Germany, 2025. Emerging Infectious Diseases 2026;32;5:779–783. DOI 10.3201/eid3205.260170
- 44 European Food Safety Authority. Avian influenza cases fall in the EU during the spring. <https://www.efsa.europa.eu/en/news/avian-influenza-cases-fall-eu-during-spring> [Abrufdatum: 09.09.2026]
- 45 Wang TT, Parides MK, Palese P: Seroevidence for H5N1 influenza infections in humans: meta-analysis. Science 2012;335;6075:1463. DOI 10.1126/science.1218888
- 46 Dawood FS, Garg S, Patel P, *et al.*: Asymptomatic human infections with avian influenza A(H5N1) virus confirmed by molecular and serologic testing: a scoping review. JAMA Network Open 2025;8;10:e2540249. DOI 10.1001/jamanetworkopen.2025.40249
- 47 Leonard J, Harker EJ, Szablewski CM, *et al.*: Notes from the field: Seroprevalence of highly pathogenic avian influenza A(H5) virus infections among bovine veterinary practitioners – United States, September 2024. Morbidity and Mortality Weekly Report (MMWR) 2025;74;4:50–52. DOI 10.15585/mmwr.mm7404a2
- 48 Kuiken T, Fouchier R, Rimmelzwaan G, *et al.*: Pigs, poultry, and pandemic influenza: how zoonotic pathogens threaten human health. Advances in Experimental Medicine and Biology 2011;719:59–66. DOI 10.1007/978-1-4614-0204-6_6
- 49 US Center for Disease Control and Prevention. Reported human infections with avian influenza A viruses. <https://www.cdc.gov/bird-flu/php/surveillance/reported-human-infections.html> [Abrufdatum: 24.09.2026]
- 50 US Center for Disease Control and Prevention. Global human cases with avian influenza A(H5N1), 1997–2026. <https://www.cdc.gov/bird-flu/php/surveillance/chart-epi-curve-ah5n1.html> [Abrufdatum: 09.09.2026]
- 51 World Health Organization. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003–2026, 8 May 2026. <https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza/avian-a-h5n1-virus> [Abrufdatum: 03.06.2026]
- 52 World Health Organization: Avian Influenza A(H9N2) - Italy: DON597. 2026 <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON597>
- 53 Dressler A, Wagner-Wiening C, Tegtmeyer B, *et al.*: Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) in poultry and domestic cats and occupational exposure among veterinary and other first responders, Germany, February 2026. Eurosurveillance 2026;31;17. DOI 10.2807/1560-7917.ES.2026.31.17.2600293
- 54 Food and Agriculture Organization, World Organisation for Animal Health, World Health Organization: Standardization of terminology for the influenza virus variants infecting humans: Update. 2014 https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/global-influenza-surveillance-and-response-system/nomenclature/standardization_of_terminology_influenza_virus_variants_update.pdf?sfvrsn=d201f1d5_6
- 55 Chastagner A, Herve S, Bonin E, *et al.*: Spatiotemporal Distribution and Evolution of the A/H1N1 2009 Pandemic Influenza Virus in Pigs in France from 2009 to 2017: Identification of a Potential Swine-Specific Lineage. Journal of Virology 2018;92;24. DOI 10.1128/JVI.00988-18
- 56 Nelson MI, Vincent AL: Reverse zoonosis of influenza to swine: new perspectives on the human-animal interface. Trends in Microbiology 2015;23;3:142–153. DOI 10.1016/j.tim.2014.12.002
- 57 Buda S, Haas W, Baillot A, *et al.*: Influenza: Humane Fälle mit Infektion durch Schweineinfluenzaviren. Epidemiologisches Bulletin 2011;39/2011;ISSN 1430-0265. DOI 10.25646/4525
- 58 European Centre for Disease Prevention and Control: (2025). Communicable disease threats report, 20 – 26 September 2025, week 39; <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/communicable-disease-threats-report-20-26-september-2025-week-39>
- 59 World Health Organization: (2026). WHO COVID-19 Global Risk Assessment – Version 9; https://cdn.who.int/media/docs/default-source/sage-2026/20260203_covid-19-risk-assessment_global_v9.pdf
- 60 Liu Y, Wang X, Li M, *et al.*: Interactions of SARS-CoV-2, influenza and respiratory syncytial virus influence epidemic timing and risk. Communications Medicine 2026;6;1. DOI 10.1038/s43856-026-01504-x
- 61 Gilbert-Girard S, Piret J, Carboneau J, *et al.*: Viral interference between severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 and influenza A viruses. PLoS Pathog 2024;20;7:e1012017. DOI 10.1371/journal.ppat.1012017
- 62 Goerlitz L, Cai W, Tolksdorf K, *et al.*: ICD-10-Code-basierte syndromische Surveillance akuter Atemwegserkrankungen mit COVID-19 im ambulanten Bereich. Epidemiologisches Bulletin 2021;30:3–10. DOI 10.25646/8849
- 63 Zhang L, Hoffmann M, Pohlmann S: Does BA.3.2 epidemiology imply a change in SARS-CoV-2 evolution? The Lancet Infectious Diseases 2026;26;6:555–557. DOI 10.1016/S1473-3099(26)00192-1

- 64 Wu M, Hong H, Guo Y, *et al.*: SARS-CoV-2 BA.3.2.2 is more evasive of neutralization by sera from young children. *bioRxiv* 2026.
- 65 Karthikeyan S, Levy JI, De Hoff P, *et al.*: Wastewater sequencing reveals early cryptic SARS-CoV-2 variant transmission. *Nature* 2022;609;7925:101–108. DOI 10.1038/s41586-022-05049-6
- 66 Munteanu V, Saldana MA, Dreifuss D, *et al.*: SARS-CoV-2 wastewater genomic surveillance: approaches, challenges, and opportunities. *Genome Biology* 2026;27;1:1. DOI 10.1186/s13059-025-03927-6
- 67 World Health Organization: (2025). Statement on the antigen composition of COVID-19 vaccines; <https://www.who.int/news/item/15-05-2025-statement-on-the-antigen-composition-of-covid-19-vaccines>
- 68 European Centre for Disease Prevention and Control. SARS-CoV-2 variants of concern as of 28 August 2026. <https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19/variants-concern> [Abrufdatum: 25.09.2026]
- 69 World Health Organization: (2025). Global Respiratory Virus Activity: Weekly Update N° 550; https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/influenza-updates/2025/202542_who-respiratory-virus-update_550.pdf
- 70 World Health Organization: WHO COVID-19 dashboard. 2026 <https://data.who.int/dashboards/covid19/circulation>
- 71 World Health Organization: (2025). Strategic plan for coronavirus disease threat management: advancing integration, sustainability, and equity, 2025–2030; <https://www.who.int/publications/i/item/9789240117662>
- 72 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 and Other Respiratory Viruses* 2022;16;5:854–857. DOI 10.1111/irv.12996
- 73 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. *Epidemiologisches Bulletin* 2024;26:3–29. DOI 10.25646/12198
- 74 Cai W, Maronde I, Köndgen S, *et al.*: Reduction in respiratory syncytial virus (RSV)-related outpatient and inpatient cases among infants during the initial 2024/2025 season following nirsevimab recommendation in Germany. *Influenza and Other Respiratory Viruses* 2026;20;6:e70274. DOI 10.1111/irv.70274
- 75 Schönfeld V, Rau C, Cai W, *et al.*: Inzidenz von RSV-Infektionen nach Einführung der Prophylaxe mit monoklonalen Antikörpern. *Deutsches Ärzteblatt International* 2025;122;17:472–473. DOI 10.3238/arztebl.m2025.0111
- 76 Cai W, Tolksdorf K, Hirve S, *et al.*: Evaluation of using ICD-10 code data for respiratory syncytial virus surveillance. *Influenza and Other Respiratory Viruses* 2020;14;6:630–637. DOI 10.1111/irv.12665
- 77 Cai W, Maronde I, Köndgen S, *et al.*: Reduction in respiratory syncytial virus (RSV)-related outpatient and inpatient cases among infants during the initial 2024/2025 season following nirsevimab recommendation in Germany. *Influenza Other Respir Viruses* 2026;20;6:e70274. DOI 10.1111/irv.70274
- 78 Neher RA, Huddleston J, Bedford T, *et al.*: Nomenclature for tracking of genetic variation of seasonal influenza viruses. *Influenza and Other Respiratory Viruses* 2026;20;2:e70230. DOI 10.1111/irv.70230
- 79 Nextstrain team. RSV-A phylogeny. <https://nextstrain.org/rsv/> [Abrufdatum: 24.07.2026]
- 80 Ständige Impfkommision beim Robert Koch-Institut: Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2025. *Epidemiologisches Bulletin* 2025;4:1–75. DOI 10.25646/12971.2
- 81 European Centre for Disease Prevention and Control: (2025). Rapid scientific advice on protecting infants against respiratory syncytial virus disease for the European 2025/26 winter season; <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RSA-winter-season.pdf>
- 82 World Health Organization. Respiratory syncytial virus (RSV). [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/respiratory-syncytial-virus-\(rsv\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/respiratory-syncytial-virus-(rsv)) [Abrufdatum: 15.09.2026]
- 83 World Health Organization: (2026). Global Respiratory Virus Activity: Weekly Update N° 556; <https://www.who.int/publications/m/item/global-respiratory-virus-activity--weekly-update-n--566>
- 84 US Center for Disease Control and Prevention: The National Respiratory and Enteric Virus Surveillance System (NREVSS) Dashboard. 2026 https://www.cdc.gov/nrevss/php/dashboard/index.html#cdc_tools_technologies_features-nrevss-dashboard
- 85 Uphoff H, Buchholz U, Lang A, *et al.*: Zur Schätzung der Konsultationsinzidenz akuter respiratorischer Erkrankungen aus Praxisdaten. *Bundesgesundheitsblatt - Gesundheitsforschung - Gesundheitsschutz* 2004;47;3:279–287. DOI 10.1007/s00103-003-0768-1
- 86 McAuley JL, Gilbertson BP, Trifkovic S, *et al.*: Influenza virus neuraminidase structure and functions. *Frontiers in Microbiology* 2019;10:39. DOI 10.3389/fmicb.2019.00039
- 87 de Vries E, Du W, Guo H, *et al.*: Influenza A virus hemagglutinin-neuraminidase-receptor balance: preserving virus motility. *Trends in Microbiology* 2020;28;1:57–67. DOI 10.1016/j.tim.2019.08.010

- 88 Rambaut A, Holmes EC, O'Toole Á, *et al.*: A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nature Microbiology* 2020;5;11:1403–1407. DOI 10.1038/s41564-020-0770-5
- 89 O'Toole Á, Scher E, Underwood A, *et al.*: Assignment of epidemiological lineages in an emerging pandemic using the pangolin tool. *Virus Evolution* 2021;7;2:veab064. DOI 10.1093/ve/veab064
- 90 Duwe S, Oh DY, Wedde M, *et al.*: Atypical influenza A(H3N2) activity patterns in Germany, 2021-2023, and characterization of newly emerged virus clades. *Journal of Medical Virology* 2025;97;8:e70530. DOI 10.1002/jmv.70530
- 91 Köpke K, Prahm K, Buda S, *et al.*: Evaluation einer ICD-10-basierten elektronischen Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (SEED^{ARE}) in Deutschland. *Bundesgesundheitsblatt - Gesundheitsforschung - Gesundheitsschutz* 2016;59;11:1484–1491. DOI 10.1007/s00103-016-2454-0
- 92 Cai W, Köndgen S, Tolksdorf K, *et al.*: Atypical age distribution and high disease severity in children with RSV infections during two irregular epidemic seasons throughout the COVID-19 pandemic, Germany, 2021 to 2023. *Euro Surveill* 2024;29;13:2300465. DOI 10.2807/1560-7917.Es.2024.29.13.2300465

Danksagungen

Wir bedanken uns bei allen GrippeWeb-Teilnehmenden für ihre wöchentlichen Meldungen. Ebenso danken wir den an der syndromischen ARE-Surveillance im Praxis-Sentinel teilnehmenden Arztpraxen für ihre wöchentlichen Meldungen.

Wir danken den Helios-Kliniken GmbH, Berlin, für die langjährige, erfolgreiche Kooperation und die vertrauensvolle Zusammenarbeit im Rahmen der syndromischen SARI-Krankenhaus-Surveillance ICOSARI, insbesondere Herrn Florian Hammerschmidt für die Datenbereitstellung.

Darüber hinaus bedanken wir uns bei den beteiligten Kläranlagen der Abwassersurveillance für die Bereitstellung der Proben und den Kolleginnen und Kollegen aus dem AMELAG-Team am UBA und dem RKI.

Außerdem bedanken wir uns bei den GrippeWeb-Plus-Teilnehmenden für die Einsendung von Proben.

Weiterhin bedanken wir uns bei allen an der virologischen ARE-Surveillance teilnehmenden Arztpraxen, beim Thüringer LLV, Bad Langensalza, beim LUA für das Gesundheits- und Veterinärwesen, Dresden, beim Institut für Mikrobiologie und Hygiene des Universitätsklinikums Freiburg, beim NLGA, Hannover, und beim Landesamt für Verbraucherschutz, Magdeburg, für die Einsendung von Proben und Virusisolaten.

Wir danken Torsten Bauer, David Krieger, Jessica Gallisch und Annette Günther vom Helios Klinikum Emil von Behring für die sehr gute Zusammenarbeit im Rahmen der virologischen SARI-Surveillance sowie den teilnehmenden Kliniken: Helios Klinikum Emil von Behring Berlin, Helios Klinikum Bonn, Helios Klinikum Duisburg, Helios Klinikum Erfurt, Helios Klinikum Gifhorn, Helios Klinikum Hildesheim, Helios Klinikum Krefeld, Helios Klinikum Pforzheim, Helios Klinikum Schwerin, Helios Klinikum Stralsund, Helios Klinikum Wuppertal.

Ein großer Dank gilt zudem den Gesundheitsämtern sowie der meldenden Ärzteschaft in den Laboratorien und den zuständigen Landesgesundheitsbehörden, die wichtige Informationen zu den Meldefällen erhoben, lokal validiert, bewertet und an das RKI übermittelt haben. Wir bedanken uns darüber hinaus bei unseren Kolleginnen und Kollegen am RKI aus dem SurvNet-Team und dem Team für das elektronische Melde- und Informationssystem (DEMIS) für ihre kontinuierliche Arbeit beim Aufbau und der Pflege des Meldesystems.

Wir bedanken uns bei den Laboren des IMSSC2-Labornetzwerks: Labor Augsburg MVZ GmbH, Augsburg; MVZ Labor PD Dr. Volkmann und Kollegen SE & Co. GbR, Karlsruhe; MVZ Labor Limbach Lehrte, Lehrte; MVZ Medizinische Labore Dessau Kassel GmbH, Dessau; MVZ Labor Dr. Limbach & Kollegen eGbR, Heidelberg; MVZ Dr. Stein + Kollegen eGbR, Mönchengladbach; Labor Dr. Wisplinghoff, Köln; MVZ Labor 28 GmbH, Berlin; MVZ Labor Westmecklenburg, Schwerin; Bioscientia Labor Ingelheim, Ingelheim am Rhein; MVZ Gemeinschaftslabor Cottbus, Cottbus; Labor Dr. Krause und Kollegen MVZ GmbH, Kiel; MVZ Dianovis GmbH, Gera; MVZ Medizinisches Labor Bremen GmbH, Bremen; MVZ Labor Gärtner GbR, Ravensburg; MVZ Dr. Eberhard & Partner Dortmund GbR, Dortmund; Medizinische Laboratorien Düsseldorf GbR, Düsseldorf; MVZ Laborzentrum Weser-Ems, Osnabrück.

Prof. Dr. Timm Harder, Friedrich-Loeffler-Institut, Insel Riems, danken wir für die Etablierung von Frettchenantiseren.

Weiterhin möchten wir den Autorinnen und Autoren von GISAID für die Bereitstellung von Sequenzen danken, die für vergleichende molekulare Analysen von Influenzaviren genutzt wurden.

Unser besonderer Dank gilt dem Team des NRZI und des ZBS1 am RKI für die Assistenz bei den Laboruntersuchungen. Wir danken der Sequencing Core Facility des Genom-Kompetenzzentrums (MF1) am RKI für den exzellenten Sequenzierservice.

Des Weiteren danken wir den Kolleginnen und Kollegen des Fachgebiets 32 am RKI, Team Datenanalyse, Modellierung und Berichterstattung, sowie dem Team Fachdaten-Kompetenzzentrum aus MF2 am RKI für ihre Unterstützung bei der Datenverarbeitung und die sehr gute Zusammenarbeit im Rahmen der Meldedaten sowie der syndromischen und virologischen Sentinel-Surveillancesysteme für akute Atemwegserkrankungen.

Wir danken dem Webmaster-Team des RKI für die hohe Motivation, Beratung und Unterstützung sowie die Umsetzung bei der Darstellung dieses Berichts auf den RKI-Webseiten, speziell Ronja Wenchel, Heide Monning und Sabine Schleusener. Des Weiteren gilt unser Dank den Kolleginnen aus dem RKI-Presseteam für die Beratung bei der Konzeption des Berichts.

Autorinnen und Autoren (alphabetisch sortiert)

Robert Koch-Institut, Abteilung 3 Infektionsepidemiologie, Fachgebiet 36 Respiratorisch übertragbare Erkrankungen

Susan Abunijela, Udo Buchholz, Wei Cai, Annika Erdwiens, Tamar Gvaladze, Walter Haas, Maria Helmrich, Antonia Hilbig, Romy Kerber, Simon Krupka, Ann-Sophie Lehfeld, Anna Loenenbach, Lei Mao, Kerstin Prahm, Ute Preuß, Doreen Staat, Irmgard Stroetmann, Kristin Tolksdorf, Juliane Wunderlich

Robert Koch-Institut, Abteilung 1 Infektionskrankheiten, Fachgebiet 17 Influenzaviren und weitere Viren des Respirationstraktes, Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren, Konsiliarlabor für respiratorische Syncytialviren (RSV), Parainfluenzaviren (PIV) und humane Metapneumoviren (HMPV)

Barbara Biere, Ralf Dürrwald, Susanne Duwe, Sophie Köndgen, Christin Mache, Djin-Ye Oh, Janine Reiche, Jessica Schulze, Marianne Wedde, Thorsten Wolff

Robert Koch-Institut, Abteilung 3 Infektionsepidemiologie, Fachgebiet 33 Impfprävention/STIKO

Judith Koch, Nita Perumal, Johanna Schlager, Viktoria Schönfeld, Annika Steffen

Robert Koch-Institut, Abteilung 3 Infektionsepidemiologie, Fachgebiet 32 Surveillance und elektronisches Melde- und Informationssystem (DEMIS) | ÖGD-Kontaktstelle

Moritz Bach, Timo Greiner, Peter Pütz

Robert Koch-Institut, Abteilung 3 Infektionsepidemiologie, Fachgebiet 34 HIV/AIDS und andere sexuell oder durch Blut übertragbare Infektionen

Matthias an der Heiden

Robert Koch-Institut, Abteilung Methodenentwicklung, Forschungsinfrastruktur und Informationstechnologie (MFI), MFI Genom-Kompetenzzentrum

Daniel Desirò, Somayyeh Sedaghatjoo, Stephan Fuchs, Martin Hölzer, Marie Lataretu

Robert Koch-Institut, Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene, ZBS 1 Hochpathogene Viren

Janine Michel

Helios-Kliniken GmbH, Berlin

Ekkehard Schuler

Friedrich-Löffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald, Insel Riems

Timm Harder

Impressum

Bericht zu akuten respiratorischen Erkrankungen in der Saison 2025/26
Robert Koch-Institut, 2026

Herausgeber

Robert Koch-Institut, Nordufer 20, 13353 Berlin
Internet: www.rki.de, E-Mail: zentrale@rki.de

Redaktion

Robert Koch-Institut, Abteilung 3 Infektionsepidemiologie, Fachgebiet 36 Respiratorisch übertragbare Erkrankungen:
Kristin Tolksdorf (verantwortlich), Annika Erdwiens, Tamar Gvaladze, Kerstin Prahm, Ute Preuß, Juliane Wunderlich, Doreen Staat, Udo Buchholz, Romy Kerber, Lei Mao, Simon Krupka

Bezugsquelle

Der Bericht ist online abrufbar: www.rki.de/are-saisonbericht

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut. Bericht zu akuten respiratorischen Erkrankungen in der Saison 2025/26, Berlin 2026 | DOI: 10.25646/14398

DOI

DOI 10.25646/14398

CC-Lizenz

CC BY-NC-SA 4.0

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

Bibliographische Informationen der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Bibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliographie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.d-nb.de> abrufbar



Das Robert Koch-Institut ist ein Bundesinstitut im
Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Gesundheit