



Epidemiologisches Bulletin

2. November 2017 / Nr. 44

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Campylobacter-Enteritis – Risikofaktoren und Infektionsquellen in Deutschland

Einleitung

Campylobacter-Enteritiden sind Darmentzündungen, die durch Infektionen mit dem Bakterium *Campylobacter* verursacht werden. Typische Symptome sind Durchfall, starke Bauchschmerzen und Fieber. Auch Folgeerkrankungen wie reaktive Arthritis, Reizdarmsyndrom und neurologische Komplikationen wie das Guillain-Barré-Syndrom sind in seltenen Fällen möglich. In Deutschland ist der Nachweis des Krankheitserregers in Stuhlproben nach dem Infektionsschutzgesetz (IfSG) meldepflichtig. Mit mehr als 70.000 übermittelten Erkrankungen im Jahr 2016 und ähnlich hohen Zahlen in den Vorjahren (s. Abb. 1) ist die *Campylobacter*-Enteritis zur häufigsten bakteriellen meldepflichtigen Krankheit in Deutschland geworden.¹ Auch europaweit liegt die *Campylobacter*-Enteritis unter den bakteriellen Krankheiten, die an die europäische Gesundheitsbehörde ECDC übermittelt werden, auf Rang eins.² Am häufigsten sind Kinder unter fünf Jahren und junge Erwachsene zwischen 20 und 29 Jahren betroffen (s. Abb. 2, S. 502). Die überwiegende Mehrzahl der in Deutschland übermittelten Erkrankungen (92 %) wird auch in Deutschland erworben. Etwa 97 % der übermittelten Erkrankungen treten sporadisch auf, d. h. nur ein geringer Anteil der Erkrankungen wird als Krankheitsausbruch übermittelt, bei dem zwei oder mehr Erkrankungen in einem epidemiologischen Zusammenhang stehen.³

Die meisten Infektionen werden von den Bakterienspezies *Campylobacter jejuni* (90 %) und *Campylobacter coli* (7 %) verursacht.³ Die *Campylobacter*-Enteritis gehört zu den sogenannten Zoonosen, die Erreger können also zwischen Tier und Mensch übertragen werden. Als bedeutendste Tierreservoir für *Campylobacter* werden Geflügel, insbesondere Hühner, und Rinder angesehen.⁴⁻⁶ Die meisten *Campylobacter*-Infektionen beim Menschen erfolgen über den Verzehr von tierischen Lebensmitteln, vor allem Geflügelfleisch, das häufig mit *Campylobacter*

Anzahl übermittelter *Campylobacter*-Enteritiden

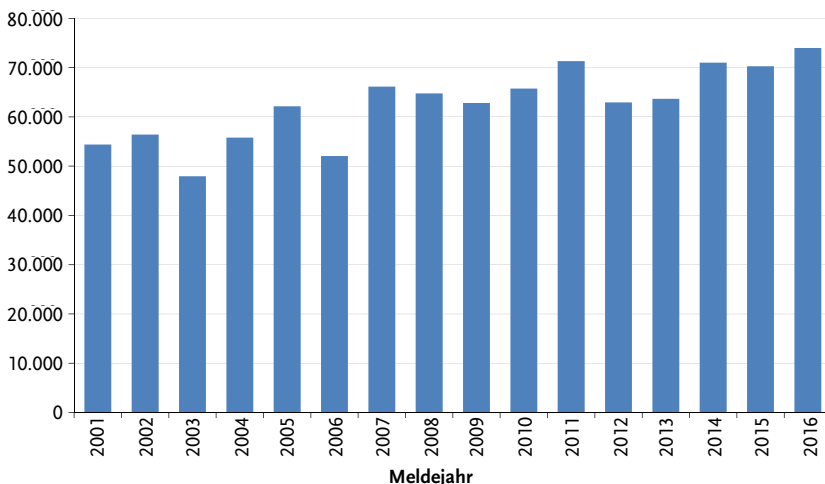


Abb. 1: Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldejahr, Deutschland 2001–2016

Diese Woche 44/2017

[Campylobacter-Enteritis – Risikofaktoren und Infektionsquellen in Deutschland](#)

[Update zum gehäuften Auftreten von Lungenpest in Madagaskar](#)

[Neuer Ausbruch von Marburgfieber in Ost-Uganda](#)

[Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen August 2017](#)

[Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 41. Woche 2017](#)

[Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 43. KW 2017](#)



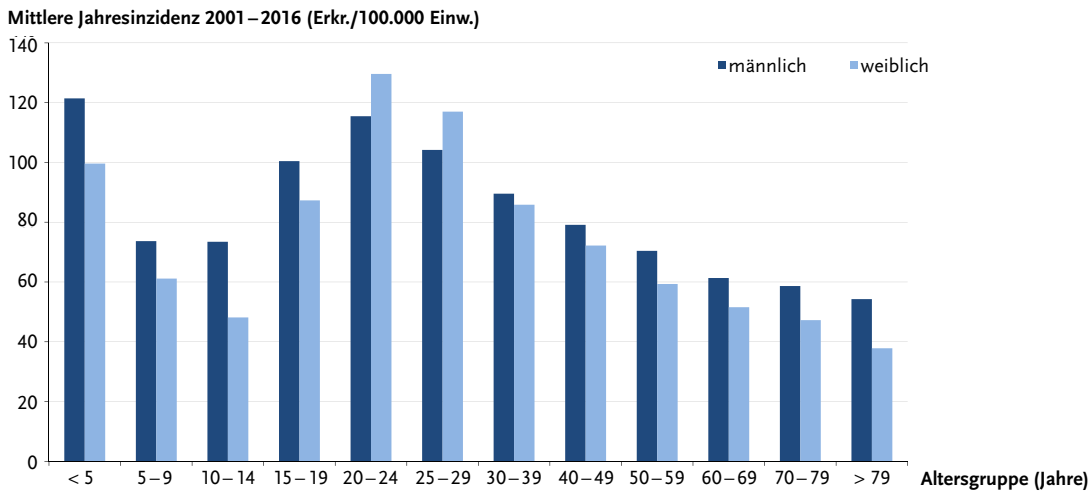


Abb. 2: Mittlere jährliche Inzidenz von übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden nach Altersgruppe und Geschlecht, Deutschland 2001–2016

kontaminiert ist.^{7,8} In verschiedenen, sogenannten *Source-Attribution*-Studien, in denen die relative Bedeutung verschiedener Tierquellen für *Campylobacter*-Infektionen beim Menschen untersucht wurde, konnte gezeigt werden, dass sich 50–90% der Humaninfektionen auf die Quelle Huhn zurückführen lassen.^{9,10}

In einer großen Fall-Kontroll- und *Source-Attribution*-Studie, die 2011–2014 in mehreren Bundesländern durchgeführt wurde, konnten erstmals Risikofaktoren für sporadische *Campylobacter*-Infektionen sowie die Bedeutung verschiedener Tierquellen für Humaninfektionen in Deutschland untersucht werden.

Methoden

Studiendesign

Die Fall-Kontroll-Studie wurde vom 1. November 2011 bis zum 28. Februar 2014 in Berlin (städtische Region) und in ländlichen Kreisen Brandenburgs durchgeführt. Um die Anzahl der Studienteilnehmer unter 15 Jahren zu erhöhen, wurde die Studienregion im Jahr 2013 auf städtische und ländliche Kreise in Nordrhein-Westfalen und Sachsen ausgedehnt. *Campylobacter*-Enteritis-Fälle, die im Studienzeitraum an die Gesundheitsämter der an der Studie teilnehmenden Stadt- und Landkreise gemeldet wurden, wurden von Mitarbeitern des Gesundheitsamtes um ihre Teilnahme an der Studie gebeten. Bei Einwilligung wurde den potenziellen Studienteilnehmern vom Gesundheitsamt ein standardisierter Fragebogen zum Selbstausfüllen mit einem begleitenden Informationsschreiben per Post zugesandt. Den ausgefüllten Fragebogen sandten die Studienteilnehmer direkt an das Robert Koch-Institut (RKI), das die Portokosten dafür übernahm. Die Erregerisolate der Studienteilnehmer wurden von den an der Studie teilnehmenden primär diagnostischen Laboren an die Medizinische Hochschule Hannover (MHH) gesandt und dort mit Hilfe der Multilocus-Sequenztypisierung (MLST) weiter charakterisiert, sofern die Studienteilnehmer im Fragebogen ihre Einwilligung dazu gegeben hatten. Die Fragebögen konnten den entsprechenden Erregerisolaten der Studienteilnehmer über die

Probennummern, die von den primär diagnostischen Laboren vergeben wurden, zugeordnet werden.

Als Vergleichspersonen („Kontrollen“) wurden Personen aus denselben Landkreisen und Altersgruppen (0–4 Jahre, 5–14 Jahre, 15 Jahre und älter) wie die erkrankten Personen („Fälle“) in einem zweistufigen Zufallsverfahren ausgewählt. Dafür wurden entsprechende Adresslisten von den Einwohnermeldeämtern zur Verfügung gestellt. Die ausgewählten Kontrollpersonen wurden dann angeschrieben und gebeten, den beigefügten Fragebogen auszufüllen und an das RKI zurückzusenden. In der Altersgruppe der Personen über 14 Jahre wurde ein Fall-Kontroll-Verhältnis von 1:1, bei jüngeren Personen ein Verhältnis von 4 Kontrollen pro Fall angestrebt.

Datenerhebung

Fall- und Kontrollpersonen wurden im Fragebogen zu ihrer Exposition hinsichtlich verschiedener möglicher Risikofaktoren befragt, wobei der Schwerpunkt auf dem Verzehr von Lebensmitteln, insbesondere Fleischprodukten und anderen Lebensmitteln tierischer Herkunft, lag. Zusätzlich wurden Informationen zu Verzehrsgewohnheiten, Küchenhygiene im Haushalt, Kontakt mit Tieren, Freizeitaktivitäten, beruflicher Exposition, Auslandsreisen, bestimmten Vorerkrankungen, Einnahme von Magensäurehemmern, z.B. Omeprazol oder Pantoprazol, sowie grundlegende demografische Angaben (Geschlecht, Geburtsmonat und -jahr, Postleitzahl, Anzahl der Personen im Haushalt, Berufsausbildung, Migrationshintergrund) erhoben. Die Fragen zu Expositionsrisiken bezogen sich meist auf die sieben Tage vor Erkrankungsbeginn (bei Fallpersonen) bzw. vor Ausfüllen des Fragebogens (bei Kontrollpersonen). Eltern von erkrankten Kindern wurden gebeten, den Fragebogen für ihre Kinder oder ggf. zusammen mit ihren Kindern auszufüllen.

Datenanalyse zur Ermittlung von Risikofaktoren für *Campylobacter*-Infektionen

Zur Ermittlung der Risikofaktoren wurden univariable und multivariable logistische Regressionsanalysen (mit Adjustierung für Altersgruppe und Bundesland) zur Berechnung

von adjustierten *Odds Ratios* mit 95 % Konfidenzintervallen durchgeführt. Anhand der finalen multivariablen Modelle wurden die bevölkerungsbezogenen attributablen Anteile der einzelnen statistisch signifikanten Risikofaktoren (*population attributable fraction*) berechnet. Der bevölkerungsbezogene attributable Anteil ist der Anteil der Erkrankungen in der Bevölkerung, der vermieden werden könnte, wenn der betrachtete Risikofaktor eliminiert werden würde. Fall- und Kontrollpersonen wurden von der Datenanalyse zur Ermittlung der Risikofaktoren ausgeschlossen, wenn sie in den sieben Tagen vor Erkrankungsbeginn bzw. vor Ausfüllen des Fragebogens ins Ausland verreist waren. Darüber hinaus wurden Fallpersonen von der Datenanalyse ausgeschlossen, wenn der Zeitraum zwischen Erkrankungsbeginn und Ausfüllen des Fragebogens mehr als 60 Tage betrug.

Datenanalyse für Source-Attribution-Analysen

Campylobacter-Isolate von Studienteilnehmern wurden mit *Campylobacter*-Isolaten aus fünf Tierquellen (Huhn, anderes Geflügel [Pute, Gans, Ente, Wachtel], Hund/Katze, Schwein, Rind) verglichen. Dafür wurden Tier- und Lebensmittelisolate aus dem Studienzeitraum und der Studienregion von der Freien Universität Berlin (Prof. T. Alter) und dem Nationalen Referenzlabor für *Campylobacter* am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR, Dr. K. Stingl) zur Verfügung gestellt und am Institut für Medizinische Mikrobiologie und Krankenhaushygiene der MHH (Prof. S. Suerbaum und Prof. C. Josenhans) mit MLST charakterisiert. Zusätzlich wurden für die *Source-Attribution*-Analysen Daten von Tier- und Lebensmittelisolaten aus Deutschland¹¹ und europäischen Nachbarländern, die in der PubMLST-*Campylobacter*-Datenbank¹² (<http://pubmlst.org/campylobacter/>) hinterlegt waren, herangezogen. Die Wahrscheinlichkeit der Humanisolate, aus einer der fünf betrachteten Tierquellen zu stammen, wurde mit einem statistischen Modell, dem sogenannten *Asymmetric-Island*-Modell, berechnet.⁴

Ergebnisse

Studienpopulation

Insgesamt 2.073 Personen, die an einer *Campylobacter*-Enteritis erkrankt waren, sandten einen ausgefüllten Fragebogen an das RKI zurück. Dies entsprach 22 % aller Fälle, die in der Studienregion gemeldet worden waren, und 68 % der Fälle, denen vom Gesundheitsamt ein Fragebogen zugeschickt worden war. Für die Datenanalyse zur Ermittlung von Risikofaktoren für *Campylobacter*-Enteritiden wurden insgesamt 1.812 Fragebögen von Fallpersonen eingeschlossen. Die Fallpersonen waren im Median 39 Jahre alt, 52 % waren weiblich. Zwischen Erkrankungsbeginn und Ausfüllen des Fragebogens lagen im Median 16 Tage. Von den 16.287 potenziellen Kontrollpersonen, denen ein Fragebogen zugeschickt worden war, sandten 4.196 den Fragebogen ausgefüllt zurück (26 %). Daten von 3.983 Kontrollpersonen flossen in die Auswertung ein. Die Kontrollpersonen waren deutlich jünger als die Fallpersonen (Altersmedian 19 Jahre), weil in den Altersgruppen < 15 Jahre ein Verhält-

nis von Kontroll- zu Fallpersonen von 4:1 angestrebt worden war. Wie bei den Fallpersonen war etwas mehr als die Hälfte der Kontrollpersonen weiblich (53 %). Die Mehrzahl der Fall- und der Kontrollpersonen wohnte in Berlin (57 % bzw. 51 %) oder Brandenburg (37 % bzw. 31 %). In Sachsen oder Nordrhein-Westfalen wohnten 6 % der Fall- und 18 % der Kontrollpersonen.

Klinische Aspekte

Die häufigsten Symptome einer *Campylobacter*-Infektion, die Fallpersonen angaben, waren Durchfall (95 %), Bauchschmerzen (81 %), Fieber (53 %), Übelkeit (48 %) und Erbrechen (19 %). Ein Viertel berichtete von sichtbarem Blut im Stuhl. Zusätzliche Symptome, z. B. Kopf- und Gliederschmerzen, Schüttelfrost oder Mattigkeit, berichteten 62 % der Fallpersonen. Im Median dauerten die Symptome sechs Tage an. Etwa 18 % der Fallpersonen waren wegen der *Campylobacter*-Enteritis hospitalisiert, im Median für vier Tage. Fast ein Drittel der Fallpersonen (31 %) gab an, wegen der *Campylobacter*-Infektion ein Antibiotikum eingenommen zu haben. Die von diesen Personen am häufigsten genannten Antibiotika waren Ciprofloxacin (45 %) und Erythromycin (21 %). Insgesamt 79 % der Fallpersonen im erwerbsfähigen Alter (15–64 Jahre) bzw. der erwerbstätigen Eltern mussten wegen ihrer Erkrankung oder der Erkrankung ihrer Kinder ihrem Arbeitsplatz fernbleiben, im Median für sechs Tage.

Risikofaktoren für sporadische Campylobacter-Infektionen

In multivariablen logistischen Regressionsanalysen waren der Verzehr von Hühnerfleisch und Essen außer Haus die bedeutendsten Risikofaktoren für eine *Campylobacter*-Infektion. Risikofaktoren, die im Zusammenhang mit Küchenhygiene stehen, wie die Zubereitung von abgepacktem Geflügelfleisch im Haushalt oder die gleichzeitige Zubereitung von rohem Fleisch und Lebensmitteln, die vor dem Verzehr nicht erhitzt werden, waren ebenfalls wichtige Risikofaktoren. Der Kontakt mit Geflügel stellte einen weiteren Risikofaktor dar. Auch die Einnahme von Magensäurehemmern in den vier Wochen vor Erkrankungsbeginn war statistisch signifikant mit einer *Campylobacter*-Infektion assoziiert (s. Tab. 1, S. 504).

Wurde die Analyse auf *Campylobacter-jenuuni*-Infektionen eingeschränkt, war das Ergebnis der Regressionsanalyse dem für alle *Campylobacter*-Infektionen, das in Tabelle 1 dargestellt ist, sehr ähnlich. Als Risikofaktoren für *Campylobacter-coli*-Infektionen bei Personen über 14 Jahren wurden der Verzehr von Schweinefleisch und die Einnahme von Magensäurehemmern identifiziert.

Source-Attribution-Analysen

Mit Hilfe des *Asymmetric-Island*-Modells wurde für 613 *Campylobacter*-Isolate von erkrankten Studienteilnehmern die Wahrscheinlichkeit der Herkunft des Isolats aus fünf verschiedenen Tierquellen berechnet. Für diese Analysen waren die Bestimmung des MLST-Sequenztyps der Humanisolate und der Vergleich mit *Campylobacter*-Isolaten aus den einzelnen Tierquellen grundlegend. Am höchsten

Exposition	Fälle exponiert % (n)	Kontrollen exponiert % (n)	aOR ^a (95% KI ^b)	Populations-attributabler Anteil % (95% KI ^b)
Verzehr von Hühnerfleisch ^{***}	87,0 (1.445/1.661)	79,1 (2.967/3.753)	1,6 (1,2–2,0)	31 (17–42)
Essen außer Haus (Imbiss, Restaurant, Kantine o. ä.) ^{***}	81,9 (1.437/1.755)	78,6 (3.089/3.929)	1,6 (1,3–2,0)	30 (18–40)
Zubereitung von (abgepacktem) Geflügel- fleisch im Haushalt ^{***}	53,9 (860/1.597)	43,8 (1.617/3.692)	1,4 (1,1–1,6)	14 (8–20)
Gleichzeitige Zubereitung von Lebensmitteln, die nicht erhitzt verzehrt werden, und rohem Fleisch im Haushalt ^{**}	52,0 (856/1.646)	45,8 (1.684/3.677)	1,3 (1,1–1,5)	12 (4–18)
Einnahme von Magensäurehemmern ^{***}	21,1 (371/1.755)	8,1 (315/3.869)	1,9 (1,5–2,3)	10 (7–12)
Kontakt mit Geflügel (Tieren) ^{***}	5,3 (92/1.725)	4,4 (170/3.856)	2,1 (1,4–3,0)	3 (2–4)
Ernährungsweise überwiegend vegetarisch [*]	1,5 (25/1.646)	4,1 (151/3.669)	0,5 (0,3–1,0)	–
Verzehr von (ungewaschenem) Obst ^{***}	62,8 (1.055/1.679)	72,7 (2.757/3.794)	0,6 (0,5–0,7)	–
Verzehr von Lamm-/Schafffleisch ^{**}	8,0 (129/1.615)	8,5 (321/3.767)	0,6 (0,5–0,9)	–
Verzehr von Rindfleisch ^{***}	51,1 (793/1.551)	52,6 (1.923/3.654)	0,7 (0,6–0,8)	–
Kontakt mit einem Hund ^{**}	29,0 (498/1.716)	32,8 (1.256/3.828)	0,7 (0,6–0,9)	–
Schwimmen (im Schwimmbad/Pool, See, Meer etc.) ^{**}	14,6 (257/1.755)	23,4 (913/3.910)	0,7 (0,6–0,9)	–

Tab. 1: Risikofaktoren für *Campylobacter*-Infektionen, Fall-Kontroll-Studie, Deutschland 2011–2014.

Die Berechnung des Anteils der exponierten Personen basiert auf der Anzahl von Fällen und Kontrollen mit vollständigen Antworten in univariabler Analyse. Adjustierte Odds Ratios (aOR) wurden mit einem multivariablen logistischen Regressionsmodell berechnet (adjustiert für Altersgruppe, Geschlecht, Bundesland; 1.003 Fälle und 2.569 Kontrollen mit vollständigen Antworten für alle Variablen im finalen Modell). Expositionen, die negativ mit einer *Campylobacter*-Infektion in Zusammenhang standen, sind ebenfalls aufgelistet.

^aAdjustierte Odds Ratio

^bKonfidenzintervall

* p-Wert < 0,05; ** p-Wert < 0,01; *** p-Wert < 0,001

war die mittlere Wahrscheinlichkeit, dass die *Campylobacter*-Humanisolate aus der Quelle Huhn stammten (*posterior source probability* (Pr) = 0,71). Die mittlere Wahrscheinlichkeit, dass die Humanisolate aus den anderen betrachteten Tierquellen stammten, war dagegen deutlich niedriger (Hund/Katze Pr = 0,14; anderes Geflügel Pr = 0,09; Schwein Pr = 0,04). Am unwahrscheinlichsten war eine Herkunft der Humanisolate aus der Quelle Rind (Pr = 0,01). Die Wahrscheinlichkeit von humanen *Campylobacter-coli*-Isolaten, aus der Quelle Schwein zu stammen, war deutlich höher (Pr = 0,32) als die von humanen *Campylobacter-jejuni*-Isolaten (Pr = 0,001). Hingegen war die Wahrscheinlichkeit von humanen *Campylobacter-jejuni*-Isolaten aus der Quelle Huhn zu stammen, höher als die von *Campylobacter-coli*-Isolaten (0,74 bzw. 0,56). Die Wahrscheinlichkeiten der 613 Humanisolate, aus den fünf betrachteten Quellen zu stammen, ist in Abb. 3 (s. S. 505) für jedes Isolat einzeln dargestellt.

Diskussion

Erstmals wurde in Deutschland eine kombinierte Fall-Kontroll- und *Source-Attribution*-Studie durchgeführt, um Risikofaktoren für sporadische *Campylobacter*-Infektionen und die möglichen tierischen Quellen von Humanisolaten zu ermitteln. Der bedeutendste Risikofaktor für eine *Campylobacter*-Infektion war der Verzehr von Hühnerfleisch. Etwa ein Drit-

tel der *Campylobacter*-Enteritiden in der Bevölkerung könnte vermieden werden, wenn dieser Risikofaktor eliminiert werden würde. Damit bestätigt unsere Studie Ergebnisse aus anderen Ländern.^{13–17} Mit diesen Ergebnissen einhergehend zeigten auch unsere *Source-Attribution*-Analysen, dass die Wahrscheinlichkeit von *Campylobacter*-Isolaten von Erkrankten, ursprünglich vom Huhn zu stammen, im Vergleich zu anderen möglichen tierischen Quellen am höchsten war.

Hühner sind häufig Träger von *Campylobacter*. Die Bakterien sind thermophil (wärmeliebend) und damit gut an die Körpertemperatur von Hühnern (ca. 41°C) angepasst. Eine Besiedlung mit *Campylobacter* führt bei Hühnern und anderem Geflügel nicht zu einer Erkrankung. Ein Hühnerimpfstoff gegen *Campylobacter* steht nicht zur Verfügung. Aus Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings in Deutschland ist bekannt, dass Hähnchenfleisch häufig mit *Campylobacter* belastet ist. Bei 38–54% von frischen Hähnchenfleischproben aus dem Einzelhandel wurde *Campylobacter* nachgewiesen. Die höhere Prävalenz von *Campylobacter* in Halshaut-Proben von Schlachthühnern (52%) als in Blinddarmproben (25%) deutet darauf hin, dass während des Schlachtprozesses eine Kontamination der Karkassen-Oberfläche mit Darminhalt stattfindet.^{18–20}

Wahrscheinlichkeit der Herkunft von den 5 Tierquellen

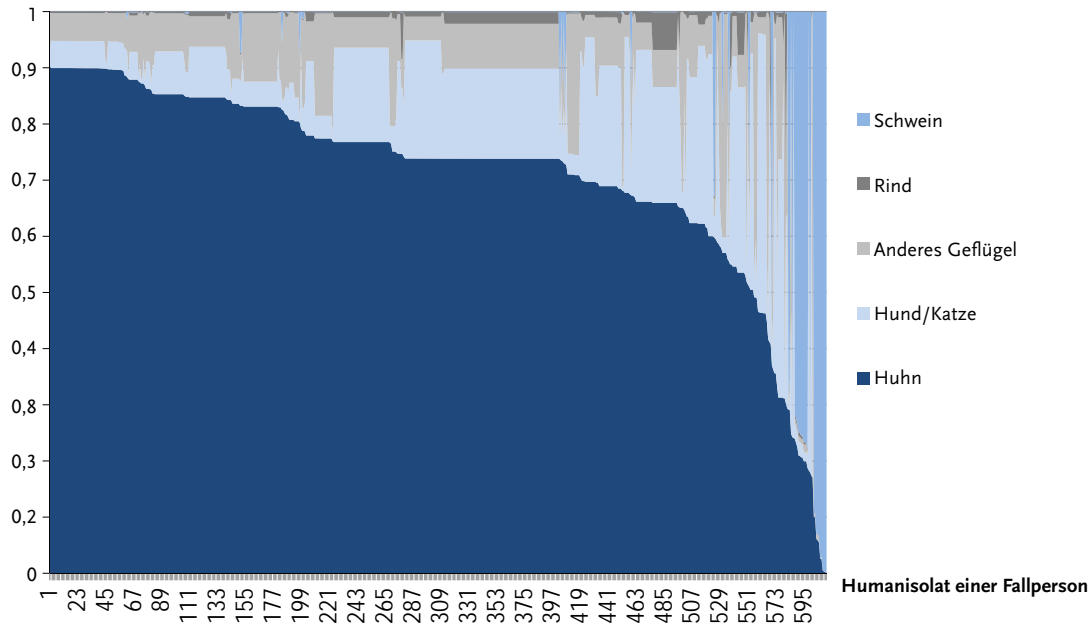


Abb. 3: Wahrscheinlichkeit, mit der Humanisolate von Fallpersonen der RKI-Studie (n=613) aus den fünf in Betracht gezogenen Tierquellen (Huhn, Hund/Katze, anderes Geflügel (Pute, Gans, Ente, Wachtel), Rind, Schwein) stammen

Neben dem Verzehr von Hühnerfleisch wurden in unserer Studie weitere Risikofaktoren für sporadische *Campylobacter*-Infektionen ermittelt: Essen außer Haus, die Zubereitung von abgepacktem Hühnerfleisch im Haushalt, Kontakt mit Geflügel und die Einnahme von Magensäurehemmern. Bei Erkrankungen in Zusammenhang mit Essen außer Haus ist vorstellbar, dass die Infektion ebenfalls auf Hühnerfleisch zurückzuführen ist, z. B. über den Verzehr von nicht vollständig durchgegartem Hühnerfleisch in einem Restaurant. Über Kreuzkontaminationen könnten aber auch andere Lebensmittel mit *Campylobacter* belastet sein, z. B. wenn die Zubereitung dieser Lebensmittel in Restaurantküchen oder im eigenen Haushalt auf Oberflächen oder Küchenutensilien erfolgte, auf oder mit denen zuvor kontaminiertes Hühnerfleisch zubereitet wurde. Die Einnahme von Magensäurehemmern, wie z. B. Omeprazol und Pantoprazol, wurde auch in anderen Studien als Risikofaktor für eine *Campylobacter*-Enteritis und für andere gastrointestinale Infektionen, z. B. Salmonellosen, beschrieben.²¹⁻²² Ein Zusammenhang erscheint plausibel, weil durch die Einnahme von Magensäurehemmern der pH-Wert des Magens erhöht wird und weniger mit der Nahrung aufgenommene Krankheitserreger abgetötet werden.²³ Patienten, die Magensäurehemmer einnehmen, sollten über den Zusammenhang mit bakteriellen gastrointestinalen Infektionen aufgeklärt werden, damit sie ihre Ernährung anpassen können und gegebenenfalls auf den Verzehr bestimmter Lebensmittel verzichten, von denen generell ein erhöhtes Infektionsrisiko ausgeht, z. B. nicht vollständig durchgegartes Fleisch oder rohes Schweinefleisch.

Im Gegensatz zu anderen Studien war in unserer *Source-Attribution*-Studie das Rind eine unbedeutende Quelle für Humaninfektionen und weder der Verzehr von Rindfleisch noch von nicht-pasteurisierter Milch stand in einem posi-

tiven Zusammenhang mit sporadischen *Campylobacter*-Enteritiden. Der Verzehr von nicht-erhitzter Rohmilch ist in Deutschland aber häufig die Ursache von *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen, wenn z. B. Schulklassen einen Bauernhof besuchen und dort Rohmilch trinken oder wenn mehrere Personen Rohmilch von Rohmilch-Abgabeautomaten, sogenannten Milchtankstellen, konsumieren, ohne den Hinweis zu beachten, dass die Milch vor dem Verzehr erhitzt werden sollte.²⁴

Der Zusammenhang zwischen möglichen Expositionen und Erkrankungen kann bei Fall-Kontroll-Studien durch das unterschiedliche Erinnerungsvermögen von Fall- und Kontrollpersonen verzerrt werden, da die Erinnerungszeiträume für Fall- und Kontrollpersonen unterschiedlich weit in der Vergangenheit liegen. In unserer Studie wurden Fallpersonen zu den sieben Tagen vor Erkrankungsbeginn befragt (im Median 16 Tage vor der Befragung) und Kontrollpersonen zu den sieben Tagen vor der Befragung. Eine Einschränkung von *Source-Attribution*-Modellen ist, dass die Wahrscheinlichkeit der Herkunft von Humanisolaten nur für die Quellen berechnet werden kann, die in das *Source-Attribution*-Modell einbezogen wurden, und die Wahrscheinlichkeiten sich ändern können, wenn weitere oder andere Quellen berücksichtigt werden.

Im Gegensatz zu anderen meldepflichtigen bakteriellen Gastroenteritiden, insbesondere den Salmonellosen, hat die Anzahl der jährlich übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden in den letzten Jahren nicht abgenommen. Seit 2001 wird insgesamt ein zunehmender Trend beobachtet (s. Abb. 1, S. 501). Die Gründe dafür sind wahrscheinlich vielfältig. Der Anteil von Personen in der Bevölkerung, die Hühnerfleisch verzehren, ist hoch. So gaben in unserer Studie fast 80% der nicht erkrankten Kontrollpersonen an, in

den vergangenen sieben Tagen Hühnerfleisch verzehrt zu haben. Der Verbrauch an Geflügelfleisch für den menschlichen Verzehr ist von 10,9 kg pro Kopf im Jahr 2001 auf 12,5 kg pro Kopf im Jahr 2016 angestiegen,²⁵ eine Zunahme um etwa 14%. Mit einer Zunahme des Geflügelfleischverzehr ist davon auszugehen, dass auch die Zahl der *Campylobacter*-Enteritiden ansteigt, wenn die Prävalenz von *Campylobacter* auf Geflügelfleisch nicht abnimmt. Die Daten aus dem Zoonosen-Monitoring zeigten, dass die *Campylobacter*-Prävalenz auf Hähnchenfleisch im Einzelhandel hoch und ein Rückgang nicht zu beobachten ist.^{18,19} Zusätzlich könnten auch Veränderungen in der Labordiagnostik zu einer Zunahme der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden beitragen. Seit Jahren nimmt der Anteil der übermittelten Fälle zu, bei denen die Labordiagnostik ausschließlich über einen Antigen-Nachweistest erfolgt, während dementsprechend der Anteil von Fällen mit kulturellem Erregernachweis rückläufig ist.

Die Bedeutung des Huhns als Quelle für humane *Campylobacter*-Infektionen wurde auch in anderen europäischen und nicht-europäischen Studien gezeigt. In Deutschland werden jährlich Zehntausende von sporadischen *Campylobacter*-Fällen übermittelt, jedoch ist zu vermuten, dass die wahre Anzahl von Erkrankungen in der Bevölkerung fast zehnmal höher ist.^{26,27} Deshalb sollten vermehrt Anstrengungen unternommen werden, die Kontamination von Hühnerfleisch mit *Campylobacter* zu vermindern.

Schlussfolgerungen

Über multidisziplinäre Ansätze und Maßnahmen auf verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette könnte die Zahl der *Campylobacter*-Infektionen in der Bevölkerung reduziert werden.^{7,28} Dafür ist die Verminderung der *Campylobacter*-Prävalenz in Geflügel und auf Geflügelfleisch wichtig. In der Europäischen Union sollen im Jahr 2018 Prozesshygienekriterien eingeführt werden, die Grenzwerte für *Campylobacter* auf Geflügelkarkassen festlegen. Bis entsprechende Maßnahmen zur Einhaltung dieser Kriterien Wirkung zeigen, sollten Verbraucher/-innen und Personen, die in Großküchen, Restaurants etc. Lebensmittel zubereiten, gut über die Infektionsrisiken, die mit der Zubereitung und dem Verzehr von Geflügelfleisch einhergehen können, aufgeklärt werden. Zu den wichtigsten Verbrauchertipps zur Vermeidung von *Campylobacter*-Infektionen, die das BfR empfiehlt, gehören die ausreichende Erhitzung des Geflügelfleisches vor dem Verzehr und die Vermeidung von Kreuzkontaminationen durch eine gute Küchenhygiene.^{29,30}

Weitere Details zu den Ergebnissen der hier vorgestellten Fall-Kontroll- und *Source-Attribution*-Studie können Sie auch in dem dazu erschienenem Artikel im Fachjournal *Scientific Reports* nachlesen.³¹

Wir bedanken uns bei unseren Kooperationspartnern Prof. Dr. S. Suerbaum, Max-von-Pettenkofer-Institut, Ludwig-Maximilians-Universität München und Institut für Medizinische Mikrobiologie und Krankenhaushygiene, Medizinische Hochschule Hannover (MHH); Prof. Dr. C. Josenhans, Institut für Medizinische Mikrobiologie und Krankenhaushygiene, MHH; Prof.

Dr. T. Alter und Dr. G. Gözl, Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene, FU Berlin; Dr. K. Stingl, Nationales Referenzlabor für *Campylobacter*, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, die Koautoren des Scientific-Reports-Artikels sind. Weitere Koautoren sind Dr. X. Didelot; Abteilung für Infektionsepidemiologie, Imperial College, London, UK; F. Kops (MHH); Dr. A. Schielke, J. Breidenbach, Dr. N. Willrich, Prof. Dr. K. Stark (alle RKI). Unser Dank gilt den Studienteilnehmerinnen und -teilnehmern, Gesundheitsämtern und Landesgesundheitsbehörden in Berlin, Brandenburg, Sachsen und Nordrhein-Westfalen sowie den primär diagnostischen Laboren, die die Studie unterstützt haben. Die Studie wurde vom Bundesministerium für Bildung und Forschung über das Verbundprojekt „Foodborne zoonotic infections of humans“ (FBI-Zoo; Förderkennzeichen 01KI1012F) finanziell unterstützt.

Literatur

1. RKI: Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Erkrankungen für 2016. Berlin 2017; DOI: 10.17886/rkipubl-2017-002; Online abrufbar unter: <http://www.rki.de/jahrbuch>
2. EFSA and ECDC: The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2015. *EFSA Journal* 2016; 14(12):4634(231). DOI:10.2903/j.efsa.2016.4634
3. Schielke A, Rosner B, Stark K: Epidemiology of campylobacteriosis in Germany-insights from 10 years of surveillance. *BMC Infect Dis* 2014;14:30
4. Wilson DJ, Gabriel E, Leatherbarrow AJ, et al.: Tracing the source of campylobacteriosis. *PLOS Genetics* 2008;4:e1000203
5. Sheppard SK, Dallas JF, Strachan NJ, MacRae M, McCarthy ND, Wilson DJ, Gormley FJ, Falush D, Ogden ID, Maiden MC, Forbes KJ: *Campylobacter* genotyping to determine the source of human infection. *Clin Infect Dis* 2009;48:1072–1078
6. Boysen L, Rosenquist H, Larsson JT et al.: Source attribution of human campylobacteriosis in Denmark. *Epidemiol Infect* 2014; 42:1599–1608
7. EFSA: Scientific opinion on *Campylobacter* in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain. *EFSA Journal* 2011;9:2105
8. Skarp CPA, Hänninen ML, Rautelin HIK: *Campylobacteriosis*: the role of poultry meat. *Clin Microbiol Infect* 2016;22:103–109
9. EFSA: Scientific opinion on quantification of the risk posed by broiler meat to human campylobacteriosis in the EU. *EFSA Journal* 2010;8:1437
10. Dearlove BL, Cody AJ, Pascoe B et al.: Rapid host switching in generalist *Campylobacter* strains erodes the signal for tracing human infections. *ISME J* 2015; doi: 10.1038/ismej.2015.149
11. Gripp E, Hlahlá D, Didelot X et al.: Closely related *Campylobacter jejuni* strains from different sources reveal a generalist rather than a specialist lifestyle. *BMC Genomics* 2011;12:584
12. Jolley KA, Maiden MC: BigSdb: Scalable analysis of bacterial genome variation at the population level. *BMC Bioinformatics* 2010;11:595
13. Mughini Gras L, Smid JH, Wagenaar JA et al.: Risk factors for campylobacteriosis of chicken, ruminant, and environmental origin: a combined case-control and source attribution analysis. *PLoS ONE* 2012;7:e42599. Doi: 10.1371/journal.pone.0042599
14. Mossong J, Mughini Gras L, Penny C et al.: Human campylobacteriosis in Luxembourg, 2010-2013: a case-control study combined with multilocus sequence typing for source attribution and risk factor analysis. *Sci Rep* 2016;6:20939. Doi: 10.1038/srep20939
15. Wingstrand A, Neimann J, Engberg J, et al.: Fresh chicken as main risk factor for campylobacteriosis, Denmark. *Emerg Infect Dis* 2006;12:280–285
16. Doorduyn Y, Van Den Brandhof WE, Van Duynhoven YT et al.: Risk factors for indigenous *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* infections in The Netherlands: a case-control study. *Epidemiol Infect* 2010;138:1391–1404
17. MacDonald E, White R, Mexia R et al.: Risk factors for sporadic domestically acquired *Campylobacter* infections in Norway 2010–2011: a national prospective case-control study. *PLoS ONE* 2015;10:e0139636
18. BVL: Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2013-Zoonosen Monitoring 2015. DOI 10.1007/978-3-319-15380-3

19. BVL: Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2014-Zoonosen Monitoring 2016. DOI 10.1007/978-3-319-30151-8
20. Stingl K, Knüver MT, Vogt P et al.: Quo vadis? – Monitoring *Campylobacter* in Germany. *Eur J Microbiol Immunol* 2012;2:88–96. DOI 10.1556/EuJMI.2.2012.1.12
21. Tam CC: Chicken Consumption and Use of Acid-Suppressing Medications as Risk Factors for *Campylobacter* Enteritis, England. *Emerg Infect Dis* 2009;15:1402–1408
22. Rettenbacher-Riefler S, Ziehm D, Kreienbrock L et al.: Sporadic salmonellosis in Lower Saxony, Germany, 2001-2003: raw ground pork consumption is associated with *Salmonella* Typhimurium infections and foreign travel with *Salmonella* Enteritidis infections. *Epidemiol Infect* 2015;143:2777–2785
23. Bavishi C, Dupont HL: Systematic review: the use of proton pump inhibitors and increased susceptibility to enteric infection. *Aliment Pharmacol Ther* 2011;34:1269–1281
24. Rosner B, Schewe T: Gemeinsamer nationaler Bericht des BVL und RKI zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen in Deutschland. *J Verbr Lebensm* 2016. DOI 10.1007/s00003-016-1060-2
25. BLE: Versorgung mit Fleisch in Deutschland nach Kalenderjahr. Kalenderjahre 2001–2016. www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/BZL/Daten-Berichte/Versorgungsbilanzen/Fleisch_2000.html (Zugriff am 21.6.2017)
26. Havelaar AH, Ivarsson S, Lofdahl M, Nauta MH: Estimating the true incidence of campylobacteriosis and salmonellosis in the European Union. *Epidemiol Infect* 2009;141:293–302
27. Haagsma JA, Geenen PL, Ethelberg S et al., Havelaar AH on behalf of the Med-Vet-Net Working Group: Community incidence of pathogen-specific gastroenteritis: reconstructing the surveillance pyramid for seven pathogens in seven European Union member states. *Epidemiol Infect* 2013;141:1625–1639
28. Götz G, Rosner B, Hofreuter D et al.: Relevance of *Campylobacter* to public health – the need for a One Health approach. *Int J Med Microbiol* 2014;304:817–823
29. BfR: Verbrauchertipps: Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit *Campylobacter*. Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, 22.12.2015
30. BfR: Was tun mit dem Huhn? BfR Mediathek: www.bfr.bund.de/de/was_tun_mit_dem_huhn_-191706.html?current_page=2; Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, 10.10.2014. Zugriff am 21.6.2017
31. Rosner BM, Schielke A, Didelot X et al.: A combined case-control and molecular source attribution study of human *Campylobacter* infections in Germany 2011–2014. *Sci Rep* 2017; Jul 11; 7(1): 5139. doi: 10.1038/s41498-017-05227-x

- Dr. Bettina Rosner
Robert Koch-Institut | Abteilung für Infektionsepidemiologie
FG Gastrointestinale Infektionen, Zoonosen und tropische Infektionen |
Korrespondenz: RosnerB@rki.de
- Vorgeschlagene Zitierweise:
Rosner B: *Campylobacter*-Enteritis – Risikofaktoren und Infektionsquellen in Deutschland.
Epid Bull 2017;44:501–507 | DOI 10.17886/EpiBull-2017-060

Nationales Referenzzentrum für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger

Institution: Robert Koch-Institut (Bereich Wernigerode)
Fachgebiet FG 11 – Bakterielle darmpathogene
Erreger und Legionellen
Burgstraße 37
38855 Wernigerode

Homepage: www.rki.de/nrz-salmonellen

Ansprechpartner: Prof. Dr. Antje Flieger

Telefon: +49 (0)30 18754–2522, –4206

Telefax: +49 (0)30 18754–4207

E-Mail: FliegerA@rki.de

Leistungsangebot

- ▶ **Beratungen** zu Fragen der Diagnostik, Virulenz, Epidemiologie und Antibiotikaresistenz von Salmonellen, Shigellen, Yersinien, pathogenen *E. coli* und humanpathogenen *Campylobacter* spp;
- ▶ **Biochemische Diagnostik** (Taxonomie) für die o. a. Erregergruppen;
- ▶ **Subdifferenzierung** (Serotypie, Lysotypie, Genotypie, Pulsfeld-Gel-Elektrophorese – PFGE, Ribotypisierung, u. a. genetische Fingerprint-Verfahren) für die o. a. Erregergruppen;
- ▶ **Pathovarbestimmung** (Virulenzmuster-Analyse) für die o. a. Erregergruppen;
- ▶ **Antibiotikaresistenzbestimmung** für die o. a. Erregergruppen;
- ▶ **Vorhalten** einer Stammsammlung. **Abgabe** von Referenzstämmen für die o. a. Erregergruppen;
- ▶ **Laborseitige Schulungen und Weiterbildungen** für die o. a. Erregergruppen.

Update zum gehäuften Auftreten von Lungenpest in Madagaskar

Das Robert Koch-Institut (RKI) hat schon im *Epidemiologischen Bulletin* 41/2017 den Ausbruch von Lungenpest auf Madagaskar beschrieben.¹ Mit Stand vom 31. Oktober 2017 berichtet die Weltgesundheitsorganisation (WHO)² über 1.801 Fälle von Pest seit dem 1. August 2017 auf Madagaskar, darunter 1.111 (62 %) Fälle von Lungenpest. Bislang sind 7 % der gemeldeten Fälle verstorben. Betroffen sind auch die urbanen Regionen und Distrikte an der Küste. Die Anzahl neuberichteter Fälle ist zuletzt deutlich gesunken. Es wird aus Madagaskar berichtet, dass in vielen zuvor betroffenen Regionen aktuell keine Fälle mehr identifiziert werden. Die meisten neuen Fälle werden weiterhin in der Hauptstadt Antananarivo registriert.

Die Pest kommt in Madagaskar endemisch vor. Fast jedes Jahr werden dort Fälle von Beulenpest gemeldet, insbesondere zwischen September und April und vor allem im zentralen Hochland. Die anhaltende Häufung von Fällen von Lungenpest im September/Oktober 2017 ist jedoch ein ungewöhnliches Ereignis, zumal diese Krankheitsform unbehandelt mit einer hohen Letalität verbunden ist. Die von der WHO berichtete relativ geringe Letalität von 7 % der Gesamtfälle ist vermutlich auf eine Kombination von Faktoren zurückzuführen: u. a. den Einschluss von Verdachtsfällen in die Statistik, die nicht als Pest laborbestätigt werden, und den Erfolg einer nun offenbar breit verfügbaren antibiotischen Therapie für Pest-Patienten und Antibiotika-Postexpositionsprophylaxe für Kontaktpersonen der Pest-Fälle.

Die WHO geht weiterhin von einem hohen Risiko einer Ausbreitung innerhalb Madagaskars aus. Mit Aufhalten auf Madagaskar assoziierte Pestverdachtsfälle im Ausland (z. B. Seychellen, Südafrika) haben sich bislang alle nicht bestätigt. Aufgrund der verfügbaren Informationen wird derzeit die Wahrscheinlichkeit einer internationalen Ausbreitung der Pest jenseits der Nachbarländer von Madagaskar als gering eingeschätzt. Es kann jedoch nicht ausgeschlossen werden, dass es durch infizierte Reisende aus Madagaskar vereinzelt zu importierten Erkrankungen in Europa kommt.

Weitere Informationen zur Pest, darunter einen RKI-Ratgeber für Ärzte zu Pest, finden Sie auf der Internetseite des RKI (www.rki.de/pest). Aktuelle Lageberichte der WHO werden unter www.afro.who.int/health-topics/plague/plague-outbreak-situation-reports veröffentlicht.

An das zuständige Gesundheitsamt sind gemäß § 6 Abs. 1 IfSG Verdacht, Erkrankung und Tod an allen Formen der Pest und gemäß § 7 Abs. 1 IfSG der Nachweis von *Yersinia pestis* beim Menschen, soweit er auf eine akute Infektion hindeutet, meldepflichtig.

Das RKI führt keine reisemedizinische Beratung durch.

Literatur

1. Robert Koch-Institut: Gehäuftes Auftreten von Lungenpest in Madagaskar – Reiseassoziierte Fälle in Deutschland nicht auszuschließen. *Epid Bull* 2017;41:471 | DOI 10.17886/EpiBull-2017-054
2. WHO – AFRO: Plague Outbreak Madagascar – External Situation Report 07 (<http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/259385/1/Ex-PlagueMadagascar30102017.pdf>)

- Robert Koch-Institut | Abteilung für Infektionsepidemiologie | FG 35 Gastrointestinale Infektionen, Zoonosen und tropische Infektionen
- Vorgeschlagene Zitierweise:
Robert Koch-Institut: Update zum gehäuften Auftreten von Lungenpest in Madagaskar.
Epid Bull 2017;44:508 | DOI 10.17886/EpiBull-2017-061

Spezialdiagnostik

Konsiliarlabor für *Yersinia pestis*

Institution: Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr
Neuherbergstraße 11
80937 München

Ansprechpartner: Herr PD Dr. H. Scholz (Leitung)
Frau Dr. S. Zange (Zentralbereich Diagnostik)

Telefon: +49 (0)89 992692–2805 (PD Dr. Scholz)
+49 (0)89 992692–3808 (Dr. Zange, Diagnostik)

Telefax: +49 (0)89 992692–3983

E-Mail: holger1scholz@bundeswehr.org
SabineZange@bundeswehr.org

Homepage: <https://instmikrobiobw.de/einrichtungen/konsiliarlabore/konsiliarlabor-fuer-pest.html>

Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene

Institution: Robert Koch-Institut
ZBS2 (Hochpathogene mikrobielle Erreger)
Seestr. 10
13353 Berlin

Ansprechpartner: Prof. Dr. Roland Grunow

Telefon: +49 (0)30 18754–2100

Fax: +49 (0)30 18754–2110

E-Mail: GrunowR@rki.de

Homepage: www.rki.de/zbs2

Neuer Ausbruch von Marburgfieber in Ost-Uganda

In Ost-Uganda ist Mitte Oktober ein Marburgvirus-Ausbruch entdeckt worden. Gemäß den *Disease Outbreak News* der Weltgesundheitsorganisation (WHO) vom 29. Oktober 2017¹ und einer Presseerklärung des Gesundheitsministeriums von Uganda² werden aktuell 6 Fälle zu dem Ausbruch gezählt:

- ▶ ein Mann, der Jäger war und nahe einer Höhle mit Fledermäusen lebte (am 25. September 2017 verstorben, wahrscheinlicher Fall),
- ▶ dessen Schwester, die den Bruder gepflegt hatte und an dessen Beerdigung teilgenommen hatte (am 13. Oktober 2017 verstorben, laborbestätigter Fall),
- ▶ ein weiterer Bruder, der Kontakt zu der kranken bzw. toten Schwester hatte und sich lange der Isolierung entzog (am 25. Oktober 2017 verstorben, laborbestätigter Fall)
- ▶ sowie aktuell 3 Verdachtsfälle.

Bislang haben sich alle früheren Verdachtsfälle außerhalb der mit drei Toten betroffenen Familie nicht bestätigt. Sorge bereitet den Behörden und der WHO vor Ort jedoch, dass sich der am 25. Oktober 2017 verstorbene Fall bis kurz vor seinem Tod aktiv in der Region bewegt hat und viele Kontakte hatte, u. a. zu traditionellen Heilern. Mit Stand vom 24. Oktober 2017 werden noch 95 Kontakte, die möglicherweise mit dem Marburgvirus infiziert sind, nachverfolgt, um die Personen bei Ausbruch der Krankheit ggf. schnell isolieren zu können.

Der Ausbruchsort liegt an der Westseite des Mount Elgon. In dieser Region sind auf der kenianischen Ostseite

des Berges zwei Einzelfälle von Marburgvirus-Infektionen im Zusammenhang mit Fledermaushöhlen aus den 1980er Jahren bekannt.

Die WHO sieht ein hohes nationales Ausbreitungsrisiko der Marburgvirus-Infektionen sowie über die Grenze nach Kenia und bemüht sich daher um schnelle und koordinierte Gegenmaßnahmen. International besteht ansonsten eine geringe Ausbreitungswahrscheinlichkeit. Positiv zu bewerten ist, dass der erste erkrankte Fall typische Kriterien eines ersten Ausbruchsfall in einem Ebola- oder Marburgvirus-Ausbruch erfüllt, also das Opfers eines initialen Filovirus-„Spillovers“ aus dem Tierreich ist. Dies ist vereinbar damit, dass der Ausbruch sehr frühzeitig entdeckt wurde und dass die Wahrscheinlichkeit hoch ist, ihn rasch eindämmen zu können.

Das RKI führt keine reisemedizinische Beratung durch.

Literatur

1. WHO – AFRO: Weekly Bulletin on Outbreaks and other Emergencies, 27.10.2017 (<https://reliefweb.int/sites/reliefweb.int/files/resources/OEW43-2127102017.pdf>)
2. Gesundheitsministerium Uganda, Presseerklärung, 26.10.2017: <http://health.go.ug/download/file/fid/1666>

- Robert Koch-Institut | Abteilung für Infektionsepidemiologie | FG 35 Gastrointestinale Infektionen, Zoonosen und tropische Infektionen
- Vorgeschlagene Zitierweise:
Robert Koch-Institut: Neuer Ausbruch von Marburgfieber in Ost-Uganda. *Epid Bull* 2017;44:509 | DOI 10.17886/EpiBull-2017-062

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten															Berichtsmonat: August 2017 (Datenstand: 1. November 2017)		
Nichtnamentliche Meldungen des Nachweises ausgewählter Infektionen gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern																	
(Hinweise zu dieser Statistik s. <i>Epid. Bull.</i> 41/01: 311–314)																	
Land	Syphilis			HIV-Infektion			Malaria			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.				
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016		
	Aug.	Jan.–Aug.		Aug.	Jan.–Aug.		Aug.	Jan.–Aug.		Aug.	Jan.–Aug.		Aug.	Jan.–Aug.			
Baden-Württemberg	16	417	475	46	252	285	14	64	72	0	12	26	0	0	0		
Bayern	18	585	712	50	378	385	26	108	95	1	15	27	0	1	1		
Berlin	27	816	854	27	261	241	2	47	56	0	5	5	0	0	0		
Brandenburg	2	69	79	2	47	41	3	17	14	0	1	3	0	0	0		
Bremen	1	23	35	4	24	23	5	19	11	0	0	1	0	0	0		
Hamburg	11	265	211	13	128	144	15	54	43	1	1	0	0	0	0		
Hessen	8	276	338	16	157	165	11	57	48	0	7	11	0	0	0		
Mecklenburg-Vorpommern	2	60	54	1	32	35	0	8	3	0	1	0	0	0	1		
Niedersachsen	8	300	294	25	166	151	8	47	48	1	5	7	0	3	2		
Nordrhein-Westfalen	22	1.140	1.128	63	469	525	45	158	146	3	16	18	0	0	0		
Rheinland-Pfalz	5	147	162	11	87	100	2	17	27	0	2	7	0	1	1		
Saarland	1	32	57	2	25	16	1	4	3	1	1	2	0	0	0		
Sachsen	8	190	213	9	90	107	3	16	11	0	0	3	0	0	1		
Sachsen-Anhalt	0	83	77	4	41	47	2	16	6	0	0	0	0	0	0		
Schleswig-Holstein	4	84	52	7	37	34	3	15	13	0	1	0	0	0	0		
Thüringen	1	57	54	2	28	23	0	9	3	2	3	3	0	1	0		
Deutschland	134	4.544	4.795	282	2.222	2.322	140	656	599	9	70	113	0	6	6		

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland 41. Woche 2017 (Datenstand: 1. November 2017)

Land	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.
Baden-Württemberg	114	5.191	5.811	2	159	128	40	1.038	1.131	0	27	20
Bayern	170	6.853	7.164	7	242	228	40	1.917	1.484	2	64	65
Berlin	57	1.905	2.474	1	101	78	12	374	407	1	46	47
Brandenburg	31	1.368	1.812	0	32	47	9	271	354	0	8	5
Bremen	12	401	361	0	7	2	5	56	44	0	2	4
Hamburg	27	1.361	1.542	1	41	46	3	256	251	4	39	36
Hessen	74	3.484	4.001	1	47	37	18	637	702	1	21	38
Mecklenburg-Vorpommern	47	1.581	1.557	2	47	44	5	313	253	0	3	4
Niedersachsen	132	4.538	4.795	2	201	184	38	1.153	821	0	4	18
Nordrhein-Westfalen	326	15.822	17.979	11	271	276	59	2.212	2.187	1	37	45
Rheinland-Pfalz	74	3.056	3.289	3	101	102	17	541	596	0	18	26
Saarland	21	928	1.074	0	6	6	10	88	86	0	4	4
Sachsen	116	3.885	4.536	1	129	80	23	967	859	0	20	11
Sachsen-Anhalt	34	1.368	1.447	3	102	66	16	426	473	0	9	8
Schleswig-Holstein	51	1.868	1.897	3	66	59	10	350	236	1	8	4
Thüringen	45	1.625	1.785	1	47	27	16	585	536	0	8	11
Deutschland	1.331	55.243	61.538	38	1.599	1.410	321	11.184	10.422	10	318	346

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Gastroenteritis ⁺			Rotavirus-Gastroenteritis			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.
Baden-Württemberg	1	72	93	43	4.657	2.858	10	2.214	833	10	299	361	2	69	63
Bayern	5	257	263	70	6.063	4.867	8	4.227	2.050	16	463	437	3	136	113
Berlin	0	53	69	68	2.339	2.114	8	1.696	1.285	9	315	317	3	116	106
Brandenburg	1	67	96	34	1.779	2.496	8	2.095	1.587	2	74	90	3	65	55
Bremen	1	15	5	2	157	266	0	214	135	0	17	20	1	6	3
Hamburg	2	46	42	21	1.057	1.247	3	1.225	718	2	92	107	1	54	85
Hessen	1	121	145	14	2.538	1.974	4	1.885	1.182	4	175	195	2	87	97
Mecklenburg-Vorpommern	0	45	62	44	1.951	2.083	9	2.083	1.615	1	75	68	7	103	111
Niedersachsen	4	157	185	38	3.232	3.595	14	2.622	1.269	0	145	120	1	86	92
Nordrhein-Westfalen	6	347	466	107	12.086	8.646	33	5.218	2.803	13	445	517	7	256	310
Rheinland-Pfalz	4	85	136	25	3.791	2.193	3	1.153	640	0	95	102	0	27	34
Saarland	0	14	11	7	1.096	590	4	390	181	0	14	31	0	4	9
Sachsen	6	280	306	72	4.754	5.385	16	4.294	2.824	5	209	208	2	113	150
Sachsen-Anhalt	2	140	121	83	3.026	2.933	6	1.939	1.108	0	74	74	12	171	66
Schleswig-Holstein	2	50	40	11	1.159	1.126	4	1.019	634	1	57	53	0	20	63
Thüringen	10	180	198	39	2.632	2.762	8	2.637	1.409	0	40	59	1	26	24
Deutschland	45	1.929	2.240	678	52.323	45.144	138	34.921	20.273	63	2.589	2.759	45	1.340	1.381

In der wöchentlich veröffentlichten **aktuellen Statistik** wird auf der Basis des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) aus dem RKI zeitnah zum Auftreten meldepflichtiger Infektionskrankheiten berichtet. Drei Spalten enthalten jeweils **1. Meldungen**, die die Referenzdefinition erfüllen, in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen und dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden (s. <http://www.rki.de> > Infektionsschutz > Infektionsschutzgesetz > Falldefinitionen sowie im *Epidemiologischen Bulletin* 6/2015), **2. Kumulativwerte im laufenden Jahr**, **3. Kumulativwerte des entsprechenden Vorjahreszeitraumes**. Die Kumulativwerte ergeben sich aus der Summe übermittelter Fälle aus den ausgewiesenen Meldewochen, jedoch ergänzt um nachträglich erfolgte Übermittlungen, Korrekturen und Löschungen.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland 41. Woche 2017 (Datenstand: 1. November 2017)

Land	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B ⁺⁺			Hepatitis C ⁺⁺			Meningokokken, invasive Infektion			Tuberkulose		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.
Baden-Württemberg	5	52	64	8	346	271	23	550	414	0	27	40	9	553	613
Bayern	2	110	96	27	726	761	13	716	740	1	40	32	12	624	829
Berlin	0	137	40	3	130	55	7	209	299	0	13	34	0	0	312
Brandenburg	1	26	15	0	57	46	2	42	46	0	6	6	2	104	147
Bremen	0	6	2	0	8	8	0	7	4	0	2	4	4	37	51
Hamburg	0	33	23	2	47	113	1	107	87	0	2	4	9	162	162
Hessen	4	93	38	11	280	263	8	307	291	1	15	19	7	427	475
Mecklenburg-Vorpommern	0	18	10	0	27	40	1	37	33	0	4	6	0	66	61
Niedersachsen	1	51	54	3	92	103	9	236	228	2	22	24	7	275	315
Nordrhein-Westfalen	17	264	135	10	330	283	26	723	663	0	35	53	17	962	1.073
Rheinland-Pfalz	5	38	27	3	168	45	3	146	203	0	16	19	4	205	257
Saarland	0	21	7	1	19	18	0	22	22	0	2	3	3	39	29
Sachsen	0	25	11	5	221	276	3	152	196	0	7	7	4	168	177
Sachsen-Anhalt	0	15	17	4	57	51	0	61	75	0	6	5	2	111	122
Schleswig-Holstein	0	17	21	4	90	58	3	189	172	0	8	6	0	102	108
Thüringen	1	11	17	1	15	8	2	53	42	0	4	7	1	92	84
Deutschland	36	917	577	82	2.614	2.401	101	3.558	3.516	4	209	269	82	3.928	4.817

Land	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016	2017		2016
	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.	41.	1.–41.	1.–41.
Baden-Württemberg	0	44	21	1	39	63	0	0	2	20	1.194	1.204	48	2.354	2.893
Bayern	1	45	29	0	96	105	0	0	1	80	2.717	2.175	81	4.197	4.267
Berlin	0	64	73	0	26	43	0	0	3	7	521	835	18	1.064	1.777
Brandenburg	0	7	33	0	11	4	0	0	1	13	594	484	13	457	650
Bremen	0	3	1	0	3	6	0	0	0	1	83	44	5	324	233
Hamburg	0	8	9	0	13	11	0	0	6	10	479	319	3	314	434
Hessen	0	76	9	0	65	54	0	0	1	19	742	700	9	873	1.129
Mecklenburg-Vorpommern	0	1	1	0	7	7	0	0	0	13	499	138	1	129	150
Niedersachsen	0	15	16	1	45	33	0	1	1	11	680	605	21	1.081	1.052
Nordrhein-Westfalen	0	519	25	1	130	151	0	5	7	57	2.815	1.978	79	3.424	4.026
Rheinland-Pfalz	1	21	11	0	32	25	0	3	2	8	653	409	8	536	651
Saarland	0	2	0	0	3	6	0	0	0	3	149	40	2	84	101
Sachsen	0	69	32	1	11	16	0	1	1	12	671	404	13	1.196	1.591
Sachsen-Anhalt	0	9	3	1	13	15	0	0	0	14	445	202	3	313	309
Schleswig-Holstein	0	9	4	1	19	26	0	0	1	5	341	244	2	632	485
Thüringen	0	6	6	0	5	9	0	5	0	13	616	564	4	333	220
Deutschland	2	898	273	6	518	574	0	15	26	286	13.202	10.345	310	17.314	19.972

⁺ Es werden ausschließlich laborbestätigte Fälle von Norovirus-Gastroenteritis in der Statistik ausgewiesen.

⁺⁺ Dargestellt werden Fälle, die vom Gesundheitsamt nicht als chronisch (Hepatitis B) bzw. nicht als bereits erfasst (Hepatitis C) eingestuft wurden (s. *Epid. Bull.* 46/05, S. 422).

Allgemeiner Hinweis: Wegen Verwendung veralteter Softwareversionen werden die übermittelten Fälle aus folgenden Landkreisen (LK) seit der 1. Meldewoche 2017 nicht ausgewiesen: LK Prignitz und LK Teltow-Fläming sowie übermittelte Fälle aus dem Berliner Bezirk Treptow-Köpenick und dem Zentrum für tuberkulosekranke- und gefährdete Menschen in Berlin.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

41. Woche 2017 (Datenstand: 1. November 2017)

Krankheit	2017	2017	2016	2016
	41. Woche	1.–41. Woche	1.–41. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	11	521	517	727
Brucellose	0	33	31	36
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	25	49	74
<i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	54	2.212	1.814	2.334
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	53	79	98
Denguefieber	10	415	833	955
FSME	5	392	320	347
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	2	89	57	69
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	16	619	467	626
Hantavirus-Erkrankung	7	1.584	200	282
Hepatitis D	0	16	28	34
Hepatitis E	54	2.239	1.562	1.993
Influenza	21	91.521	61.620	65.665
Legionellose	28	1.002	796	993
Leptospirose	6	94	72	93
Listeriose	21	613	569	704
Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	44	2.119	2.587	3.161
Ornithose	0	9	9	9
Paratyphus	0	34	28	36
Q-Fieber	3	90	257	274
Trichinellose	0	1	4	4
Tularämie	1	39	23	41
Typhus abdominalis	0	68	50	60

* Übermittelte Fälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK

Neu erfasste Erkrankungen von besonderer Bedeutung

Diphtherie

Bayern, 81 Jahre, männlich (*C. ulcerans*, Hautdiphtherie)

Bayern, 75 Jahre, männlich (*C. ulcerans*, Hautdiphtherie)

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 43. Kalenderwoche (KW) 2017

Die Aktivität der akuten Atemwegserkrankungen (ARE) ist in der 43. Kalenderwoche (KW) 2017 im Vergleich zur Vorwoche bundesweit leicht gestiegen, die Werte des Praxisindex lagen insgesamt im Bereich der ARE-Hintergrund-Aktivität und damit auf einem für die Jahreszeit üblichen Niveau. Im Nationalen Referenzzentrum für Influenza (NRZ) wurden in der 43. KW 2017 in 25 (29%) von 85 Sentinelproben respiratorische Viren identifiziert. Es wurden vorrangig Rhinoviren detektiert. Vereinzelt sind Infektionen mit Adeno- oder RSV-Viren aufgetreten. Influenzaviren wurden keine nachgewiesen. In der 43. Meldewoche (MW) wurden nach Infektionsschutzgesetz (IfSG) bislang 34 labordiagnostisch bestätigte Influenzafälle an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt. Damit sind 138 Fälle seit der 40. MW 2017 übermittelt worden (Datenstand 1.11.2017).

Internationale Situation

Ergebnisse der europäischen Influenzasurveillance

Von den 40 Ländern, die für die 42. KW 2017 Daten an TESSy (*The European Surveillance System*) sandten, berichteten 39 Länder (darunter Deutschland) über eine geringe Influenza-Aktivität, Malta berichtete über eine mittlere Influenza-Aktivität. Von 500 Sentinelproben sind 14 Proben positiv auf Influenza getestet worden: In drei Proben wurden nicht subtypisierte Influenza-A-Viren nachgewiesen, in vier Proben Influenza-A(H3N2)-Viren, in zwei Proben Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren und in fünf Proben wurden Influenza-B-Viren nachgewiesen. Bei den seit der 40. KW 2017 berichteten Influenza-B-Viren, bei denen die Linie bestimmt wurde (9/15), handelte es sich um die Yamagata-Linie. Weitere Informationen und Karten zur Influenza-Intensität und -ausbreitung, zum Trend und zum dominierenden Influenzotyp bzw. -subtyp sind abrufbar unter: www.flunewseurope.org/.

Quelle; Wochenbericht der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI für die 43. KW 2017
<https://influenza.rki.de>

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Tel.: 030.18754-0
E-Mail: EpiBull@rki.de

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

Redaktion

► Dr. med. Jamela Seedat (v. i. S. d. P.)

Tel.: 030.18754-2324

E-Mail: Seedatj@rki.de

Dr. rer. nat. Astrid Milde-Busch (Vertretung)

► Redaktionsassistentin: Francesca Smolinski

Tel.: 030.18754-2455

E-Mail: SmolinskiF@rki.de

Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

Das Epidemiologische Bulletin

gewährleistet im Rahmen des infektionsepidemiologischen Netzwerks einen raschen Informationsaustausch zwischen den verschiedenen Akteuren – den Ärzten in Praxen, Kliniken, Laboratorien, Beratungsstellen und Einrichtungen des öffentlichen Gesundheitsdienstes sowie den medizinischen Fachgesellschaften, Nationalen Referenzzentren und den Stätten der Forschung und Lehre – und dient damit der Optimierung der Prävention. Herausgeber und Redaktion erbitten eine aktive Unterstützung durch die Übermittlung allgemein interessierender Mitteilungen, Analysen und Fallberichte. Das Einverständnis mit einer redaktionellen Überarbeitung wird vorausgesetzt.

Das *Epidemiologische Bulletin* erscheint in der Regel wöchentlich (50 Ausgaben pro Jahr). Die Printversion wurde zum Jahresende 2016 eingestellt. Wir bieten einen E-Mail-Verteiler an, der wöchentlich auf unsere neuen Ausgaben hinweist. Gerne können Sie diesen kostenlosen Verteiler in Anspruch nehmen. Die Anmeldung findet über unsere Internetseite (s. u.) statt.

Die Ausgaben ab 1996 stehen im Internet zur Verfügung: www.rki.de/epidbull

Hinweis: Inhalte externer Beiträge spiegeln nicht notwendigerweise die Meinung des Robert Koch-Instituts wider.

Nachdruck

mit Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen Zwecken. Belegexemplar erbitten. Die Weitergabe in elektronischer Form bedarf der Zustimmung der Redaktion.

ISSN 1430-0265 (Druck)

PVKZ A-14273