

# Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2017



# **Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2017**

Datenstand: 1. März 2018

## Vorwort

Wissenschaftlicher Fortschritt und Digitalisierung erzeugen neue Möglichkeiten, an die Surveillancesysteme angepasst werden müssen. Dies trifft auch für das Meldesystem gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) zu.

Im Rahmen einer Novellierung fand 2017 die umfangreichste Änderung des IfSG seit seiner Einführung im Jahr 2001 statt. Das aktuelle Meldesystem soll durch Einführung des Deutschen Elektronischen Melde- und Informationssystems für den Infektionsschutz (DEMIS) modernisiert werden. Unter Berücksichtigung der hohen technischen Anforderungen an Datenschutz und Datensicherheit werden Gesundheitsdaten und andere Datenquellen durch die Interoperabilität mit anderen Systemen besser für den Infektionsschutz verfügbar gemacht.

Mit der IfSG-Novellierung wurden aber auch zahlreiche Änderungen implementiert, von denen wir uns schon vor Einführung von DEMIS viele Verbesserungen im Meldesystem erhoffen, z. B. für den Ausbau der molekularen Surveillance und die intersektorale Zusammenarbeit (z. B. zwischen Human- und Veterinärmedizinern).

Neben der IfSG-Novellierung wirkt sich auch die Einführung der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung im Mai 2016 auf das diesjährige

Jahrbuch aus. Daten zu den mitten im Jahr 2016 eingeführten bzw. erweiterten Meldepflichten liegen für 2017 erstmals für das gesamte Kalenderjahr vor und werden daher im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2017 in neuen Kapiteln präsentiert. Dazu zählen u. a. Infektionen bzw. Kolonisationen mit *Acinetobacter* spp. und Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit sowie Arbovirus-Erkrankungen, einschließlich der Zikavirus-Erkrankung.

Die technischen Herausforderungen beim Umbau der Datenbank und der Automatisierung von Bewertungsprozessen waren gewaltig und führten dazu, dass zum Redaktionsschluss am 01.03.2018 keine Daten zu HIV zur Verfügung stehen konnten. Die zeitnahe und zuverlässige Bereitstellung aller Meldedaten wird im RKI intensiv verfolgt.

Wir danken allen am Meldesystem Beteiligten für ihren wichtigen Beitrag. Ohne Ihren Einsatz wäre weder die erfolgreiche Umsetzung des Infektionsschutzes in Deutschland noch in der Folge die Erstellung dieses Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs möglich.

Prof. Dr. Lothar H. Wieler  
Präsident des Robert Koch-Instituts, Berlin

# Inhalt

<b>Vorwort</b> .....	3
<b>Inhalt</b> .....	5
<b>Beteiligte Mitarbeiter</b> .....	7
<b>Abkürzungen</b> .....	8
<b>1 Zusammenfassung/Executive Summary</b> .....	9
<b>2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten</b> .....	13
2.1 Gesetzliche Grundlagen .....	13
2.2 Datengrundlage .....	19
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten .....	25
<b>3 Datenqualität</b> .....	27
3.1 EDV-technische Unterstützung .....	27
3.2 Sicherung der Datenqualität .....	28
3.3 Vollzähligkeit der Erfassung .....	29
3.4 Vollständigkeit der Datensätze .....	31
3.5 Zeitnähe .....	31
<b>4 Krankheitsübergreifende Auswertung</b> .....	35
4.1 Inzidenzen .....	35
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten .....	35
4.3 Klinische Aspekte .....	39
<b>5 Ausbrüche</b> .....	43
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche .....	44
5.2 Gruppen von Ausbrüchen .....	45
<b>6 Spezielle Krankheiten</b> .....	51
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation ( <i>Acinetobacter</i> spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) ..	51
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis .....	55
6.3 Arbovirus-Erkrankung .....	58
6.4 Botulismus .....	59
6.5 Brucellose .....	60
6.6 <i>Campylobacter</i> -Enteritis .....	61
6.7 Chikungunyavirus-Erkrankung .....	65
6.8 Cholera .....	66
6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit) .....	67
6.10 <i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform .....	69
6.11 Denguefieber .....	73
6.12 Diphtherie .....	76
6.13 Echinokokkose .....	77
6.14 EHEC-Erkrankung .....	81
6.15 Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) .....	85
6.16 Fleckfieber .....	89

6.17	FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis) . . . . .	90
6.18	Giardiasis . . . . .	95
6.19	<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion . . . . .	98
6.20	Hantavirus-Erkrankung . . . . .	102
6.21	Hepatitis A . . . . .	105
6.22	Hepatitis B . . . . .	110
6.23	Hepatitis C . . . . .	116
6.24	Hepatitis D . . . . .	121
6.25	Hepatitis E . . . . .	123
6.26	HIV-Infektion . . . . .	125
6.27	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch . . . . .	126
6.28	Influenza . . . . .	129
6.29	Keuchhusten . . . . .	137
6.30	Kryptosporidiose . . . . .	143
6.31	Läuserückfallfieber . . . . .	147
6.32	Legionellose . . . . .	147
6.33	Lepra . . . . .	152
6.34	Leptospirose . . . . .	153
6.35	Listeriose . . . . .	155
6.36	Malaria . . . . .	159
6.37	Masern . . . . .	162
6.38	Meningokokken, invasive Infektion . . . . .	169
6.39	Milzbrand . . . . .	174
6.40	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion . . . . .	174
6.41	Mumps . . . . .	178
6.42	Norovirus-Gastroenteritis . . . . .	183
6.43	Ornithose . . . . .	187
6.44	Paratyphus . . . . .	188
6.45	Pest . . . . .	189
6.46	Poliomyelitis . . . . .	189
6.47	Q-Fieber . . . . .	190
6.48	Rotavirus-Gastroenteritis . . . . .	192
6.49	Röteln . . . . .	198
6.50	Salmonellose . . . . .	202
6.51	Shigellose . . . . .	206
6.52	Syphilis . . . . .	210
6.53	Tollwut . . . . .	214
6.54	Toxoplasmose, konnatale Infektion . . . . .	214
6.55	Trichinellose . . . . .	216
6.56	Tuberkulose . . . . .	217
6.57	Tularämie . . . . .	221
6.58	Typhus abdominalis . . . . .	222
6.59	Virale Hämorrhagische Fieber . . . . .	224
6.60	Windpocken . . . . .	226
6.61	Yersiniose . . . . .	231
6.62	Zikavirus-Erkrankung . . . . .	235
6.63	Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung . . . . .	237
	<b>Impressum . . . . .</b>	<b>241</b>

## Autoren

Muna Abu Sin  
Mona Askar  
Susanne Behnke  
Viviane Bremer  
Bonita Brodhun  
Udo Buchholz  
Silke Buda  
Tanja Charles  
Michaela Diercke  
Sandra Dudareva-Vizule  
Tim Eckmanns  
Julia Enkelmann  
Werner Espelage  
Mirko Faber  
Gerd Falkenhorst  
Christina Frank  
Martyna Gassowski  
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer  
Jane Hecht  
Wiebke Hellenbrand  
Alexandra Holzer  
Klaus Jansen  
Anja Klingeberg  
Judith Koch  
Theresa Kreuzsch  
Raskit Lachmann  
Anja von Laer  
Ulrich Marcus  
Adine Marquis  
Dorothea Matysiak-Klose  
Lynn Meurs  
Kai Michaelis  
Astrid Milde-Busch  
Annicka Reuss

Eugenia Romo Ventura  
Bettina Rosner  
Julia Schilling  
Nicole Schmidt  
Juliane Seidel  
Anette Siedler  
Klaus Stark  
Gyde Steffen  
Anja Takla  
Sabine Vygen-Bonnet  
Ole Wichmann  
Hendrik Wilking  
Ruth Zimmermann

## Redaktion

Doris Altmann  
Mona Askar  
Hermann Claus  
Michaela Diercke  
Inge Mücke  
Juliane Seidel

## Weitere Mitarbeiter

Frauke Assmus  
Pauline Gau  
Elke Missa  
Kerstin Prahm  
Andrea Sailer

## Abkürzungen

<b>Abs.</b>	Absatz
<b>AGI</b>	Arbeitsgemeinschaft Influenza
<b>AIDS</b>	Acquired Immune Deficiency Syndrome (erworbenes Immundefizienz-Syndrom)
<b>AK</b>	Antikörper
<b>CJK (CJD)</b>	Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (Creutzfeldt-Jakob Disease)
<b>ECDC</b>	European Centre for Disease Prevention and Control
<b>EHEC</b>	Enterohämorrhagische <i>Escherichia coli</i>
<b>Einw.</b>	Einwohner
<b>ELISA</b>	Enzyme Linked Immunosorbent Assay
<b>Erkr.</b>	Erkrankungen
<b>FD</b>	Falldefinition
<b>FSME</b>	Frühsommer-Meningoenzephalitis
<b>HIV</b>	Humanes Immundefizienz-Virus
<b>HUS</b>	Hämolytisch-urämisches Syndrom
<b>IfSG</b>	Infektionsschutzgesetz
<b>IfSG-MeldAnpV</b>	Infektionsschutzgesetz-Meldepflicht-Anpassungsverordnung
<b>IGV</b>	Internationale Gesundheitsvorschriften
<b>IPV</b>	inaktivierte Polio-Vakzine
<b>ISO</b>	International Organization for Standardization
<b>i.m.</b>	intramuskulär
<b>i. v.</b>	intravenös
<b>LK</b>	Landkreis
<b>MERS-CoV</b>	Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus
<b>MRSA</b>	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i>
<b>MSM</b>	Männer, die Sex mit Männern haben
<b>NAT</b>	Nukleinsäure-Amplifikationstest
<b>NRZ</b>	Nationales Referenzzentrum
<b>OPV</b>	orale Polio-Lebendvakzine
<b>PFGE</b>	Pulsfeld-Gelelektrophorese
<b>PCR</b>	Polymerase Chain Reaction (Polymerase-Kettenreaktion)
<b>PLZ</b>	Postleitzahl
<b>RD</b>	Referenzdefinition
<b>RKI</b>	Robert Koch-Institut
<b>RNA</b>	Ribonucleic acid (Ribonukleinsäure)
<b>RT-PCR</b>	Real-time PCR
<b>spp.</b>	Spezies (pl.)
<b>STI</b>	Sexually Transmitted Infections
<b>STIKO</b>	Ständige Impfkommission am Robert Koch-Institut
<b>subsp.</b>	Subspezies
<b>SurvNet@RKI</b>	Software zur Eingabe, Verwaltung, Übermittlung und Auswertung von Meldedaten für den Öffentlichen Gesundheitsdienst, die vom RKI entwickelt wurde
<b>SurvStat@RKI</b>	Software zur Auswertung von Meldedaten, die das RKI der Fachöffentlichkeit online im Internet zur Verfügung stellt
<b>WBK</b>	Weitere Bedrohliche Krankheit
<b>WHO</b>	World Health Organization (Weltgesundheitsorganisation)
<b>ZNS</b>	Zentralnervensystem

# 1 Zusammenfassung

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden die an das Robert Koch-Institut (RKI) gemeldeten bzw. übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet.

Im Mai 2016 wurden mit der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung neue Meldepflichten eingeführt und mit bestehenden Meldepflichten aus weiteren Verordnungen zusammengeführt. Während die darauf basierenden Daten für invasive **MRSA-Infektionen**, ***Clostridium-difficile*-Erkrankungen** mit klinisch schwerem Verlauf, **Chikungunyavirus-** und **Zikavirus-Erkrankungen** bereits im Vorjahr im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht werden konnten, werden im Jahr 2017 erstmalig Daten zu **Carbapenem-nichtempfindlichen Erregern** dargestellt. Die Anzahl der übermittelten Fälle zeigt eine gute Akzeptanz der Meldepflicht, Fälle wurden aus allen Bundesländern übermittelt.

Wie auch im Vorjahr sind gastrointestinale Krankheiten, wie **Norovirus-Gastroenteritis**, ***Campylobacter*-Enteritis** und **Rotavirus-Gastroenteritis**, sowie die impfpräventablen Krankheiten **Influenza** und **Windpocken** die 5 häufigsten meldepflichtigen Infektionskrankheiten. Die Anzahl der übermittelten Influenza-Erkrankungen spiegelt eine starke Grippewelle im Vergleich zum Vorjahr wider.

Steigende Fallzahlen waren im Jahr 2017 u. a. bei **Hepatitis E** und **Keuchhusten** zu beobachten. Bei anderen meldepflichtigen Krankheiten war über die letzten Jahre ein deutlicher Rückgang der Fallzahlen, nicht zuletzt aufgrund wirksamer Präventionsmaßnahmen im Bereich Infektionsschutz, zu beobachten. Die bessere Implementierung von Hygienemaßnahmen in Krankenhäusern wird wahrscheinlich zum seit Jahren zu beobachtenden deutlichen Rückgang der invasiven **MRSA-Infektionen** beigetragen haben.

Bei einigen Krankheiten beeinflussen größere Ausbruchsgeschehen die Fallzahlen und führen zu erheblichen Schwankungen über die Jahre, im Jahr 2017 z. B. bei **Masern**, **HUS** und **Hepatitis A**. Der größte Masernausbruch im Jahr 2017 umfasste 465 Fälle und begann im Februar 2017 in Duis-

burg und weitete sich auf weitere Stadt- und Landkreise in Nordrhein-Westfalen aus. Zur Erhöhung der **Hepatitis-A-Erkrankungen** im Vergleich zum Vorjahr hat ein europaweiter Ausbruch beigetragen, der in Deutschland insbesondere Berlin betraf. Ein größerer **HUS-Ausbruch** begann bereits im Dezember 2016, die Mehrzahl der Betroffenen in diesem Ausbruch erkrankte im Januar und Februar 2017. Der Ausbruchsstamm war ein sorbitol-fermentierender Shigatoxin-2-bildender EHEC O157. Es handelte sich um einen protrahierten, geografisch diffusen Ausbruch mit Schwerpunkt in Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen, Bremen und Berlin. Mittels einer Fall-Kontroll-Studie wurde abgepacktes Hackfleisch als wahrscheinliche Infektionsquelle ermittelt.

Die molekulare Surveillance spielt bei der Erkennung von Ausbruchsgeschehen eine immer wichtigere Rolle. Bei einem seit 2013 beobachteten Ausbruch von **Listeriose-Fällen** mit identischem Feintypisierungsmuster (Pulsfeld-Gelelektrophorese) und identischem Sequenztyp (Whole genome sequencing) der *Listeria-monocytogenes*-Isolate konnte im Jahr 2017 ein fleischverarbeitender Betrieb als Ursache identifiziert werden. Durch den genetischen Vergleich der Umweltproben mit vorliegenden Isolaten aus Patientenmaterial ist es auch bei der **Legionellose** möglich, ursächliche Infektionsquellen zu identifizieren. Jedoch werden bei fast allen Krankheiten die Typisierungsergebnisse weiterhin mit unzureichender Vollständigkeit den Fällen zugeordnet und übermittelt. Dass die Typisierungsergebnisse an die Gesundheitsämter gemeldet werden müssen, wurde im Rahmen der IfSG-Novellierung 2017 durch explizite Nennung als Melde- und Übermittlungsinhalt klargestellt.

Durch Ausbruchsuntersuchungen können Übertragungswege identifiziert, denen ggf. in der Vergangenheit weniger Bedeutung beigemessen wurde. Ungewöhnlich war im Jahr 2017 ein Ausbruch mit 8 **FSME-Fällen**, der durch Rohmilch verursacht worden war. Die Übertragung des FSME-Virus durch Rohmilch (in diesem Fall Ziegenmilch-Frischkäse) wurde in Deutschland seit Implementierung des IfSG im Jahr 2001 bereits

einmal im Jahr 2016 bei 2 Touristen beschrieben. Auch bei den beiden größten *Campylobacter-Enteritis*-Ausbrüchen mit 47 Erkrankungen in Nordrhein-Westfalen und 33 Erkrankungen in Thüringen wurde als Infektionsvehikel jeweils Rohmilch aus einem Rohmilchabgabeautoamten (sogenannte »Milchtankstellen«) verdächtigt. Diese Ausbruchsgeschehen unterstreichen eindrücklich, dass Rohmilchverzehr vermieden werden sollte.

Von starken Schwankungen geprägt sind typischerweise auch die **Hantavirus-Erkrankungen** aufgrund des Zusammenhangs mit der Dichte der Nagetierpopulationen und der Buchenmast der Vorjahre. Im Jahr 2017 war die Fallzahl wieder sehr hoch, erreichte aber nicht das Niveau des bisherigen Rekordjahres 2012.

Bei einem Großteil der impfpräventablen Krankheiten, z. B. **FSME**, **Hepatitis A**, **Windpocken** und **Keuchhusten**, traten die meisten Erkrankungen bei Ungeimpften auf, obwohl eine wirksame Schutzimpfung zur Verfügung steht. Zudem ist die Überwachung der Serogruppenverteilung (z. B. bei invasiven **Meningokokken-Infektionen**) und des Impfstatus der Fälle sowie der Impfquoten in der Bevölkerung für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Impfungen gegen weitere Serogruppen und Auffrischimpfungen unerlässlich.

Das Auftreten anderer Krankheiten, z. B. **Chikungunyavirus-Erkrankung**, **Denguefieber** und **Zikavirus-Erkrankung**, ist stark von der Schwankungen unterliegenden epidemiologischen Situation in den Infektionsländern und den Reiseströmen abhängig.

Der seit Jahren zu beobachtende Trend zunehmender Fallzahlen von **Hepatitis-E-Erkrankungen** hat sich auch in 2017 fortgesetzt. Wahrscheinlich ist dies auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzte und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen. Auch bei anderen Krankheiten, z. B. **EHEC-Enteritis** und **Leptospirose** ist unklar, inwieweit die Fallzahlen durch zunehmende Labordiagnostik beeinflusst werden.

Neben länger andauernden Trends und Ausbruchsgeschehen können aber auch andere Effekte Einfluss auf die Veränderung der Fallzahlen haben, die bei der Interpretation der Fallzahlen berücksichtigt werden sollten. So beeinflusst auch die Änderung der Faldefinitionen, insbesondere der Referenzdefinition, die Fallzahlen, z. B. bei **Hepatitis B**. Auch die Zunahme der gemeldeten **Clostridium-difficile-Erkrankungen** mit schwerem Verlauf kann größtenteils auf die Änderung eines Meldekriteriums im Jahr 2016 zurückgeführt werden.

## Executive Summary

This Infectious Disease Epidemiology Annual Report provides a summary of notifications of infectious diseases reported to the Robert Koch Institute in 2017.

With the amendment of the German Prevention and Control of Infectious Diseases Act in May 2016, new reporting requirements were introduced and integrated into existing notification regulations.

As a result of the new requirements, data on **MRSA** infections, *Clostridium difficile* infections with a severe clinical course, **chikungunya** virus, and **West Nile virus** have been already published in the 2016 Infectious Disease Epidemiology Annual Report. Data on **carbapenem-resistant pathogens** reported in 2017 have been compiled and are included in the current report for the first time. The number of notified cases as well as the fact that notifications came from all German states indicate a good acceptance of the newly introduced requirements.

As in the previous year, the gastrointestinal diseases **norovirus gastroenteritis**, *Campylobacter enteritis* and **rotavirus gastroenteritis** and vaccine-preventable diseases **influenza** and **chickenpox** were among the five most commonly reported notifiable diseases. The number of notified influenza cases reflects an intense flu season in comparison to the previous year.

An increase in reported cases of **Hepatitis E** and **whooping cough** was seen in 2017. For other notifiable diseases, a significant drop in the number of reported cases, likely as a result of effective infection control measures, was observed over the last few years. The improved implementation of hygiene measures in hospitals also likely contributed to the reduction in reported **invasive MRSA infections**.

Significant variation in the number of **measles**, **HUS**, and **Hepatitis A** notifications in 2017 as well as over the past several years can be attributed to the occurrence of large outbreaks. The largest measles outbreak, which involved 465 reported cases, began in February 2017 in Duisburg, North Rhine-Westphalia and then spread throughout the

state. An increase in reported Hepatitis A cases compared to the previous year, particularly in Berlin, was connected with an EU-wide outbreak. A large, geographically diffuse HUS outbreak with cases in North Rhine-Westphalia, Lower Saxony, Bremen and Berlin began in December 2016. The majority of cases were reported in January and February 2017; the outbreak involved Sorbitol-fermenting Shigatoxin 2-producing **STEC O157**. A case-control study indicated ground meat as a possible infection source.

Molecular surveillance plays an increasingly important role in the detection of outbreaks. The source of a multi-year outbreak of **Listeriosis** identified in 2013 with identical typing profiles (pulsed-field gel electrophoresis) and identical sequence type (whole genome sequencing) was determined to be a meat-processing plant. Through the comparison of environmental samples with samples from reported *Legionella* cases, molecular techniques also enable identification of the source of outbreaks. However, for the majority of notifiable diseases, molecular typing results are incomplete or not reported. The 2017 amendment of the the Infection Protection Act emphasizes that molecular typing results have to be included in disease notifications.

Through outbreak investigations, sources of transmission were identified that had not previously played an important role in outbreaks. For example, in 2017, an outbreak of **tick-borne encephalitis (TBE)** with 8 cases due to consumption of raw milk was reported. This is only the second outbreak of TBE associated with the consumption of raw milk since 2001. The first outbreak was reported in 2016 with two tourists that had consumed fresh goat cheese. Raw milk from automated vending machines was also identified as the possible source for two *Campylobacter* outbreaks, one in North Rhine-Westphalia and one in Thuringia, which involved 47 and 33 cases respectively. These outbreaks highlight that consumption of raw milk and raw milk products should be avoided.

The occurrence of **Hantavirus** cases is variable due to the influence of the population density of rodents as well as masting of beech trees from the previous year. The number of reported cases in 2017 was high; however, it did not exceed the highest number of reported cases which occurred in 2012.

For a large number of vaccine-preventable diseases with available, licensed vaccines, e.g., **tick-borne encephalitis**, **Hepatitis A**, **chickenpox**, cases mostly occurred in non-vaccinated patients. The surveillance of serogroup distribution (e.g. of invasive **meningococcal infections**), the vaccination status of the cases, as well as vaccination quotas in the population are necessary for the evaluation of the impact of recommended vaccinations, determination of the need for booster vaccinations, as well as the implementation of vaccination against additional serogroups.

The occurrence of other diseases, e.g., **chikungunya virus**, **dengue virus**, and **Zika virus** disease is strongly dependent on the epidemiological

situation in endemic countries as well as the travel patterns of tourists.

In 2017, a continued increase in the number of reported **Hepatitis E** cases, which has occurred over the past several years, was observed. The increase can possibly be attributed to increased awareness among physicians and an increase in samples submitted for testing. For other diseases, e.g., **STEC** infection and **Leptospirosis**, it is also not clear if the increase in the number of cases is due to an increase in the number of samples submitted for testing.

In addition to reported trends and outbreaks, there are other factors that need to be taken into account when interpreting the number of reported cases. For example, the updating of the reference definition for **Hepatitis B** influenced the number of reported cases. Additionally, the increase in the number of reported cases of *Clostridium difficile* infection with severe clinical course can be attributed to a change in the notification criteria that was implemented in 2016.

## 2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten

### 2.1 Gesetzliche Grundlagen

#### Infektionsschutzgesetz

Das am 01.01.2001 in Kraft getretene Infektionsschutzgesetz (IfSG) regelt, welche Krankheiten und welche Nachweise von Erregern bundesweit meldepflichtig sind. In § 6 IfSG ist festgelegt, welche Krankheiten bei Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod an der Krankheit meldepflichtig sind. Bei der Auswahl der Krankheiten wurden sowohl die Gefährlichkeit der Krankheit, gemessen an Schwere des Krankheitsverlaufs, Letalität und Ausbreitungsgefahr in der Bevölkerung, als auch das Erfordernis von Maßnahmen seitens der Gesundheitsbehörden berücksichtigt. In § 7 IfSG ist festgelegt, welche Nachweise von Krankheits-erregern meldepflichtig sind. Hier wird zwischen den Erregernachweisen, die eine direkte Maßnahme der Gesundheitsämter erfordern können und deshalb namentlich an diese zu melden sind, und den Erregernachweisen unterschieden, bei denen das Gesundheitsamt im Einzelfall nicht unmittelbar tätig werden muss und die deshalb nicht-namentlich direkt an das RKI gemeldet werden. Daneben ist das gehäufte Auftreten von Erkrankungen bzw. Erregernachweisen zu melden.

Weiterhin legt das IfSG fest, welche Personen zur Meldung verpflichtet sind, welche Angaben die Meldungen enthalten müssen und welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt werden. Seit Einführung des IfSG wurde die Meldepflicht durch Gesetzesänderungen und Verordnungen mehrmals erweitert, um sie an die epidemische Lage anzupassen. Die letzte und bisher umfangreichste Änderung erfolgte mit Inkraft-Treten des Gesetzes zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten am 25.07.2017.

#### Erweiterung der Meldepflicht

##### **Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze**

Seit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« am 03.08.2011 wird ein gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt gemeldetes, gehäuftes Auftreten nosokomialer Infektionen gemäß § 11 Abs. 2 IfSG an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt.

##### **IGV-Durchführungsgesetz**

Am 29.03.2013 trat das »Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) (IGV-Durchführungsgesetz – IGV-DG)« in Kraft. Neben einer Verkürzung der Übermittlungsfristen auf einen Arbeitstag wurde unter anderem die Meldepflicht auf die Krankheiten Mumps, Keuchhusten, Röteln und Windpocken sowie die Nachweise von deren Erregern *Bordetella pertussis* und *Bordetella parapertussis*, Mumpsvirus, Rubellavirus und Varicella-Zoster-Virus erweitert.

##### **IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung**

Zum 01.05.2016 ist die Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSGMeldAnpV) in Kraft getreten. Mit der IfSGMeldAnpV wurden Meldepflichten für *Clostridium-difficile*-Infektionen mit klinisch schwerem Verlauf und Nachweise von Enterobacteriaceae und *Acinetobacter* spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit sowie für Nachweise von Arboviren, z. B. Chikungunyavirus, West-Nil-Virus, Zikavirus, eingeführt. Die Meldepflicht für aviäre Influenza, die seit 2007 durch die Aviäre-Influenza-Meldepflicht-Verordnung bestanden hatte, wurde auf zoonotische Influenza ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von Methicillin-resistenten Stämmen von *Staphylococcus aureus* (MRSA) aus Blut oder Liquor, die im Jahr 2009 mit der Labormeldepflicht-Anpassungsverordnung eingeführt worden war, wurde in die IfSGMeldAnpV übernommen.

### **Gesetz zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten**

Am 25.07.2017 ist das Gesetz zur Modernisierung der epidemiologischen Überwachung übertragbarer Krankheiten in Kraft getreten. Dieses Gesetz umfasst die umfangreichste Änderung des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) seit dessen Einführung im Jahr 2001. Ziel des Gesetzes ist die Modernisierung des bestehenden Meldesystems. Die zentrale Regelung in § 14 schafft die Basis für das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS), das bis Ende 2020 implementiert werden soll. Gleichzeitig wurden mit dem Gesetz weitere umfangreiche Anpassungen des IfSG vorgenommen, die auch schon vor Einführung von DEMIS das bestehende Meldesystem für Infektionskrankheiten verbessern. Neben Verbesserungen für die Arbeit in den Gesundheitsämtern, der besseren Erfassung von Krankenhausinfektionen wurden auch die Melde- und Benachrichtigungspflichten erweitert. So wurde die Meldepflicht für Nachweise von Hepatitis-B-Virus, Hepatitis-C-Virus und Hepatitis-D-Virus auf alle Nachweise unabhängig vom klinischen Bild (symptomatisch oder asymptomatisch) und Stadium (akut oder chronisch) ausgedehnt. Die Meldepflicht für den Nachweis von *Corynebacterium diphtheriae* (Toxin bildend) und von *Yersinia enterocolitica* (darmpathogen) wurde auf die Nachweise anderer Spezies von Toxin bildenden Corynebakterien und darmpathogenen Yersinien ausgedehnt. Zudem sind nun alle Norovirus- Nachweise unabhängig vom Untersuchungsmaterial meldepflichtig, soweit sie auf eine akute Infektion hinweisen. Als Melde- und Übermittlungsinhalte (§ 9 und § 11 IfSG) werden nun explizit weitere Angaben aufgeführt, die für die epidemiologische Bewertung der aufgetretenen Infektionskrankheiten von entscheidender Bedeutung sind. Dies betrifft u. a. den Impfstatus, Angaben zur intensivmedizinischen Behandlung sowie bei Tuberkulose, Hepatitis B und Hepatitis C Angaben zum Geburtsstaat, der Staatsangehörigkeit und dem Jahr der Einreise.

### **Zur Meldung verpflichtete Personen**

In § 8 IfSG werden die zur Meldung verpflichteten Personen benannt:

#### **Meldepflichtig für Meldungen von Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod (gemäß § 6)**

- ▶ Ärzte
- ▶ Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Tierärzte (§ 6 Abs. 1 Nr. 4 IfSG; bei Tollwut)
- ▶ Angehörige anderer Heil- oder Pflegeberufe
- ▶ Leiter von Gemeinschaftseinrichtungen, Pflegeeinrichtungen, Justizvollzugsanstalten, Heimen, Lagern
- ▶ Heilpraktiker

#### **Meldepflichtig für Meldungen von Erregernachweisen (gemäß § 7 IfSG)**

- ▶ Leiter von Laboratorien oder sonstigen Untersuchungsstellen
- ▶ Leiter von Medizinaluntersuchungsämtern
- ▶ Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Tierärzte (§ 7 Abs. 1 Nr. 38 IfSG; Rabiesvirus)
- ▶ Niedergelassene Ärzte, sofern der Erregernachweis im eigenen Labor erfolgt

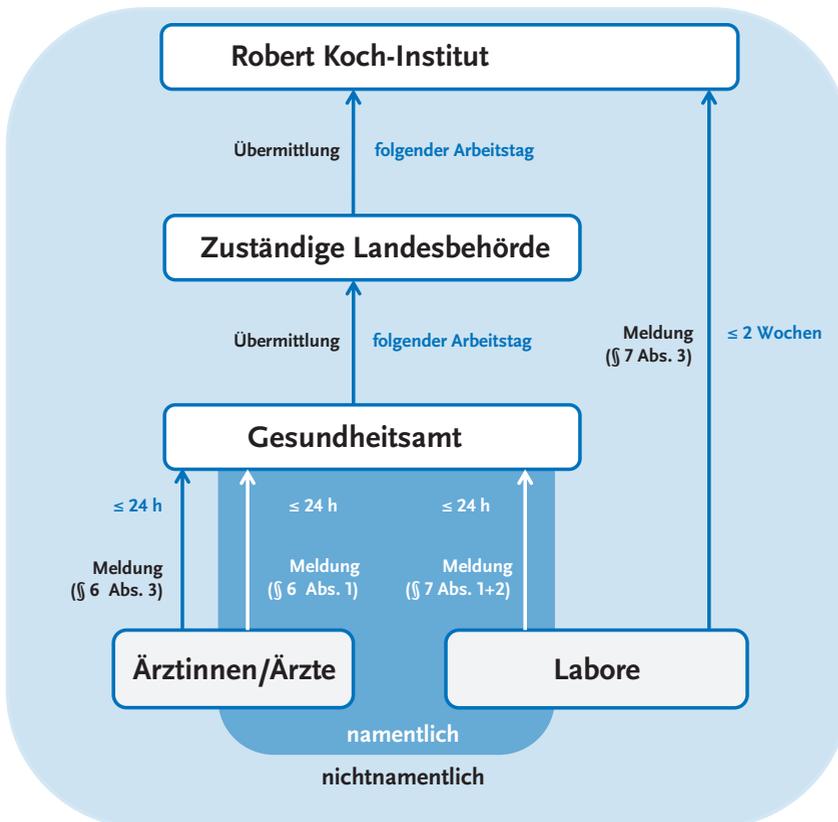
Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird vereinfachend im Folgenden von einer Arztmeldung gesprochen, wenn es sich um eine Meldepflicht gemäß § 6 IfSG handelt. Dementsprechend wird der Begriff Labormeldung für Meldungen gemäß § 7 IfSG verwendet.

### **Meldeweg**

#### **Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt**

Zur Meldung verpflichtete Personen melden die in § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG benannten Krankheiten oder die in § 7 Abs. 1 IfSG festgelegten Nachweise von Krankheitserregern namentlich an das zuständige Gesundheitsamt (s. Abb. 2.1.1). Die Mel-

Abb. 2.1.1:  
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



derung hat unverzüglich zu erfolgen und muss dem Gesundheitsamt spätestens 24 Stunden, nachdem der Meldende Kenntnis erlangt hat, vorliegen. Das Gesundheitsamt führt eigene Ermittlungen zum gemeldeten Sachverhalt durch und ordnet entsprechende Infektionsschutzmaßnahmen an.

Erfüllt eine Meldung die vom RKI erstellten Kriterien, so wird dieser Fall ohne Angabe personenbezogener Daten jeweils spätestens am folgenden Arbeitstag vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde sowie spätestens am folgenden Arbeitstag von der zuständigen Landesbehörde an das RKI übermittelt. Das RKI wertet die übermittelten Meldedaten infektionsepidemiologisch aus und veröffentlicht diese periodisch.

#### Nichtnamentliche Meldung an das RKI

Besteht eine Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG, erfolgt die Labormeldung nichtnamentlich innerhalb von 2 Wochen direkt an das RKI. Der einsendende Arzt hat gemäß § 10 IfSG das meldende Labor bei den Angaben zu unterstützen. Um diesen Vorgang zu vereinfachen, werden nummerierte Durchschlagbögen vom RKI zur Verfügung gestellt. Während das meldende Labor das erste Blatt des Meldebogens an das RKI sendet, soll der einsendende Arzt die fehlenden Informationen, z. B. zur Klinik, zur möglichen Infektionsursache und zum möglichen Infektionsland, auf dem Durchschlag ergänzen und ebenfalls direkt an das RKI senden.

In Tab. 2.1.1 ist dargestellt, welche Krankheiten und Erregernachweise, die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden, namentlich und welche nichtnamentlich gemeldet

werden. Zusätzlich ist dargestellt, welche der Krankheiten am RKI einer Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2) unterliegen.

**Tab. 2.1.1:**  
Meldepflichtige Krankheiten und Erregernachweise gemäß IfSG

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI	Einzelfall- kontrolle am RKI <sup>3</sup>
	Arzt meldung <sup>1</sup>	Labor meldung <sup>2</sup>	Labor- meldung <sup>2</sup>	
6.1 <i>Acinetobacter</i> -Infektion oder -Kolonisation ( <i>Acinetobacter</i> spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) <sup>4</sup>		■		
6.2 Adenovirus-Konjunktivitis		■		■
6.3 Arbovirus-Erkrankung <sup>4</sup>		■		■
6.4 Botulismus	■	■		■
6.5 Brucellose		■		■
6.6 <i>Campylobacter</i> -Enteritis		■		
6.7 Chikungunyavirus-Erkrankung <sup>4</sup>		■		■
6.8 Cholera	■	■		■
6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)/ vCJK (variante CJK)	■			■
6.10 <i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf <sup>4</sup>	■			■
6.11 Denguefieber	■ <sup>5</sup>	■ <sup>4</sup>		
6.12 Diphtherie	■	■		■
6.13 Echinokokkose			■	
6.14 EHEC-Erkrankung (außer HUS)		■		
6.15 Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante) <sup>4</sup>		■		
6.16 Fleckfieber		■		■
6.17 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)		■		■
6.18 Giardiasis		■		
6.19 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion		■		■
6.20 Hantavirus-Erkrankung	■ <sup>5</sup>	■		■
6.21 Hepatitis A	■	■		
6.22 Hepatitis B	■	■		
6.23 Hepatitis C	■	■		
6.24 Hepatitis D	■	■		■
6.25 Hepatitis E	■	■		

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI		Einzelfall- kontrolle am RKI <sup>3</sup>
	Arzt meldung <sup>1</sup>	Labor meldung <sup>2</sup>		Labor- meldung <sup>2</sup>	
6.26 HIV-Infektion				■	
6.27 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■	■ <sup>6</sup>			■
6.28 Influenza	■ <sup>7</sup>	■			
6.29 Keuchhusten <sup>8</sup>	■	■			■ <sup>9</sup>
6.30 Kryptosporidiose		■			
6.31 Läuserückfallfieber		■			■
6.32 Legionellose		■			
6.33 Lepra		■			■
6.34 Leptospirose		■			■
6.35 Listeriose		■			
6.36 Malaria				■	
6.37 Masern	■	■			
6.38 Meningokokken, invasive Infektion	■	■			
6.39 Milzbrand	■	■			■
6.40 Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion <sup>4</sup>		■			
6.41 Mumps <sup>8</sup>	■	■			
6.42 Norovirus-Gastroenteritis		■			
6.43 Ornithose		■			■
6.44 Paratyphus	■	■			■
6.45 Pest	■	■			■
6.46 Poliomyelitis	■	■			■
6.47 Q-Fieber		■			■
6.48 Rotavirus-Gastroenteritis		■			
6.49 Röteln, konnatale Infektion <sup>11</sup> Röteln, postnatale Infektion <sup>8</sup>	■ ■	■ ■			■
6.50 Salmonellose		■			
6.51 Shigellose		■			
6.52 Syphilis				■	
6.53 Tollwut	■	■			■
6.54 Toxoplasmose, konnatale Infektion				■	
6.55 Trichinellose		■			■
6.56 Tuberkulose	■ <sup>10</sup>	■			
6.57 Tularämie		■			■
6.58 Typhus abdominalis	■	■			■
6.59 Virale hämorrhagische Fieber, sonstige <sup>12</sup>	■	■			■
6.60 Windpocken <sup>8</sup>	■	■			

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI		Einzelfall- kontrolle am RKI <sup>3</sup>
	Arzt meldung <sup>1</sup>	Labor meldung <sup>2</sup>	Labor- meldung <sup>2</sup>		
6.61 Yersiniose		■			
6.62 Zikavirus-Erkrankung <sup>4</sup>		■			■
6.63 Middle East Respiratory Syndrome (MERS) <sup>13</sup>	■				

1 Meldung des Verdachts, der Erkrankung und des Todes gemäß § 6 IfSG (in der Regel durch Ärzte)

2 Labordiagnostischer Nachweis meldepflichtig gemäß § 7 IfSG (in der Regel durch das Labor)

3 Einzelfallkontrolle (s. Kap. 3.2)

4 Gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung

5 Nur bei hämorrhagischem Verlauf

6 Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

7 Nur bei zoonotischer Influenza (gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung)

8 Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

9 Bei unter 1-jährigen

10 Nur bei behandlungsbedürftiger Tuberkulose. Der Verdacht ist nicht meldepflichtig.

11 Seit 29.03.2013 namentliche Meldung an das Gesundheitsamt, davor nichtnamentliche Meldung an das RKI

12 Gilt auch für Ebolafieber, Gelbfieber, Lassafieber und Marburgfieber

13 Meldung gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 5 IfSG

### Nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Das gehäufte Auftreten nosokomialer Infektionen (zwei oder mehr nosokomiale Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird) ist gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt nichtnamentlich als Ausbruch zu melden. Gemäß § 10 Abs. 1 IfSG muss die Meldung einzelfallbasierte Informationen und auch Angaben zu den zum Ausbruchsgeschehen dazugehörigen Kolonisationen beinhalten. Dabei steht im Vordergrund, dass die Gesundheitsbehörde als Berater bei der Ermittlung der Infektionsquelle durch deskriptive und analytische Untersuchungen beteiligt wird. Seit 2011 mit Inkrafttreten des »Gesetzes zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze« werden diese Fälle auch an das RKI übermittelt. An das RKI übermittelte nosokomiale Ausbrüche werden im Kapitel 5.2 gesondert dargestellt.

### Melde- und Übermittlungsinhalte

In den §§ 9, 10 IfSG ist festgelegt, welche Angaben die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt sowie die nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt oder das RKI enthalten dürfen. Zusätzlich wird im § 11 IfSG geregelt, welche dieser Angaben vom Gesundheitsamt an das RKI übermittelt werden. Die namentliche Meldung an das Gesundheitsamt enthält neben Angaben zur Erkrankung bzw. zum Erregernachweis u.a. auch Kontaktdaten der betroffenen Person. Diese werden benötigt, damit das Gesundheitsamt weitere Informationen zum Fall ermitteln und die nötigen Infektionsschutzmaßnahmen einleiten kann. Es werden jedoch keine namentlichen Daten an die zuständige Landesbehörde und das RKI übermittelt, hier werden lediglich die jeweils fallbezogenen epidemiologischen Informationen hinsichtlich der Datenqualität geprüft und zur Erfassung der epidemiologischen Situation ausgewertet.

## 2.2 Datengrundlage

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beruhen auf folgenden im IfSG geregelten Vorgängen:

- ▶ Namentliche Meldung von Verdacht auf, Erkrankung an oder Tod durch bestimmte Krankheiten an das Gesundheitsamt sowie deren gehäuftes Auftreten (§ 6 Abs. 1 Nr. 1, 2, 5 IfSG)
- ▶ Nichtnamentliche Meldung des gehäuften Auftretens nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt (§ 6 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Namentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern sowie deren gehäuftes Auftreten an das Gesundheitsamt (§ 7 Abs. 1 und Abs. 2 IfSG)
- ▶ Nichtnamentliche Meldung von Nachweisen von bestimmten Krankheitserregern an das RKI (§ 7 Abs. 3 IfSG)
- ▶ Benachrichtigung des Gesundheitsamts durch Leiter von Gemeinschaftseinrichtungen (Schulen, Kindergärten usw.) (§ 34 Abs. 6 IfSG)
- ▶ Ermittlungen der Gesundheitsbehörden (§ 25 Abs. 1 IfSG)

Die im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellten Daten beziehen sich auf Daten, die bundesweit einheitlich erfasst wurden. Nicht berücksichtigt wurden zum einen Fälle, die einer bundeslandspezifischen erweiterten Meldepflicht unterlagen, und zum anderen Fälle, die hauptsächlich in der Kategorie »Weitere bedrohliche Krankheiten« übermittelt wurden, da diese Kategorie nicht systematisch krankheitsspezifisch eingeordnet werden konnte und in den einzelnen Gesundheitsämtern und Bundesländern sehr unterschiedlich gehandhabt wird.

## Definitionen

### Falldefinitionen

Die Falldefinitionen sind vom RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG entsprechend den jeweiligen epidemiologischen Erfordernissen erstellte Kriterien. Auf Grundlage der Falldefinitionen wird an den

Gesundheitsämtern entschieden, welche Fälle an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI übermittelt und welche Fälle gemäß Referenzdefinition vom RKI veröffentlicht werden. Die Falldefinitionen sind nicht dazu bestimmt, die meldepflichtigen Sachverhalte für Ärzte oder Labore zu definieren. Ärzte und Labore sollen die im IfSG aufgeführten Krankheiten oder Erreger melden, unabhängig davon, ob die Falldefinitionen erfüllt sind oder nicht.

Durch die Anwendung der Falldefinitionen wird gewährleistet, dass die Meldedaten zwischen den Landkreisen und kreisfreien Städten sowie zwischen Bundesländern vergleichbar sind.

Die Falldefinitionen werden regelmäßig überarbeitet, um sie an neue diagnostische Methoden und wissenschaftliche Erkenntnisse anzupassen. Die letzte aktualisierte Version ist am 01.05.2016 in Kraft getreten.

Bei der Umsetzung der aktualisierten Falldefinitionen ist zu beachten, dass seit 2015 jedem Fall die Falldefinitionsversion zugeordnet wird, in der er elektronisch erfasst wird. Hierbei werden Fälle, die in alten Software-Versionen erfasst werden, entsprechend der alten Falldefinition zugeordnet und übermittelt. Demzufolge kann es vorkommen, dass innerhalb einer Übermittlungskategorie je nach Falldefinitionsversion Fälle unterschiedlich bewertet werden.

### Evidenztypen

Es werden drei Evidenztypen unterschieden:

### Klinisches Bild

Hier werden die Kriterien (Symptome, klinische Zeichen und anamnestische Angaben) genannt, die beim betroffenen Patienten vorliegen müssen, um das klinische Bild der jeweiligen Krankheit zu erfüllen.

### Labordiagnostischer Nachweis

Hier werden die Materialien und Labormethoden aufgeführt, die für den Erregernachweis verlangt werden, um den labordiagnostischen Teil der Falldefinition zu erfüllen.

## Epidemiologische Bestätigung

Eine epidemiologische Bestätigung liegt vor, wenn ein Fall mit erfülltem klinischen Bild entweder

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

### Falldefinitionskategorien

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

#### A. Klinisch diagnostizierte Erkrankung

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

#### B. Klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung

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

#### C. Klinisch-labor diagnostisch bestätigte Erkrankung

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

#### D. Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild

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

#### E. Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild

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

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

Für Fälle, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, existieren keine Falldefinitionen. Die Fallprüfung erfolgt stattdessen am RKI anhand festgelegter Fallkriterien.

### Referenzdefinition

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

Für die meisten meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise umfasst die Referenzdefinition die Kategorien B »klinisch-epidemiologisch bestätigt« und C »klinisch-labor diagnostisch bestätigt« (s. Tab. 2.2.1).

Durch dieses Vorgehen soll die Aufmerksamkeit in der vereinfachten Darstellung epidemiologischer Daten auf die klinisch manifesten Erkrankungen gelenkt werden. Entsprechend wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für Auswertungen nach Referenzdefinition, in die nur Fälle, die die Kriterien des klinischen Bildes erfüllen, eingehen, der Begriff »Erkrankungen« (oder ein krankheitsspezifisches Äquivalent) benutzt,

während sonst umfassender von »Fällen« die Rede ist.

Bei Hepatitis B, C und D, bei invasiven MRSA-Infektionen und Poliomyelitis erfüllen alle labor diagnostisch nachgewiesenen Fälle (Kategorien C, D, E) unabhängig davon die Referenzdefinition, ob bei ihnen das klinische Bild bekannt oder erfüllt ist.

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

Die übermittelten Fälle, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, stehen – unabhängig davon, dass sie nicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch dargestellt werden – für detailliertere epidemiologische Auswertungen zur Verfügung. Z. B. erlaubt die Internet-basierte Software SurvStat@RKI die Abfrage nach jeder gewünschten Kombination der Falldefinitions-kategorien.

Die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldeten Erregernachweise werden nicht in Falldefinitions-kategorien eingeordnet. Bei diesen Krankheiten werden auch Erregernachweise ohne

klinisches Bild ausgewiesen. Das betrifft vor allem HIV-Infektionen und Syphilis.

## Literaturhinweise

- Diercke M: *Änderungen des Infektionsschutzgesetzes, Juli 2017*. Epid Bull 2017; 31:309–310.
- Diercke M, Buda S, Weiß B, Frank C, Gilsdorf A: *Infektiologie: Neue Meldepflichten beachten*. Dtsch Arztebl 2016; 113:A1648–A1649.
- Höhl N: *Gesetz zur Verhütung und Bekämpfung von Infektionskrankheiten beim Menschen (Infektionsschutzgesetz – IfSG)*. 4. Auflage. Verlag Reckinger, Siegburg; 2013
- Erdle H: *Infektionsschutzgesetz – Kommentar*. 4. Auflage. ecomed Medizin, Landsberg/Lech; 2013
- Bales S, Baumann HG, Schnitzler N: *Infektionsschutzgesetz, Kommentar und Vorschriftensammlung*. 2. Auflage. Verlag W. Kohlhammer, Berlin; 2003
- Gesetz zur Durchführung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (2005) (IGV-Durchführungsgesetz IGV-DG)*. 2013. [www.gesetze-im-internet.de/igv-dg/index.html](http://www.gesetze-im-internet.de/igv-dg/index.html)
- Gesetz zur Änderung des Infektionsschutzgesetzes und weiterer Gesetze*. Bundesgesetzblatt 2011; Teil I, Nr. 41:1622–1630.
- Verordnung zur Anpassung der Meldepflichten nach dem Infektionsschutzgesetz an die epidemische Lage (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung – IfSGMeldAnpV)*. 2016. <http://www.gesetze-im-internet.de/bundesrecht/ifsgmeldanpv/gesamt.pdf>

Tab. 2.2.1:

Zuordnung der Übermittlungskategorien zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitions-kategorien

Übermittlungskategorie	Falldefinitions-kategorie				
	A	B	C	D	E
Adenovirus-Konjunktivitis, Botulismus, Brucellose, <i>Campylobacter</i> -Enteritis, Cholera, Diphtherie, EHEC-Erkrankung, Fleckfieber, Giardiasis, Hantavirus-Erkrankung, Hepatitis A, Hepatitis E, Influenza, Keuchhusten, Kryptosporidiose, Läuserückfallfieber, Legionellose, Leptospirose, Milzbrand, Ornithose, Paratyphus, Q-Fieber, Rotavirus-Gastroenteritis, Röteln (postnatale Infektion), Salmonellose, Shigellose, Tollwut, Trichinellose, Tularämie, Typhus, Yersiniose, Zikavirus-Erkrankung		■	■		
Arbovirus-Erkrankung, Chikungunyavirus-Erkrankung, <i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung (schwere Verlaufsform), Denguefieber, FSME, Lepra, Norovirus-Gastroenteritis, virale hämorrhagische Fieber (einschl. Ebola fieber, Gelbfieber, Lassafieber, Marburgfieber)			■		
HUS, Masern, Mumps, Röteln (konnatale Infektion), Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
<i>Acinetobacter</i> -Infektion oder –Kolonisation ( <i>Acinetobacter</i> spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante), Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante), Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D, MRSA (invasive Infektion), Poliomyelitis			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Infektion), Listeriose, Pest		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

## Zuordnung nach Zeit, Ort und Person

Grundlage für die Interpretation epidemiologischer Daten ist die Zuordnung der Fälle nach Zeit und Ort ihres Auftretens sowie nach Alter und Geschlecht der Fälle. Um Fehlinterpretationen zu vermeiden, wird im Folgenden beschrieben, wie diese Variablen definiert sind und wie sie erhoben werden.

### Zuordnung nach Zeit

Für alle namentlich an das Gesundheitsamt gemeldeten Fälle ist die Meldewoche die Einheit für die zeitliche Zuordnung. Die Meldewoche entspricht der Kalenderwoche nach den Regeln des internationalen Standards ISO 8601 (entspricht DIN 1355). Sie beginnt montags und endet sonntags. Die Meldewochen eines Jahres sind fortlaufend nummeriert, beginnend mit der ersten Woche, die mindestens 4 Tage des betreffenden Jahres enthält. Meldejahre können 52 oder gelegentlich 53 Wochen haben. In das Meldejahr 2017 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 02.01.2017 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 31.12.2017 (einem Sonntag) endet. Der erste Tag des Kalenderjahres 2017 wird dem Meldejahr 2016 zugeordnet.

Die Zuordnung zur Meldewoche wird durch den Tag bestimmt, an dem das Gesundheitsamt offiziell Kenntnis von einem Fall erlangt. Normalerweise ist das der Tag, an dem erstmalig eine Meldung oder Verdachtsmeldung zu einem Fall im Gesundheitsamt eintrifft. Es kann auch vorkommen, dass das Gesundheitsamt nicht durch Meldung, sondern durch eigene Ermittlungen Kenntnis von einem Fall erlangt.

Der Grund für die zeitliche Einordnung der Fälle nach Meldewoche ist die Tatsache, dass das Meldedatum die einzige gemäß IfSG übermittlungsfähige Information ist, die ungeachtet der Vollständigkeit einer Meldung immer vorhanden ist und auch bei späteren Korrekturen der Angaben zum Fall nicht verändert wird. Auch bei der Weitergabe eines Falls an ein anderes Gesundheitsamt bleibt die Meldewoche erhalten. Demgegenüber kann es vorkommen, dass Diagnosedatum oder Erkrankungsbeginn nicht gemeldet werden und auch nicht genau ermittelt werden können.

Diese Daten können (und sollen) zudem bei Vorliegen neuer Erkenntnisse geändert werden.

Nichtnamentlich an das RKI zu meldende Erregernachweise werden nicht nach Meldewoche zugeordnet, sondern Diagnosemonat und -jahr werden für die zeitliche Zuordnung verwendet. In den seltenen Fällen, in denen die Meldebögen diese Information nicht enthalten, werden ersatzweise Monat und Jahr des Eingangs am RKI verwendet.

### Zuordnung nach Ort

Namentlich zu meldende Krankheiten und Erregernachweise werden örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des übermittelnden Gesundheitsamtes zugeordnet. Dies ist in der Regel das Gesundheitsamt, in dessen Bezirk die betroffene Person ihre Hauptwohnung hat oder zuletzt hatte. Falls ein Hauptwohnsitz nicht feststellbar ist oder die betroffene Person sich dort gewöhnlich nicht aufhält, so ist das Gesundheitsamt zuständig, in dessen Bezirk sich die betroffene Person gewöhnlich aufhält. Falls ein solcher Aufenthaltsort nicht feststellbar ist oder in den Fällen der Meldung nach § 6 Absatz 3 Satz 1 ist das Gesundheitsamt zuständig, welches die Daten erstmals verarbeitet hat. Das zuständige Gesundheitsamt kann diese Zuständigkeit an ein anderes Gesundheitsamt mit dessen Zustimmung abgeben, insbesondere wenn schwerpunktmäßig im Zuständigkeitsbereich des anderen Gesundheitsamtes weitere Ermittlungen nach § 25 Absatz 1 angestellt werden müssen. Dabei kann es vorkommen, dass die Infektion an einem anderen Ort innerhalb Deutschlands oder im Ausland erworben wurde, wie dies beispielsweise oft bei nosokomialen Infektionen oder reiseassoziierten Krankheiten der Fall ist. Patienten ohne festen Wohnsitz oder ohne Wohnung in Deutschland werden dem für ihren Aufenthaltsort zuständigen Gesundheitsamt zugeordnet. Im Regelfall ist hierbei der Aufenthaltsort zum Zeitpunkt der Meldung maßgeblich.

Über die Kreiszugehörigkeit des Patienten wird das Bundesland zugeordnet. In sehr seltenen Fällen ist die Zuordnung zu einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt und damit zu einem Bundesland nicht möglich. Diese Fälle sind in Auswertungen nach Landkreis bzw. kreisfreier Stadt oder

Bundesland (z. B. Inzidenzberechnungen) nicht berücksichtigt.

Nichtnamentlich direkt an das RKI zu meldende Erregernachweise können nicht eindeutig einem Landkreis bzw. einer kreisfreien Stadt oder einem Bundesland zugeordnet werden. Die örtliche Zuordnung erfolgt indirekt durch die ersten drei Ziffern der fünfstelligen Postleitzahl (PLZ) des Patientenwohnorts. Fehlt diese Information auf dem Meldebogen, so wird die PLZ des einsendenden Arztes benutzt. Fehlt auch diese, so erfolgt die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors. Dadurch kann die geografische Darstellung der epidemiologischen Daten verzerrt sein. Da Laboruntersuchungen zunehmend in Großlaboren durchgeführt werden, die mitunter weit vom Aufenthaltsort des Patienten entfernt liegen, kann dies zu einer Überrepräsentation einzelner Bundesländer führen. Tab. 2.2.2 zeigt, aufgeschlüsselt nach der dem Erregernachweis zugrundeliegenden Infektion, zu welchen Anteilen die unterschiedlichen PLZ für die örtliche Zuordnung herangezogen wurden. Je nach Krankheit gibt es große Unterschiede. Bei konnataler Toxoplasmose waren bei 100% der Fälle Angaben zur PLZ des Patienten vorhanden, bei Syphilis 93%, bei Echinokokkose 90% und bei Malaria 86%. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2017 nur für sehr wenige der gemeldeten Fälle.

Die PLZ erlaubt nicht immer eine eindeutige Zuordnung zum Bundesland, da einzelne Postleitzahlbereiche Bundeslandsgrenzen überschrei-

ten. In diesen Fällen wurden die Postleitzahlbereiche auf der Basis der Bevölkerungsverteilung jeweils einem Bundesland zugeordnet. Aufgrund der beschriebenen Hindernisse werden die nichtnamentlichen Meldungen in der Regel lediglich dem Bundesland, nicht jedoch dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt zugeordnet.

### Infektionsort

Sofern dies für die Epidemiologie der Krankheit von Bedeutung ist, werden auch Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland dargestellt. Dabei ist zu beachten, dass es sich hier nicht um das Land handelt, in dem die Infektion nachweisbar erworben wurde, sondern in der Regel um die Länder, in denen sich die betroffene Person während der Inkubationszeit aufgehalten hatte. Da für einen Fall mehrere Infektionsländer in Frage kommen können, sind Mehrfachangaben möglich. Deshalb kann die Summe der genannten Infektionsländer (»Nennungen«) größer als die Summe der Fälle sein. Bei der Angabe verschiedener Landkreise bzw. kreisfreier Städte in Deutschland als wahrscheinlichen Infektionsort wird dies bei der Auswertung nach Ländern als eine einzelne Nennung von Deutschland gewertet. Die Länder werden geografisch den Kontinenten zugeordnet. Die Anzahl der Ländernennungen ist aufgrund von Mehrfachnennungen mehrerer Länder eines Kontinents meist ungleich der Nennungen bei Auswertungen nach Kontinent.

Bei der tabellarischen Darstellung der Länder werden in der Regel die 10 Länder mit den meis-

Tab. 2.2.2:

Anteil der für die örtliche Zuordnung genutzten Postleitzahlen (PLZ) der nichtnamentlich an das RKI gemeldeten Erregernachweise, Deutschland, 2017\*

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Patienten-Wohnortes	Nach PLZ des einsendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Syphilis	7.473	93%	6%	1%
Malaria	956	86%	12%	2%
Echinokokkose	123	90%	7%	2%
Toxoplasmose, konnatale Infektion	7	100%	0%	0%

\* Aufgrund der Umstellung der Datenbank standen die Daten zu HIV-Neuinfektionen in Deutschland nicht bis zum Redaktionsschluss zur Verfügung.

ten Nennungen gewählt. Wenn rund um das zehnte Land hinaus mehrere Länder die gleiche Anzahl von Nennungen aufwiesen, wird die Grenze so gezogen, dass entweder alle oder keines dieser Länder in der Tabelle aufgeführt werden. Dabei sollte die Anzahl der dargestellten Länder nächstmöglich an 10 liegen.

## Zuordnung nach Person

### **Alter**

Für alle meldepflichtigen Sachverhalte werden nur der Geburtsmonat und das Geburtsjahr der Fälle an das RKI gemeldet bzw. übermittelt. Per Zufallsverfahren wird ein Geburtstag erzeugt, der für Altersberechnungen benutzt wird. Altersangaben beziehen sich auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Meldung, bei nichtnamentlichen Meldungen auf das errechnete Alter zum Zeitpunkt der Diagnose. Bei Meldungen bzw. Übermittlungen, die keine Angabe zum Geburtsmonat und -jahr enthalten, kann kein Alter errechnet werden. Diese Fälle werden in der Darstellung nach Altersgruppe nicht berücksichtigt.

Im entsprechenden Abschnitt der krankheitsspezifischen Kapitel wird dargestellt, wie stark die jeweiligen Altersgruppen von der Krankheit betroffen sind. Je nach Krankheit werden unterschiedliche Altersgruppen dargestellt. Auf eine Abbildung wird in der Regel verzichtet, wenn die Gesamtfallzahl unter 100 liegt.

### **Geschlecht**

Das Geschlecht der Fälle ist eine melde- und übermittlungspflichtige Angabe (s. Kap. 2.1). Fälle ohne Angabe zum Geschlecht können in der Darstellung nach Geschlecht nicht berücksichtigt werden.

### **Inzidenzen**

Neben absoluten Fallzahlen werden Inzidenzen zur Beschreibung der Häufigkeit einer Krankheit in ihrer geografischen und demografischen Verteilung eingesetzt. Anstelle von »Inzidenzrate« wird im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch verkürzend der Begriff »Inzidenz« verwendet.

Als Inzidenz wird dabei die Anzahl der übermittelten Fälle pro Jahr bezogen auf 100.000 Personen der jeweils zugrundeliegenden Bevölke-

rung berechnet. Im Meldesystem können in der Regel nur die Fälle von Infektionskrankheiten erfasst werden, die im medizinischen Versorgungssystem z. B. von niedergelassenen Ärzten, Ärzten in Krankenhäusern oder Laboren erkannt und gemeldet wurden. Wenn infizierte Personen z. B. wegen asymptomatischer oder milder Verläufe keine ärztliche Praxis aufsuchen, und somit keine Diagnostik in einem Labor veranlasst wird, oder nach Diagnose keine Meldung erfolgt, werden diese Fälle in der Regel nicht im Meldesystem erfasst. Die Untererfassung kann je nach Meldeweg oder Krankheit unterschiedlich stark ausgeprägt sein (s. Kap. 3.3). Aufgrund der Untererfassung sind die dargestellten Inzidenzen als Meldeinzidenz zu interpretieren.

Gegebenenfalls werden Inzidenzen auch aufgliedert nach Alter, Geschlecht und Bundesland oder Kreiszugehörigkeit dargestellt. Durch den Bezug auf die Anzahl der Einwohner in der jeweiligen Alters- und Geschlechtsgruppe wird auch bei alters- und geschlechtsspezifischen Vergleichen die demografische Verteilung berücksichtigt.

Zudem kann die Inzidenz von Bevölkerungsbewegungen beeinflusst werden. Erfolgt ein Zuzug von Personengruppen, in denen bestimmte Krankheiten, z. B. Tuberkulose oder Hepatitis B oder C, häufiger vorkommen, führt dies zu einem Anstieg der Inzidenzen.

Als Grundlage der Inzidenzberechnungen für das Meldejahr 2017 wird die Bevölkerungsstatistik für den 31.12.2015 verwendet, da sie zum Zeitpunkt der Erstellung des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs die aktuellste verfügbare, hinreichend differenzierte Statistik war.

Da die Inzidenzen der Vorjahre auf Grundlage der jeweiligen Jahresendstatistiken berechnet werden, führen neue Bevölkerungszahlen zum Teil zu Veränderungen bei den Inzidenzen der Vorjahre. Unterschiede im Vergleich zu den Vorjahren lassen sich daher nicht nur durch veränderte Fallzahlen erklären, sondern eventuell auch durch Veränderungen in den zu Grunde liegenden Bevölkerungszahlen. In den Abbildungen zum zeitlichen Verlauf in den krankheitsspezifischen Kapiteln des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs werden Fallzahlen statt Inzidenzen verwendet.

Anders als bei bundesweiten, nicht altersspezifischen Darstellungen werden bei Darstellun-

gen nach Bundesland Inzidenzen statt Fallzahlen verwendet. Dadurch wird nicht nur die Vergleichbarkeit zwischen den Bundesländern mit ihren unterschiedlich großen Bevölkerungszahlen gewährleistet, sondern auch dem Umstand Rechnung getragen, dass sich die Bevölkerungszahlen der einzelnen Bundesländer im Berichtszeitraum unterschiedlich entwickeln können.

### Datenstand

Für die Darstellung der Daten eines Berichtsjahres im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird der Datenstand 01.03. des Folgejahres verwendet. Dieser Datenstand gilt dann für jahresübergreifende Abbildungen und Tabellen sowie für Angaben im Text, die weiter zurückliegende Jahre betreffen. Wenn z. B. im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2017 Fallzahlen für das Jahr 2016 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2018 angewendet. Durch Ermittlungen der Gesundheitsämter bzw. im Ergebnis der Einzelfallkontrolle am RKI werden Datensätze durch die Gesundheitsämter teilweise ergänzt oder verändert; gegebenenfalls werden einzelne Fälle nach gründlicher Recherche auch wieder gestrichen. In Ausnahmefällen

kann es auch nach mehreren Jahren noch zu Korrekturen kommen. Dadurch können die Fallzahlen für das Jahr 2016 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2016 – mit Datenstand 01.03.2017 – abweichen. Änderungen von Datensätzen ist keine zeitliche Grenze gesetzt, der Zeitpunkt jeder Änderung und der Gültigkeitszeitraum jeder Version eines Falls werden jedoch dokumentiert. Insofern ist jede Darstellung der Daten eine Momentaufnahme, die vom jeweiligen Datenstand abhängig ist.

## 2.3 Veröffentlichung der Meldedaten

Das RKI veröffentlicht die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelten Daten mit einem Zeitverzug von 3 Wochen im Epidemiologischen Bulletin und aktualisiert gleichzeitig die Datengrundlage des im Internet verfügbaren [SurvStat@RKI](mailto:SurvStat@RKI).

Die Veröffentlichung der nichtnamentlichen Meldungen erfolgt – durchschnittlich um zwei Monate gegenüber dem Diagnosedatum verzögert – in der jeweils ersten Ausgabe des Epidemiologischen Bulletins eines Monats und [SurvStat@RKI](mailto:SurvStat@RKI).

## 3 Datenqualität

### 3.1 EDV-technische Unterstützung

Die namentlichen Meldungen an das Gesundheitsamt, die über verschiedene Kommunikationswege (z. B. Telefon, Fax) im Gesundheitsamt eintreffen und bearbeitet werden, werden vor der Übermittlung an die zuständige Landesbehörde und das RKI elektronisch erfasst. Die Übermittlung erfolgt elektronisch.

Das RKI stellt für die Gesundheitsämter und zuständigen Landesbehörden kostenlos die gemäß den gesetzlichen Vorgaben und Erfordernissen des Meldewesens entwickelte Software *SurvNet@RKI* zur Verfügung, die zur Erfassung, Auswertung und Übermittlung der Meldedaten gemäß IfSG dient. Von den 377 datenliefernden Gesundheitsämtern in Deutschland nutzen 198 (53 %) *SurvNet@RKI* (Tab. 3.1.1). Die anderen Gesundheitsämter verwenden eines von mehreren kommerziellen Produkten, die ein nach Vorgaben des RKI strukturiertes Meldemodul als Komponente einer umfassenderen Softwarelösung für das ganze Aufgabenspektrum der Gesundheitsämter anbieten. Die Daten, die mit der jeweiligen Software erfasst wurden, werden bei der Übermittlung anonymisiert vom Gesundheitsamt zur zuständigen Landesbehörde in definierte Schnittstellenformate exportiert und dann in *SurvNet@RKI* eingelesen. Alle zuständigen Landesbehörden

benutzen *SurvNet@RKI* für den Empfang und die Weiterleitung von übermittelten Meldedaten.

*SurvNet@RKI* wurde mit der Einführung des IfSG erstmals im Jahr 2001 implementiert. Aufgrund von Änderungen im Meldesystem, aber auch aufgrund des technischen Fortschritts wird die Software kontinuierlich weiterentwickelt und an die Bedürfnisse der Nutzer angepasst. Die aktuellen Versionen des Programms sowie die Änderungshistorie sind auf den Internetseiten des RKI abrufbar.

Im Jahr 2011 wurden mit der Umstellung von *SurvNet@RKI* Version 2 auf Version 3 umfassende Änderungen implementiert. Bis März 2018 wurden in 375 (99 %) Gesundheitsämtern *SurvNet@RKI*-Version-3-kompatible Softwareprodukte eingeführt (s. Tab. 3.1.1). Die 2 verbleibenden Gesundheitsämter verwenden veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI bewerten und übermitteln. Im Rahmen der Planung des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs wurde von RKI-Seite beschlossen, dass Daten, die gemäß *SurvNet*-Version-2-Standard übermittelt wurden, trotzdem in der Berichterstattung berücksichtigt werden, um die epidemiologischen Daten nicht durch zusätzliche Faktoren zu beeinflussen.

Durch den Einsatz der unterschiedlichen Softwareprodukte kann es aufgrund einer fehlerhaften Umsetzung der Vorgaben des RKI zu Kompatibilitätsproblemen und damit zur Beeinträchtigung der Datenqualität kommen. Dies kann zum Datenverlust, zur Dopplung von Fällen und zu falsch übermittelten Inhalten führen.

Tab. 3.1.1:  
Verteilung der Softwareprodukte zur Erfassung der Meldedaten in den 377 datenliefernden Gesundheitsämtern

Software	Datenliefernde Gesundheitsämter	
	Anzahl	Anteil an Gesamt
<b>SurvNet@RKI</b>	198	53 %
<b>Gumax</b>	14	4 %
<b>ISGA</b>	53	14 %
<b>MikroPro</b>	1	0 %
<b>Octoware</b>	78	21 %
<b>Unisoft</b>	33	9 %
<b>Gesamt</b>	<b>377</b>	<b>100 %</b>

### Literaturhinweis

RKI: *SurvNet@RKI – Das Meldesystem zum IfSG – Anwenderhandbuch*. [www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software_node.html)

### 3.2 Sicherung der Datenqualität

Das RKI unterstützt und berät die meldepflichtigen Ärzte und Labore bezüglich ihrer Meldepflicht unter anderem durch folgende Angebote:

- ▶ Vorlagen für Meldebögen
- ▶ Kostenfreie Software zur Identifizierung der Anschrift des zuständigen Gesundheitsamtes (PLZ-Tool)

Für die Qualitätssicherung der übermittelten und gemeldeten Daten werden am RKI Fehler durch folgende Maßnahmen identifiziert:

- ▶ Regelmäßige Auswertung der epidemiologischen Daten nach Krankheit, Ort und Zeit sowie seltener Ereignisse, wie Tod oder Hinweise auf Impfersagen
- ▶ Einzelfallkontrolle bei seltenen Krankheiten (s. Tab. 2.1.1)
- ▶ Regelmäßiger Austausch mit Vertretern der zuständigen Landesbehörden und der Obersten Landesgesundheitsbehörden

Auf Grundlage dieser Qualitätssicherungsmaßnahmen wird die Struktur der Meldedaten kontinuierlich verbessert und die Hilfefunktion von `SurvNet@RKI` weiter ausgebaut. Darüber hinaus werden Prüfalgorithmen in die Software integriert, die Plausibilitätskontrollen automatisch durchführen, so dass Gesundheitsämter, die `SurvNet@RKI` verwenden, bereits bei der Dateneingabe auf mögliche Fehler hingewiesen werden.

Den Gesundheitsämtern werden Informationen, Erläuterungen und Hilfsmittel zur Verfügung gestellt, um eine hohe Datenqualität zu sichern. Beispiele für entsprechende Angebote des RKI an die Gesundheitsämter sind:

- ▶ Informationsbriefe, in denen Hinweise zur Eingabe der Meldedaten und Bearbeitung von Fällen gegeben werden
- ▶ `SurvNet@RKI`-Anwenderhandbuch
- ▶ Erläuterungen im Rahmen der Einzelfallkontrolle
- ▶ Teilnahme von RKI-Mitarbeitern an Dienstbesprechungen und Schulungen, die von den zuständigen Landesbehörden veranstaltet werden

- ▶ Erläuternde Beiträge im Epidemiologischen Bulletin
- ▶ Antworten auf häufig gestellte Fragen im Epidemiologischen Bulletin und auf den Internetseiten des RKI
- ▶ Ausführliche Informationen auf den Internetseiten des RKI

Jeder Fall, der eine seltene Krankheit betrifft, wird am RKI überprüft und erst dann zur Veröffentlichung freigegeben, wenn die übermittelten Informationen plausibel und mit der Falldefinition vereinbar sind. Die Einzelfallkontrolle wird durchgeführt, da zum einen einzelne Gesundheitsämter aufgrund des seltenen Auftretens dieser Krankheiten kaum die Möglichkeit haben, Routine in der Bearbeitung dieser Meldungen zu entwickeln. Zum anderen sind es oft die seltenen Krankheiten, die eine besondere Aufmerksamkeit der Fach- und Allgemeinöffentlichkeit genießen, so dass bereits der Einzelfall besonderen Qualitätsansprüchen genügen muss. Sind die übermittelten Informationen unplausibel oder nicht mit der Falldefinition vereinbar, wendet sich das RKI in der Regel an die zuständige Landesbehörde des jeweiligen Bundeslandes und weist auf die inhaltlichen Widersprüche im übermittelten Datensatz hin.

Am RKI selbst werden keine Änderungen an Datensätzen, die von den Gesundheitsämtern über die zuständigen Landesbehörden übermittelt wurden, vorgenommen. Korrekturen erfolgen auf der Ebene der Gesundheitsämter, bevor sie auf der Landesebene oder am RKI wirksam werden. Dieses Verfahren stellt sicher, dass der Datenstand zu einem Fall auf jeder Ebene (Kreis, Bundesland und RKI) identisch ist, sofern dies übermittlungspflichtige Dateninhalte betrifft.

#### Literaturhinweise

- RKI: *SurvNet 3.0@RKI Anwenderhandbuch Version 1.10 zu SurvNet Version 0.9.24.0*. <https://survnet.rki.de/Content/Service/Documentations.aspx>
- RKI: *Software – SurvNet@RKI. Postleitzahl-Tool des Robert Koch-Institutes*. [www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software_node.html)
- RKI: *Epidemiologisches Bulletin (erscheint wöchentlich)*. [www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/epid\\_bull\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/epid_bull_node.html)
- RKI: *IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung: Zur Umsetzung der neuen Meldepflichten*. *Epid Bull* 2016; 16:135–136.

### 3.3 Vollständigkeit der Erfassung

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

#### Erfassung durch das medizinische und diagnostische Versorgungssystem

Das Meldewesen gemäß IfSG (s. Kap. 2) erfasst hauptsächlich diejenigen Erkrankungen oder Infektionen, die im medizinischen Versorgungssystem, also in der Regel von niedergelassenen Ärzten, Ärzten in Krankenhäusern oder Laboren, erkannt werden. Asymptomatische Infektionen werden in der Regel nur im Rahmen von Routineuntersuchungen (z. B. bei betriebsärztlichen Untersuchungen) oder Umgebungsuntersuchungen bei Ausbrüchen labordiagnostisch erfasst.

Der Anteil der Erkrankten, der tatsächlich eine ärztliche Praxis oder eine diagnostische Einrichtung aufsucht, hängt unter anderem von folgenden Faktoren ab:

- ▶ Objektiv oder subjektiv schwere Erkrankungen führen eher zum Arztbesuch als leichte Erkrankungen.
- ▶ Berufstätigkeit, Alter, Geschlecht und Sozialstatus wirken sich unterschiedlich stark auf die Wahrscheinlichkeit aus, eine ärztliche Praxis aufzusuchen.
- ▶ Die Bereitschaft, sich in ärztliche Behandlung zu begeben, unterliegt unter Umständen saisonalen Schwankungen und regionalen Einflüssen.

Der Anteil der Erkrankten, der eine Diagnostik erhält, wird unter anderem durch folgende Faktoren beeinflusst:

- ▶ Die Schwere der Erkrankung und eventuell auch das Alter der Erkrankten wirken sich auf die Wahrscheinlichkeit aus, mit der eine labordiagnostische Untersuchung veranlasst wird.
- ▶ Labordiagnostische Untersuchungen werden eventuell deshalb nicht angeordnet, weil Befürchtungen bestehen, dass diese das Budget

der Praxis belasten. Diese Befürchtung ist jedoch unbegründet, da alle diagnostischen Laboruntersuchungen im Zusammenhang mit Infektionen, die gemäß IfSG meldepflichtig sind, nicht in das Laborbudget der Niedergelassenen fallen. Dies gilt auch, wenn es sich lediglich um einen Verdacht handelt. Dieser Tatsache wurde im Einheitlichen Bewertungsmaßstab (EBM) durch die Kennziffer 32006 Rechnung getragen.

- ▶ In Krankenhäusern besteht im Zuge der Einführung von Fallpauschalen eine ähnliche Problematik.

Mit Ausnahme gesundheitspolitischer Reformen, deren Kostenimplikationen Erkrankte vom Aufsuchen medizinischer Einrichtungen oder Krankenhäuser von Laboruntersuchungen abhalten könnten, bleiben die genannten Faktoren vermutlich weitgehend konstant und stören die Interpretation des Trends epidemiologischer Daten nur in einem geringen Maße. Andere Ereignisse können hingegen einen kurzfristigen Einfluss auf die Häufigkeit von diagnostischen Maßnahmen und somit die Wahrscheinlichkeit von Erregernachweisen oder die Wahrscheinlichkeit einer Meldung haben. Zum Beispiel könnte ein öffentlichkeitswirksamer Ausbruch von Salmonellosen dazu führen, dass mehr Erkrankte als sonst wegen gastrointestinaler Symptome eine ärztliche Praxis aufsuchen. Es würde aufgrund der vorhandenen Kenntnisse über den Ausbruch eher eine Laboruntersuchung veranlasst werden und das Labor würde im Anschluss an einen positiven Salmonellen-Befund, aber möglicherweise auch einen anderen Erreger gastrointestinaler Symptome, eine Labormeldung abgeben. Die Erfassungswahrscheinlichkeit von Salmonellosen, aber möglicherweise auch von anderen gastrointestinalen Krankheiten, durch das Gesundheitssystem wäre somit vorübergehend erhöht. Ebenso könnten die Einführung neuer oder die Veränderung alter diagnostischer Testverfahren einen Einfluss auf das Testverhalten haben.

## Meldung medizinisch erfasster Erkrankungen und Erregernachweise

Es ist davon auszugehen, dass nicht alle Meldepflichtigen der Meldepflicht nachkommen, so dass ein Teil der ärztlich oder labordiagnostisch erfassten meldepflichtigen Krankheiten oder Erregernachweise nicht Eingang in das Meldesystem findet. Folgende Faktoren beeinflussen unter anderem die Vollzähligkeit der Meldungen:

- ▶ Ärzte oder Labore sind sich ihrer Meldepflicht für einzelne Krankheiten bzw. Erregernachweise nicht bewusst.
- ▶ Meldepflichtige Einrichtungen, in denen selten meldepflichtige Krankheiten diagnostiziert werden, sind organisatorisch nicht darauf eingestellt, die Meldungen zuverlässig und mit wenig Aufwand abzusetzen.
- ▶ Meldepflichtige Personen oder Einrichtungen verweigern die Befolgung der Meldepflicht, oftmals mit dem Hinweis auf den Arbeitsaufwand und wegen fehlender Einsicht in den Nutzen des Verfahrens.

Die oben genannten Aspekte und vor allem die Befolgung der Meldepflicht durch die Ärzte und Labore wirken sich überwiegend auf die Sensitivität des Erfassungssystems aus. Diese ist ein Maß für den Anteil der gemeldeten Fälle an allen vorhandenen Fällen.

Um die Meldecompliance zu verbessern und den Meldevorgang für Ärzte und Labore zu vereinfachen, wird derzeit im Rahmen eines vom Bundesministerium für Gesundheit geförderten Projekts am RKI ein elektronisches Meldesystem entwickelt, das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS; [www.rki.de/demis](http://www.rki.de/demis)).

## Übermittlung von Fällen vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde

Meldepflichtige Krankheiten oder Erregernachweise, die dem Gesundheitsamt gemeldet wurden, sollten immer dann übermittelt werden, wenn sie die jeweilige Falldefinition erfüllen. Die Falldefinitionen haben zum Ziel, bundesweit einheitliche Kriterien im Rahmen der epidemiologi-

schen Überwachung von Infektionskrankheiten sicherzustellen. Für jede meldepflichtige Infektionskrankheit und jeden meldepflichtigen Erregernachweis wird durch die Falldefinition ein Kriterienkatalog zur Verfügung gestellt, auf dessen Grundlage das Gesundheitsamt die Entscheidung fällt, einen Fall zu übermitteln. An dieser Stelle wird deutlich, dass die Gesundheitsämter eine verantwortungsvolle und arbeitsintensive Filterfunktion innerhalb des gesamten Meldesystems haben. Der positive Vorhersagewert - ein Qualitätskriterium, das beschreibt, mit welcher Sicherheit ein erfasster Fall tatsächlich den zu erfassenden Sachverhalt darstellt - wird durch die Arbeit des Gesundheitsamtes entscheidend beeinflusst.

Die zuständigen Landesbehörden unterstützen das beschriebene Qualitätsmanagementsystem des RKI (s. Kap. 3.2) durch entsprechende Betreuung der Gesundheitsämter, um fälschlich übermittelte Fälle zu vermeiden und so den positiven Vorhersagewert zu optimieren.

Auch bei der Übermittlung von Fällen kann es unter anderem aus folgenden Gründen dazu kommen, dass nicht alle übermittlungspflichtigen Fälle tatsächlich an die zuständige Landesbehörde übermittelt werden:

- ▶ Mängel in der vom Gesundheitsamt benutzten Software oder deren Fehlbedienung können zum Verlust von Daten oder fehlerhaften Übermittlungen führen.
- ▶ Ungenügende personelle Ausstattung in den Gesundheitsämtern kann zur Folge haben, dass gemeldete Fälle und Ausbrüche nicht ausreichend ermittelt werden und somit (epidemiologisch) assoziierte Fälle unentdeckt bleiben oder bekannte Fälle nicht übermittelt werden.

## Übermittlung von Fällen von der zuständigen Landesbehörde an das RKI

Fälle, die sich auf Landesebene in der Datenbank befinden, müssen an das RKI übermittelt werden, damit sie bundesweit zusammengefasst und ausgewertet werden können. Der Übermittlungsprozess ist weitgehend automatisiert, so dass davon auszugehen ist, dass der Anteil der bei diesem Vorgang verlorengegangenen Daten vernachlässigbar ist.

## Literaturhinweise

- Schönfeld V, Diercke M, Gilsdorf A, Eckmanns T, Walter J: *Evaluation of the statutory surveillance system for invasive MRSA infections in Germany, 2016–2017*. BMC Public Health 2018. doi.org/10.1186/s12889-018-5971-y
- Kuehne A, Bouwknegt M, Havelaar A, et al.: *Estimating true incidence of O157 and non-O157 Shiga toxin-producing Escherichia coli illness in Germany based on notification data of haemolytic uraemic syndrome*. Epidemiol Infect 2016; 144:3305–3315.
- Plass D, Mangan MJ, Kraemer A, et al.: *The disease burden of hepatitis B, influenza, measles and salmonellosis in Germany: first results of the burden of communicable diseases in Europe study*. Epidemiol Infect 2014; 142:2024–2035.
- Takla A, Wichmann O, Rieck T, Matysiak-Klose D: *Measles incidence and reporting trends in Germany, 2007–2011*. Bull World Health Org 2014; 92:742–749.
- Wilking H, Spitznagel H, Werber D, Lange C, Jansen A, Stark K: *Acute gastrointestinal illness in adults in Germany: a population-based telephone survey*. Epidemiol Infect 2013; 141:2365–2375.
- Diercke M: *Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS)*. Epid Bull 2017; 30:291–293.

## 3.4 Vollständigkeit der Datensätze

Die Datenqualität ist in einem System mit Einzelfallmeldungen u. a. deshalb von besonderer Bedeutung, weil alle Meldungen eine Fülle von Informationen enthalten, die wertvolle Auswertungen ermöglichen.

Viele Informationen werden in standardisierter Form erfasst. Dabei werden einige Informationen für alle Einzelfälle erhoben, wie z. B. Alter, Geschlecht, Hospitalisierung, Tod und Zugehörigkeit der einzelnen Fälle zu Ausbrüchen. Andere Informationen, wie Symptome, Impfstatus, Labormaterial und -methode, werden entsprechend den Erregerereigenschaften und Falldefinitionskategorien nur für einen Teil der Fälle angegeben.

Die Vollständigkeit der Datensätze hängt auch davon ab, wie vollständig die Angaben auf den Meldebögen durch die Ärzte und Labore sind und inwieweit die notwendigen Informationen den Gesundheitsämtern bei der Ermittlung zur Verfügung gestellt werden. So sind die Angaben zu Alter und Geschlecht bei nahezu 100 % der Fälle vorhanden. Auch die Angaben, die zur Erfüllung der Falldefinition erforderlich sind, wie die Verfügbarkeit von klinischen Informationen und Laborangaben, sind bei über 98 % vollständig. An-

gaben, die teilweise von den Mitarbeitern in den Gesundheitsämtern ermittelt werden müssen, z. B. zur Bewertung des Impfstatus oder Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsort, liegen dagegen nur in 88 % bzw. 56 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1).

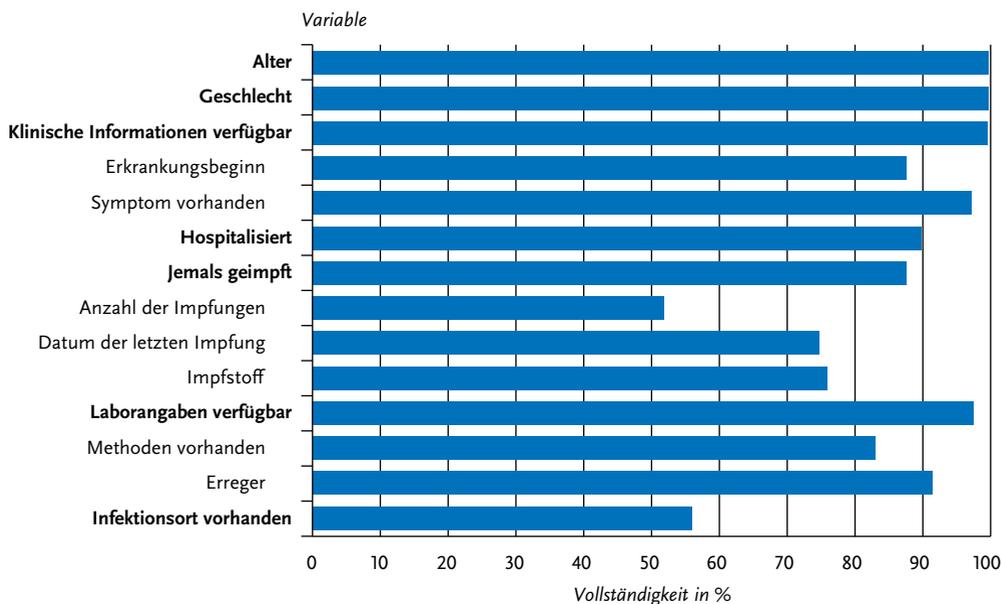
## 3.5 Zeitnähe

Wie zeitnah die Meldedaten zur Verfügung stehen, hat entscheidenden Einfluss auf ihren Nutzen für den Infektionsschutz, da sich gerade die epidemiologische Situation von Infektionskrankheiten kurzfristig ändern kann und frühzeitige Interventionen notwendig werden können. Nicht nur die Gesundheitsämter, sondern auch die zuständigen Landesbehörden und das RKI sind auf frühzeitige Informationen zur epidemiologischen Lage angewiesen, denn vielfach haben z. B. Krankheitsausbrüche ihre Auswirkungen über die Grenzen von Bundesländern und Staaten hinaus. Zum Teil können Ausbrüche erst durch die bundesweite Zusammenführung von Meldedaten erkannt werden, weil sich die einzelnen Fälle über mehrere Kreise so verteilen, dass dort diese Häufung gar nicht wahrgenommen werden kann.

Die Meldungen durch Ärzte oder Labore müssen innerhalb von 24 Stunden nach erlangter Kenntnis dem Gesundheitsamt vorliegen. Die gemeldeten Erkrankungen und Erregernachweise, die die Falldefinition erfüllen, müssen vom Gesundheitsamt spätestens am folgenden Arbeitstag an die zuständige Landesbehörde sowie von dort spätestens am folgenden Arbeitstag an das RKI übermittelt werden (s. Kap. 2).

Für das Jahr 2017 wurden für die namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise die Dauer zwischen den einzelnen Etappen des Melde- und Übermittlungsweges berechnet (s. Abb. 3.5.1). In den verschiedenen Kategorien sind der Median (50. Perzentil; Linie), das 25. und das 75. Perzentil (p25 bzw. p75; Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet. In diese Berechnung gingen nur die Fälle ein, die mittels SurvNet@RKI Version 3 oder kompatibler Software vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Insgesamt waren dies im Jahr 2017 370.863 Fälle, das sind 99 % al-

Abb. 3.4.1:  
Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2017



ler übermittelten Fälle. Fälle, die nicht mit Surv-Net@RKI Version 3 übermittelt werden, erfassen lediglich die Meldewoche anstelle von datumsge- nauen Angaben, somit kann bei diesen kein Zeit- intervall in Tagen gemessen werden.

Folgende in der Datenbank am RKI vorlie- gende Zeitangaben wurden zur Berechnung der Dauer verwendet:

- ▶ **Erkrankungsdatum:** Datum des Erkrankungs- beginns
- ▶ **Diagnosedatum:** Datum der Diagnose durch einen Arzt oder durch ein Labor (bei differie- renden Angaben beim Vorliegen mehrerer Meldungen zum gleichen Fall das früheste Datum)
- ▶ **Meldedatum:** Datum des Eingangs einer Mel- dung beim Gesundheitsamt
- ▶ **Falleingabedatum:** Datum der Eingabe des Falls in die Übermittlungssoftware am Ge- sundheitsamt; entspricht dem Eingabe-Zeit- stempel am Gesundheitsamt der ersten über- mittelten Version des Falls
- ▶ **Eingangsdatum beim RKI:** Zeitstempel der Übernahme eines Falls in die RKI-Datenbank

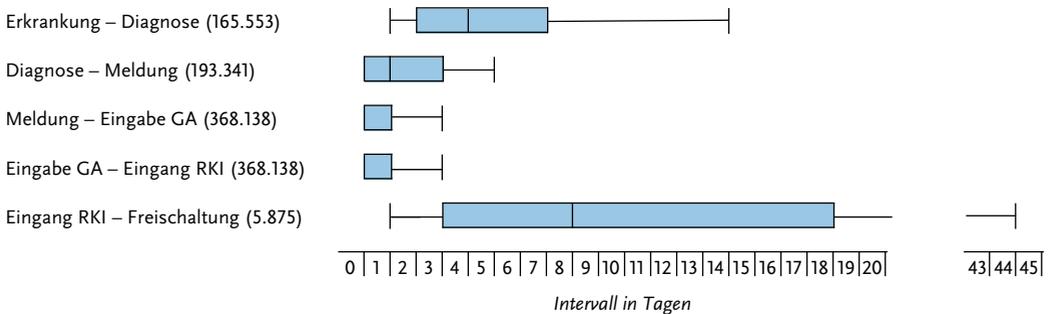
- ▶ **Freischaltungsdatum:** Tag, an dem ein Fall, der der Einzelfallkontrolle durch einen Mitarbeiter des RKI unterliegt, zur Veröffentlichung frei- gegeben wurde.

Eine gesonderte Betrachtung des Meldeverzugs für Krankheiten durch Erreger, die gemäß § 7 Abs. 3 IfSG meldepflichtig sind, entfällt, da bei diesen nichtnamentlich meldepflichtigen Erre- gernachweisen der Diagnosezeitpunkt lediglich monatsgenau angegeben werden darf und die Be- rechnung deshalb zu ungenau wäre.

### Verzug auf dem Melde- und Übermittlungsweg

Die erste Verzögerung betrifft die Zeitspanne vom Erkrankungsdatum bis zum Diagnosedatum. Sie hängt von Art, Schwere und Verlauf der Erkran- kung, vom Verhalten des Erkrankten und von der Art der Diagnosstellung ab und lässt sich dem- gemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall (Erkrankungsbeginn – Diagnosedatum) konnte bei 165.553 (45%) der Fälle berechnet werden. Im Jahr 2017 dauerte es im Median 4 Tage vom Be-

**Abb. 3.5.1:**  
**Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise, Deutschland, 2017**  
 (Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



ginn der Erkrankung bis zum Diagnosedatum. Bei den mittleren 50% der Fälle, also jenen zwischen dem 25. und dem 75. Perzentil, vergingen zwischen Erkrankungsbeginn und Diagnosestellung 2 bis 7 Tage.

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 53% der im Jahr 2017 mittels SurVNet@RKI Version 3 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag wie auch im Vorjahr bei 1 Tag.

Weitere Verzögerungen können durch die Bearbeitung im Gesundheitsamt (Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt) verursacht werden. Bei allen der für 2017 mittels SurVNet@RKI Version 3 übermittelten Fälle konnte das Intervall zwischen Meldedatum und Falleingabedatum am Gesundheitsamt bestimmt werden. Im Median belief sich der Verzug auf 0 Tage.

Die Übermittlung vom Gesundheitsamt an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI muss gemäß IfSG jeweils innerhalb eines Arbeitstages erfolgen. Der Verzug auf dem Übermittlungsweg (Zeitraum zwischen dem Falleingabedatum und Eingangsdatum am RKI) betrug im Median 1 Tag.

Eine weitere Verzögerung kann sich durch die Datenaufbereitung und Qualitätskontrolle, die

der bundesweiten wöchentlichen Veröffentlichung der Daten vorangeht, ergeben (Zeitraum zwischen Eingangsdatum am RKI und Freischaltungsdatum). Fälle, die einer Einzelfallkontrolle unterliegen, werden mit größerem Verzug veröffentlicht. Das Intervall zwischen Eingang am RKI und Freischaltung wurde für 5.875 von einer Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 8 Tagen. Der Verzug der Freischaltung kann durch verschiedene Faktoren beeinflusst werden. Dazu zählen z. B. die Dauer der initialen Qualitätsprüfung am RKI, die Komplexität einzelner Fälle, die aufgrund der Qualitätskontrolle zunächst zurückgehalten werden und erst nach Korrektur durch das zuständige Gesundheitsamt zur Veröffentlichung freigegeben werden, sowie technische Schwierigkeiten auf der Ebene der Gesundheitsämter, die dazu führen können, dass die geforderten Korrekturen in Einzelfällen mehrere Wochen dauern.

### Literaturhinweis

Schumacher J, Diercke M, Salmon M, et al.: *Timeliness in the German surveillance system for infectious diseases: Amendment of the infection protection act in 2013 decreased local reporting time to 1 day*. PLoS ONE 2017. doi: [org/10.1371/journal.pone.0187037](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187037)

## 4 Krankheitsübergreifende Auswertung

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

### 4.1 Inzidenzen

In Abb. 4.1.1 sind die Inzidenzen und Fallzahlen aller meldepflichtigen Krankheiten dargestellt, bei denen im Jahr 2017 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Die höchste Inzidenz hatte im Jahr 2017 die Influenza mit 117 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnern. Zu den häufigsten Krankheiten gehören hauptsächlich gastrointestinale Krankheiten, wie Norovirus-Gastroenteritis (89 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner), *Campylobacter*-Enteritis (84), Rotavirus-Gastroenteritis (47) und Salmonellose (17), aber auch impfpräventable Krankheiten, wie Windpocken (27) und Keuchhusten (20).

### 4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten

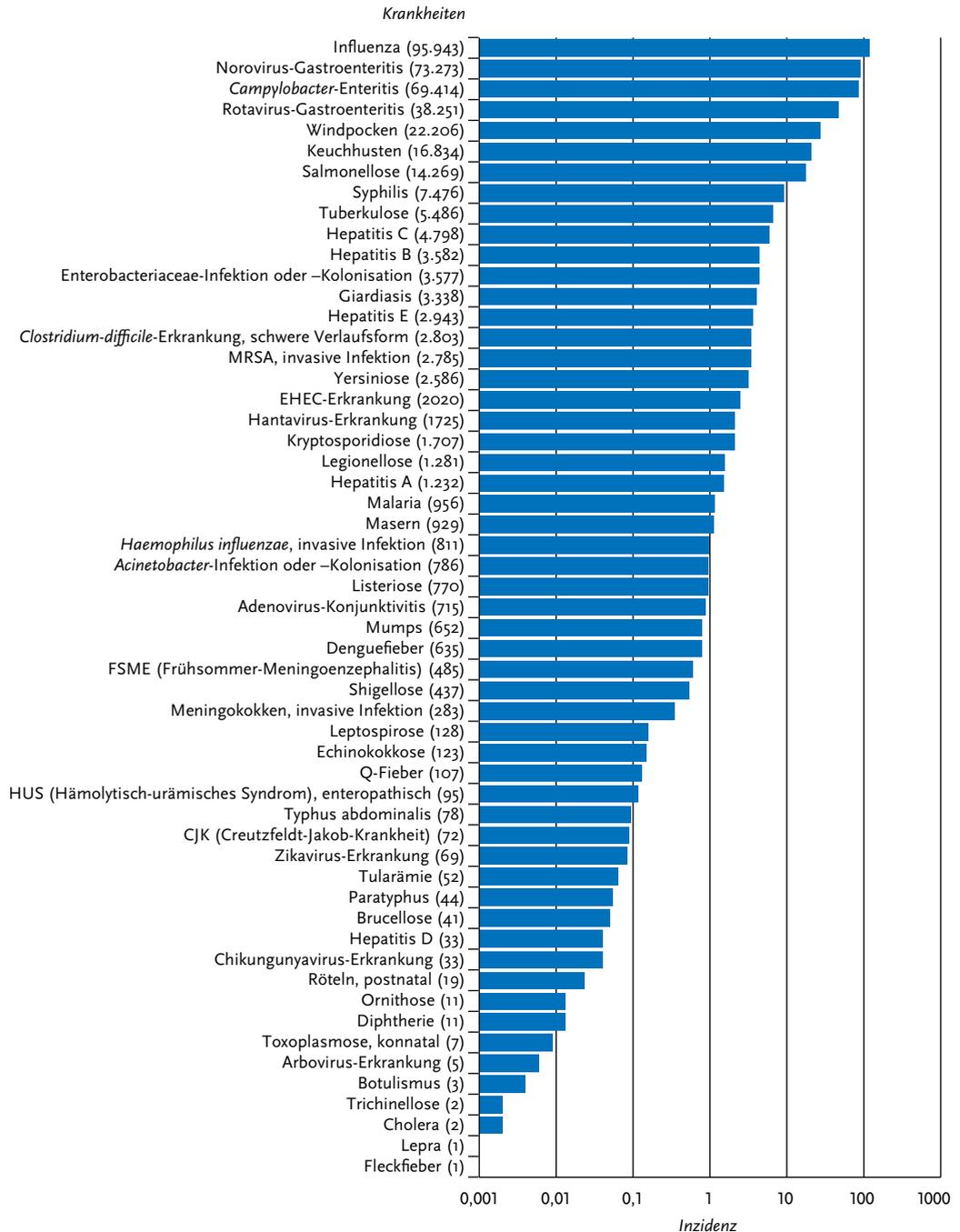
Im Folgenden werden krankheitsübergreifende epidemiologische Aspekte meldepflichtiger Krankheiten analysiert. Dabei wird die Verteilung nach Alter und Geschlecht sowie nach regionalen und saisonalen Aspekten dargestellt.

#### Fälle nach Alter

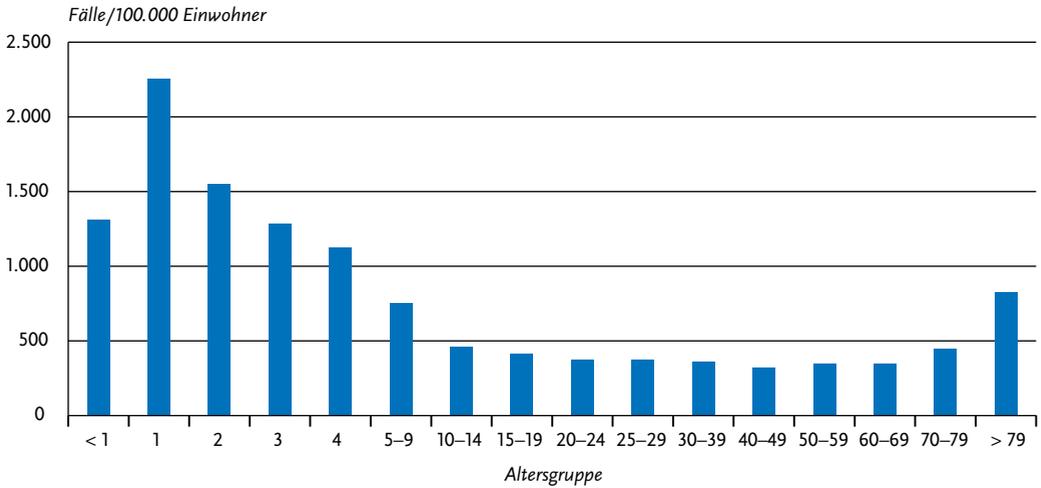
In Abb. 4.2.1 ist die Gesamtinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten im Jahr 2017 altersgruppenspezifisch dargestellt. Die Gesamtinzidenz war bei Säuglingen und Kindern in den Altersgruppen von 0 bis 4 Jahren am höchsten, gefolgt von den älteren Menschen im Alter über 79 Jahren.

In Abb. 4.2.2 ist die Altersverteilung für ausgewählte meldepflichtige Krankheiten mit über 600 Fällen im Jahr 2017 dargestellt. Die Übermittlungskategorien sind nach Median (50. Perzentil; Linien) sortiert, zusätzlich sind das 25. und das 75. Perzentil (Kasten) sowie das 10. und das 90. Perzentil (Linien) abgebildet. Den geringsten Altersmedian haben die Windpocken (6 Jahre) und Rotavirus-Gastroenteritis (7 Jahre). Der Median von weiteren impfpräventablen Krankheiten, wie Mumps und Keuchhusten, lag hingegen bei 27 und 33 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten, wie Hepatitis B und C sowie Syphilis, betrafen im Median v. a. Personen im Alter (Median) zwischen 36 und 43 Jahren. Reiseassoziierte Krankheiten, wie Denguefieber und Malaria, trafen bei Personen im Alter (Median) von 35 und 36 Jahren auf. Krankheiten, die vor allem ältere Personen betrafen, waren Listeriose, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen, invasive MRSA-Infektionen und schwer-verlaufende *Clostridium-difficile*-Erkrankungen. Hier lag der Altersmedian zwischen 73 und 80 Jahren.

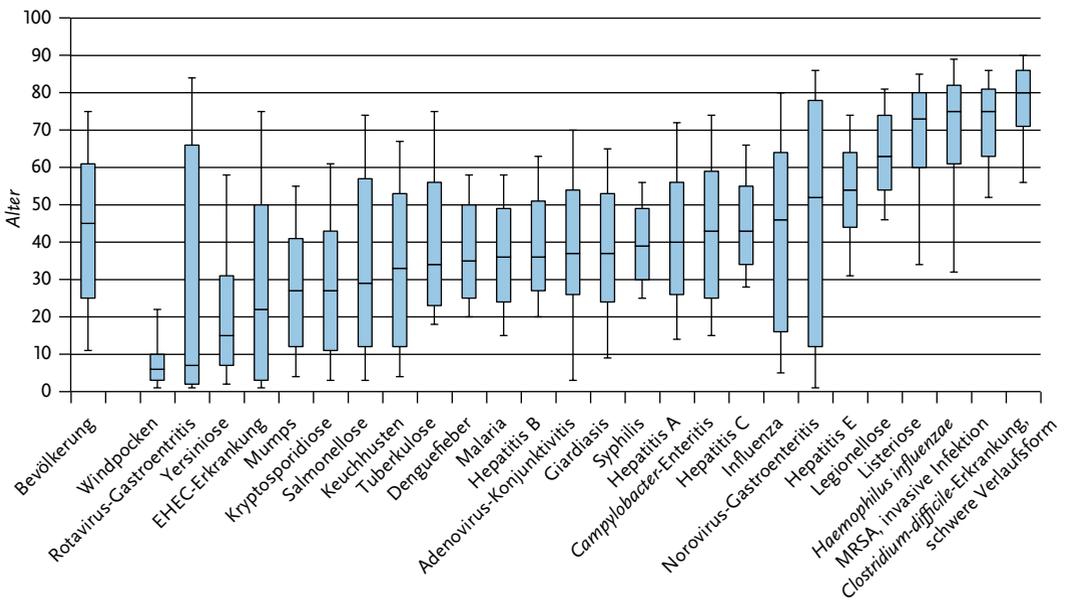
Abb. 4.1.1:  
Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens einem Fall, Deutschland, 2017



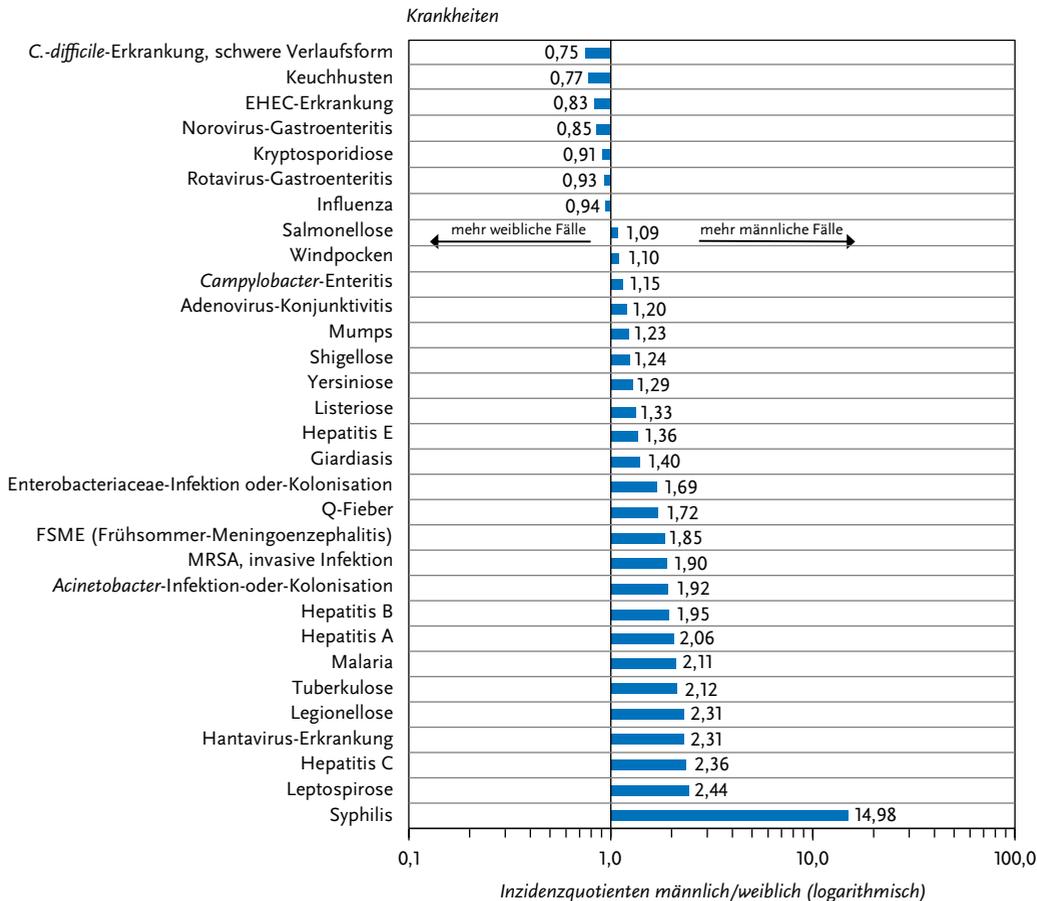
**Abb. 4.2.1:**  
Gesamtinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten nach Altersgruppe, Deutschland, 2017



**Abb. 4.2.2:**  
Verteilung der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach Alter bei meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 600 Fällen, Deutschland, 2017



**Abb. 4.2.3:**  
**Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2017**



**Fälle nach Geschlecht**

In Abb. 4.2.3 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten ( $p < 0,05$ ) Inzidenzunterschieden bei Männern und Frauen sowie einer Mindestanzahl von 100 übermittelten Fällen dargestellt. Bei der Mehrzahl der meldepflichtigen Krankheiten war die Inzidenz bei Männern höher als bei Frauen. Das gilt v.a. für sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie Syphilis, Hepatitis C und Hepatitis B, aber auch für Leptospirose, Hantavirus-Erkrankung, Malaria, Legionellose und die Tuberkulose. Dagegen waren die Inzidenzen

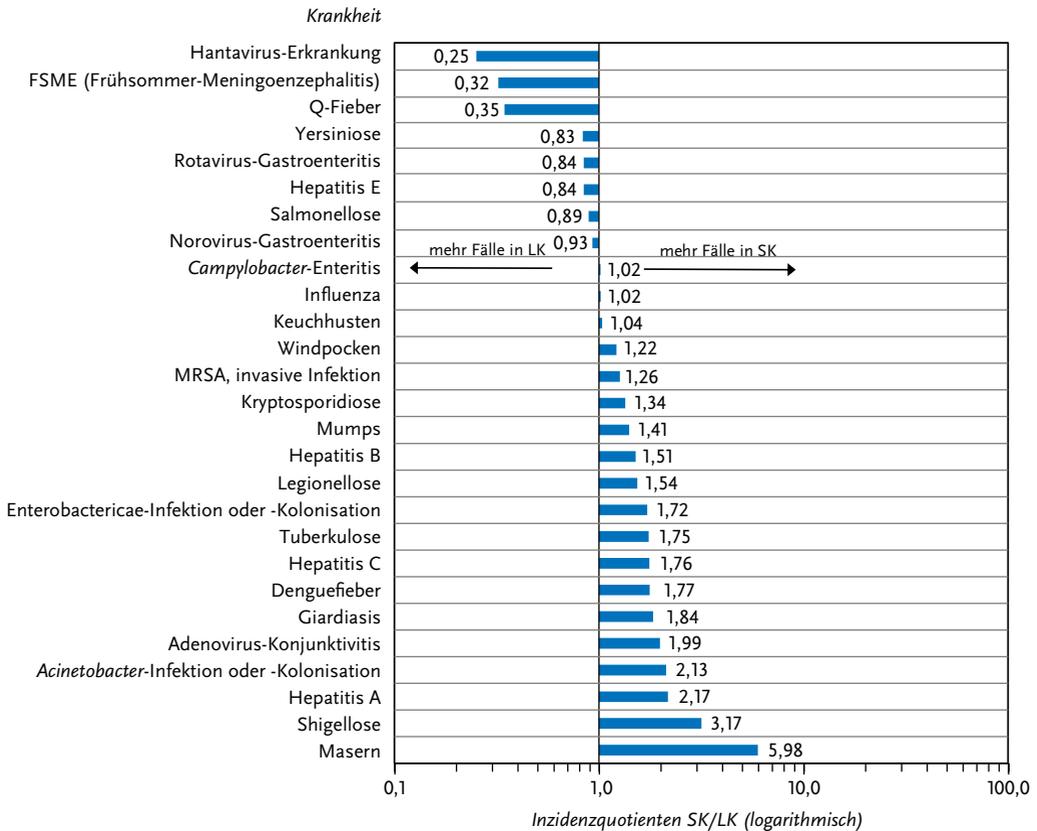
von Keuchhusten, EHEC-Erkrankung, Norovirus-Gastroenteritis, schwer verlaufender *Clostridium-difficile*-Erkrankung, Kryptosporidiose und Rotavirus-Gastroenteritis bei Frauen höher als bei Männern.

**Fälle nach Region**

In Abb. 4.2.4 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten Inzidenzunterschieden zwischen Stadt- und Landkreisen (einschließlich Region Hannover und Städteregion Aachen) dargestellt.

Abb. 4.2.4:

Verhältnis der Inzidenzen in Stadtkreisen (SK) und Landkreisen (LK) (Inzidenzquotient) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Unterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2017



Erregernachweise, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen keine Zuordnung zu Kreisen möglich ist (s. Kap. 2.2). Die Abbildung zeigt, dass in Stadtkreisen höhere Inzidenzen u. a. für reiseassoziierte Infektionskrankheiten, wie Shigellose, Denguefieber und Giardiasis, sowie für impfpräventable Krankheiten, wie Masern, Hepatitis A und B und Mumps, beobachtet wurden.

In Landkreisen wurden hingegen höhere Inzidenzen bei Zoonosen, wie Q-Fieber, FSME und Hantavirus-Erkrankung, bei gastrointestinalen Krankheiten, wie Yersiniose, Norovirus-Gastroenteritis, Hepatitis E, Salmonellose und Rotavirus-Gastroenteritis, festgestellt.

## 4.3 Klinische Aspekte

### Hospitalisierungen

In Tab. 4.3.1 sind die Anzahl und der Anteil der hospitalisierten Fälle von namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2017 dargestellt. Krankheiten, die der Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG unterliegen, wurden nicht betrachtet, da bei diesen – mit Ausnahme von Malaria – keine Hospitalisierungsdaten erhoben werden. Angaben zur Hospitalisierung lagen für 89 % der übermittelten Fälle vor. Von diesen wurden insgesamt 37 % stationär im Krankenhaus behandelt.

Die höchsten Hospitalisierungsraten von mehr als 95% wurden für die invasive Meningokokken-Infektion, invasive MRSA-Infektion, Legionellose, schwer verlaufende *Clostridium-difficile*-Erkrankung, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektion und Listeriose ermittelt. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurde bei Norovirus-Gastroenteritis (37.120), Influenza (22.358), Rotavirus-Gastroenteritis (17.665) und *Campylobacter*-Enteritis (14.816) beobachtet. Das sind gleichzeitig die Krankheiten mit den höchsten Fallzahlen.

### Todesfälle

Obwohl Angaben zum Tod zu den melde- und übermittlungspflichtigen Inhalten zählen, ist bekannt, dass in den Gesundheitsämtern bei der Ermittlung von Todesfällen und der Bewertung der entsprechenden Informationen unterschiedlich vorgegangen wird. So kann z. B. bei multimorbiden Patienten nicht immer eindeutig bestimmt werden, ob die gemeldete Infektion oder eine der Vorerkrankungen zum Tod geführt hat. Außerdem kann bei einigen Krankheiten eine lange Zeitspanne zwischen Erkrankungsbeginn und Tod liegen, so dass solche Fälle gegebenenfalls fälschlicherweise nicht als verstorben übermittelt werden, weil die Ermittlungen des Gesundheitsamtes zum Zeitpunkt des Todes möglicherweise

schon abgeschlossen waren. Gleichzeitig ist es wahrscheinlicher, dass schwere Krankheitsverläufe, die zum Tod geführt haben, gemeldet werden, als leichte Krankheitsverläufe. In der Folge könnte es einerseits zu einer Unterschätzung der Anzahl der Todesfälle, andererseits zu einer Überschätzung der Letalität einer Infektionskrankheit kommen. Daher können die folgenden Angaben kein exaktes Abbild liefern, sondern nur Hinweise zur Einschätzung der Letalität der Krankheiten geben.

Angaben zum Tod lagen für über 98% der übermittelten Fälle vor, von denen insgesamt weniger als 1% krankheitsbedingt verstorben sind.

In Tab. 4.3.1 sind Anzahl und Anteil der Todesfälle der namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen im Jahr 2017 dargestellt. Krankheiten, die der Meldepflicht gemäß § 7 Abs. 3 IfSG unterliegen, wurden hierbei nicht berücksichtigt, da bei diesen nicht erhoben wird, ob die Person verstorben ist. Der höchste Anteil Verstorbener wurde für *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf (25%), invasive Meningokokken-Infektionen (8%), invasive MRSA-Infektionen (6%), invasive *Haemophilus-influenzae*-Erkrankungen (5%), Legionellose (4%), und Listeriose (4%) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei schwer verlaufenden *Clostridium-difficile*-Erkrankungen (692), Influenza (441), invasiven MRSA-Infektionen (176) und Tuberkulose (102) beobachtet.

**Tab. 4.3-1:**  
**Anteil der hospitalisierten Fälle und Anteil der Verstorbenen bei den namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2017**

Krankheit	Fälle Gesamt	Fälle mit Angabe zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle	
	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)
Acinetobacter-Infektion oder -Kolonisation	786	735	656	89	767	16	2
Adenovirus-Konjunktivitis	715	609	67	11	707	0	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	69.414	63.123	14.816	23	68.231	11	0
<i>Chlostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf	2.803	2.728	2.655	97	2.732	692	25
Denguefieber	635	585	221	38	631	1	0
EHEC-Erkrankung	2.020	1.832	455	25	1.982	2	0
Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation	3.577	3.356	3.097	92	3.532	34	1
FSME (Frühsommermeningoenzephalitis)	485	473	403	85	484	0	0
Giardiasis	3.338	2.993	392	13	3.287	0	0
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Erkrankung	811	776	750	97	792	43	5
Hantavirus-Erkrankung	1.725	1.566	1.122	72	1.720	0	0
Hepatitis A	1.232	1.183	710	60	1.216	4	0
Hepatitis B	3.582	2.749	459	17	3.500	3	0
Hepatitis C	4.798	3.681	917	25	4.711	4	0
Hepatitis E	2.943	2.744	1.552	57	2.886	9	0
Influenza	95.943	81.355	22.358	27	93.990	441	0
Keuchhusten	16.834	15.190	872	6	16.643	0	0
Kryptosporidiose	1.707	1.518	181	12	1.684	0	0
Legionellose	1.281	1.244	1.213	98	1.263	50	4
Leptospirose	128	123	99	80	127	2	2
Listeriose	770	735	707	96	749	30	4
Masern	929	865	376	43	927	1	0
Meningokokken, invasive Erkrankung	283	282	278	99	282	23	8
MRSA	2.785	2.691	2.647	98	2.740	176	6
Mumps	652	587	93	16	637	0	0
Norovirus-Gastroenteritis	73.273	66.392	37.120	56	71.799	36	0
Q-Fieber	107	96	71	74	107	2	2
Rotavirus-Gastroenteritis	38.251	34.421	17.665	51	37.247	20	0
Salmonellose	14.269	12.998	4.930	38	14.024	20	0
Shigellose	437	373	88	24	433	0	0
Tuberkulose	5.486	5.016	4.486	89	5.344	102	2
Windpocken	22.206	18.749	666	4	21.786	2	0
Yersiniose	2.586	2.292	669	29	2.559	0	0

## 5 Ausbrüche

Als Ausbrüche werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch Gruppen solcher Fälle bezeichnet, für die im Laufe des Meldeprozesses ein epidemiologischer Zusammenhang dokumentiert wurde. Fälle können in der Übermittlungssoftware auf der Ebene des Gesundheitsamtes, der zuständigen Landesbehörde oder des RKI verknüpft werden, um ihre Zugehörigkeit zu einem Ausbruch anzuzeigen.

Zusätzlich können in der Übermittlungssoftware auch Ausbrüche miteinander verknüpft und dadurch zusammengefasst werden. So ist es z. B. möglich, dass 2 Ausbrüche, die in verschiedenen Gesundheitsämtern eines Bundeslandes erzeugt wurden, auf Landesebene zusammengefasst und dann auf Bundesebene mit weiteren Ausbrüchen in anderen Bundesländern verknüpft werden.

Die in diesem Jahrbuch dargestellten Ausbrüche sind also Ansammlungen von Fällen, bei denen über die rein zeitliche und räumliche Häufung hinaus Gründe für die Feststellung eines epidemiologischen Zusammenhangs vorliegen.

Zum besseren Verständnis der im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch angegebenen Zahlen sind folgende Regeln zu beachten:

- ▶ Bei der Ermittlung der Fallzahl (Anzahl der enthaltenen Fälle) werden nur die Fälle gezählt, die die Referenzdefinition erfüllen.
- ▶ Ausbrüche werden nach der Fallzahl in solche mit 2 bis 4 Fällen und solche mit 5 oder mehr Fällen eingeteilt, da bei letzteren anzunehmen ist, dass es sich um haushaltsübergreifende Geschehen handelt. Ausbrüche, bei denen nur ein einzelner Fall die Referenzdefinition erfüllt, werden nicht in die Auswertung einbezogen.
- ▶ Ein Ausbruch wird in dem Meldejahr gezählt und ausgewertet, in dem sein Meldebeginn liegt. Der Meldebeginn ist der Meldezeitpunkt des zuerst gemeldeten Falles, unabhängig davon, ob dieser die Referenzdefinition erfüllt. Das bedeutet, dass es theoretisch möglich ist, dass ein Fall, der bei der Fallzahl des Ausbruchs nicht mitgezählt wird, dennoch seinen Meldebeginn festlegt.

- ▶ Zur Fallzahl eines Ausbruchs tragen alle zugeordneten Fälle bei, unabhängig vom Meldejahr der Fälle. Dies kann unter Umständen dazu führen, dass die Anzahl der Fälle in Ausbrüchen eines Meldejahres die Gesamtzahl der Fälle des Meldejahres übersteigt.
- ▶ Es werden nur die Ausbrüche der obersten Ebene mit mindestens 2 Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, ausgewertet. Das bedeutet, dass bei Verknüpfung von 2 Ausbrüchen A und B zu einem Ausbruch C nur ein Ausbruch (nämlich C) gezählt wird. Als Fälle dieses Ausbruchs werden dann alle Fälle der Ausbrüche A und B gezählt.
- ▶ Enthält eine Häufung Fälle mehrerer Krankheiten, so werden jeweils nur die Fälle einer Krankheit als zu einem Ausbruch gehörig betrachtet. Eine Ausnahme bilden Ausbrüche mit EHEC- und HUS-Fällen. Hier werden HUS-Fälle, die im Rahmen von EHEC-Ausbrüchen gemeldet werden, bei der Auswertung dieser Ausbrüche mit einbezogen. Ein solcher Ausbruch wird als HUS-Ausbruch gewertet, wenn mindestens ein HUS-Fall enthalten ist.

Zu beachten ist, dass diese Regeln rückwirkend auch auf Ausbrüche früherer Jahre angewendet wurden, so dass es gegenüber früheren Jahrbüchern zu abweichenden Zahlen kommen kann.

Bei Norovirus-Gastroenteritis (s. Kap. 6.42) erfüllen nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Fälle die Referenzdefinition, klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle werden nicht berücksichtigt. Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden nur die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche berichtet, die mindestens 2 klinisch-labordiagnostisch bestätigte Fälle enthalten. Dadurch kommt es zu einer Unterschätzung der tatsächlichen Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie der im Rahmen von Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen übermittelten Fallzahlen. Wegen der daraus resultierenden, eingeschränkten Vergleichbarkeit mit den anderen Ausbrüchen werden die Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche im Folgenden bei krankheitsübergreifenden Auswertungen nicht berücksichtigt oder gesondert dargestellt.

## 5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche

In Tab. 5.1.1 sind die Anzahl der übermittelten Ausbrüche, die mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch sowie die maximale einem Ausbruch

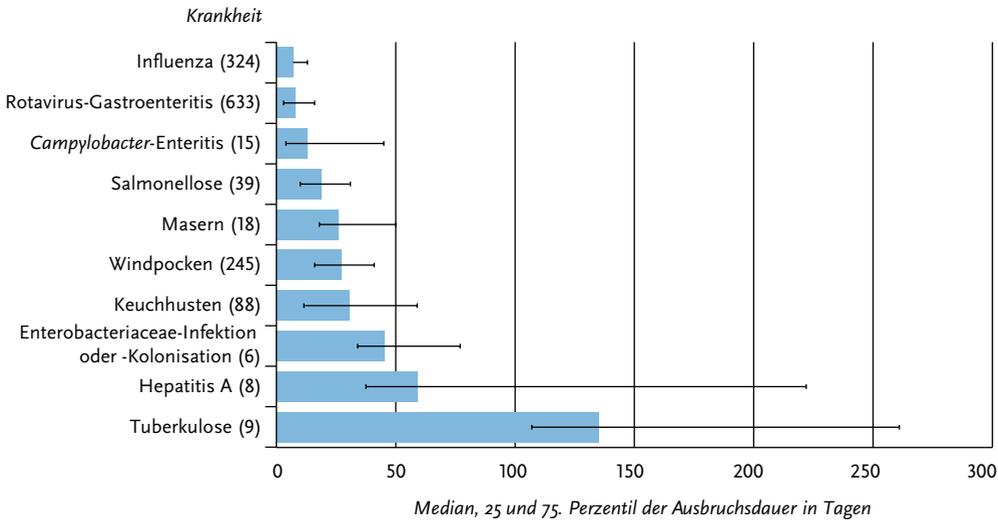
zugeordnete Fallzahl für die unterschiedlichen Krankheiten dargestellt. Übermittlungskategorien, bei denen in den Falldefinitionen die epidemiologische Bestätigung entfällt, werden nicht berücksichtigt, dies betrifft u.a. Norovirus-Gastroenteritis. Für das Meldejahr 2017 wurden insgesamt 6.557 Ausbrüche übermittelt.

Tab. 5.1.1:

Anzahl der übermittelten Ausbrüche, Anzahl der Fälle im Ausbruch sowie die mittlere und maximale Anzahl von Fällen in Ausbrüchen für meldepflichtige Krankheiten, Deutschland, 2017

	Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Mittlere Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch
Influenza	2.166	9.364	4	83
Rotavirus-Gastroenteritis	1.470	10.820	7	107
Windpocken	1.081	4.579	4	40
Keuchhusten	777	2.388	3	38
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	378	1.016	3	47
Salmonellose	265	1.170	4	72
Tuberkulose	67	193	3	10
Masern	58	762	13	320
Hepatitis A	57	180	3	18
EHEC-Erkrankungen (mit HUS)	49	123	3	14
Giardiasis	45	101	2	4
Kryptosporidiose	22	55	3	7
Adenovirus-Konjunktivitis	21	79	4	28
Listeriose	21	44	2	4
Mumps	16	49	3	9
Legionellose	12	44	4	15
Yersiniose	10	22	2	3
Hepatitis E	10	20	2	2
Shigellose	8	19	2	3
Hantavirus-Erkrankungen	5	15	3	5
Typhus abdominalis	5	11	2	3
Röteln	3	9	3	5
Leptospirose	3	6	2	2
Q-Fieber	2	4	2	2
Tularämie	2	4	2	2
Brucellose	1	2	2	2
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	1	2	2	2
Meningokokken, invasive Infektion	1	2	2	2
Paratyphus	1	2	2	2

**Abb. 5.1.1:**  
**Mittlere Ausbruchsdauer (Median) der 10 Krankheiten, deren Ausbrüche (5 oder mehr Fälle) am häufigsten waren, Deutschland, 2017 (Anzahl der ausgewerteten Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen in Klammern)**



Die Krankheiten mit den meisten Fällen verursachten auch 2017 die meisten Ausbrüche. Am häufigsten wurden Ausbrüche von Influenza (2.166) mit insgesamt 9.364 darin enthaltenen Fällen übermittelt. Gefolgt von Rotavirus-Gastroenteritis mit 1.470 Ausbrüchen und 10.820 Fällen, Windpocken mit 1.081 Ausbrüchen und 4.579 Fällen und Keuchhusten (777 Ausbrüche mit 2.388 Fällen) sowie potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüchen wie *Campylobacter*-Enteritis (378 Ausbrüche mit 1.016 Fällen) und Salmonellose (265 Ausbrüche mit 1.170 Fällen) (s. Tab. 5.1.1).

Die höchste einem Ausbruch zugeordnete Fallzahl lag bei 320 und wurde im Rahmen eines Masernausbruches übermittelt (s. Tab. 5.1.1). Durch diesen einen großen Ausbruch ist die mittlere Anzahl der Fälle pro Ausbruch bei Masern mit 13 Fällen im Vergleich zu den anderen Krankheiten am höchsten. Detaillierte Informationen zu den jeweiligen Ausbrüchen finden sich in den erregerspezifischen Kapiteln.

Für Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen wurde die mittlere Dauer der Ausbrüche berechnet. Die Ausbruchsdauer wurde dabei als Zeitdifferenz zwischen dem Erkrankungs- bzw. Diagnosezeitpunkt (ggf. Meldezeitpunkt) des frühesten und

des spätesten Falls, bei dem ein solches Datum vorlag, definiert.

In Abb. 5.1.1 sind der Median sowie das 25. und 75. Perzentil der Ausbruchsdauer der Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen dargestellt. Die längste Ausbruchsdauer war bei Ausbrüchen von Tuberkulose (Median 135 Tage) und Hepatitis A (Median 59 Tage) zu beobachten.

## 5.2 Gruppen von Ausbrüchen

In diesem Kapitel werden verschiedene Gruppen von Ausbrüchen beschrieben. Dabei ist zu beachten, dass die einzelnen Gruppen sich überlappen können. So können nosokomiale Ausbrüche zum Beispiel auch lebensmittelbedingt sein.

### Lebensmittelbedingte Ausbrüche

Seit 2004 werden im Rahmen der integrierten Ausbruchserfassung in SurvNet@RKI auch Daten zur Bedeutung von Lebensmitteln als Infektionsvehikel in Ausbrüchen erhoben. Diese Daten

sind für die epidemiologische Betrachtung lebensmittelbedingter Ausbrüche in Deutschland sowie für die Identifizierung des hieraus resultierenden Präventions- und Forschungsbedarfs wichtig.

Die nachfolgende Analyse umfasst alle Ausbrüche, bei denen aufgrund des Erregers eine lebensmittelbedingte Übertragung angenommen werden kann (**potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche**). Bei einem Teil von diesen werden in der Ausbruchsdokumentation Lebensmittel explizit genannt. Diese Ausbrüche werden als **explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche** beschrieben.

#### **Ausbrüche durch über Lebensmittel übertragbare Erreger**

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

Im Jahr 2017 wurden 875 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das waren ca. 4 % weniger Ausbrüche als im Vorjahr (n=915). Insgesamt sind im Jahr 2017 in diesen Ausbrüchen 2.777 Erkrankungen aufgetreten (s. Tab. 5.2.1). Bei 378 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr hat die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche um 21 % abgenommen. Bei 265 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche stieg im Vergleich zum

Jahr 2016 um 23 %. Damit hat sich der in den Vorjahren beobachtete Rückgang der Anzahl der Salmonellose-Ausbrüche nicht weiter fortgesetzt. Im Zusammenhang mit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurden 2 Todesfälle übermittelt. Beide Todesfälle waren durch Salmonellose verursacht.

#### **Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit**

Insgesamt wurden 316 der potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüche (36 %; 2016: 36 %) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 1.375 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Darunter waren 143 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (45 %) mit 482 Fällen und 132 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (42 %) mit 789 Fällen (s. Tab. 5.2.1).

Bei 163 Ausbrüchen (52 %) wurden keine Angaben zum verdächtigten Lebensmittel übermittelt. Unter den übrigen 153 Ausbrüchen wurde insgesamt 191-mal ein Infektionsvehikel angegeben (Mehrfachnennungen möglich), darunter waren am häufigsten die Lebensmittelkategorien Fleisch oder Fleischprodukte (n=71; 37 %), Ei oder Eiprodukte (38; 20 %), Milch oder Milchprodukte (38; 20 %) und Suppen oder Saucen (15; 8 %). Bei den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde auch 6-mal eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel sicher eingegrenzt werden konnte (s. Tab. 5.2.2).

Bei den *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen mit Angaben zum verdächtigten Lebensmittel (74 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte (42 %) und Milch oder Milchprodukte (39 %) angegeben. Bei Salmonellose-Ausbrüchen (87 Nennungen) wurden vor allem Ei oder Eiprodukte (39 %) und Fleisch oder Fleischprodukte (35 %) als Infektionsvehikel verdächtig.

Bei der Interpretation der Daten muss berücksichtigt werden, dass der Anteil der Ausbrüche durch *Salmonella* spp. und *Campylobacter* spp., der als lebensmittelbedingt übermittelt wurde, wahrscheinlich zu niedrig ist, da davon auszugehen ist, dass der Großteil dieser Erkrankungen über kontaminierte Lebensmittel erworben wird.

Tab. 5.2.1:  
Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2017

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
<b>Bakterien</b>					
<i>Campylobacter</i> spp.	378	1.016	143	482	
<i>Salmonella</i> spp.	265	1.170	132	789	2
EHEC*	49	123	10	25	
<i>Listeria monocytogenes</i>	21	44	1	2	
<i>Yersinia enterocolitica</i>	10	22	4	9	
<i>Shigella</i> spp.	8	19	1	2	
<i>Salmonella</i> Typhi	5	11	1	2	
<i>Francisella tularensis</i>	2	4			
<i>Salmonella</i> Paratyphi	1	2			
<i>Brucella</i> spp.	1	2	1	2	
<b>Viren</b>					
Hepatitis-A-Virus	57	180	6	19	
Hepatitis-E-Virus	10	20	6	12	
FSME	1	8	1	8	
<b>Parasiten</b>					
<i>Giardia lamblia</i>	45	101	7	15	
<i>Cryptosporidium</i> spp.	22	55	3	8	
<b>Gesamt</b>	<b>875</b>	<b>2.777</b>	<b>316</b>	<b>1.375</b>	<b>2</b>

\* EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS

### Lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche

Für das Jahr 2017 wurden 19 explizit lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche erfasst. Bei 9 (47 %) Ausbrüchen wurden keine Angaben zum Lebensmittel übermittelt. Für 10 Ausbrüche (53 %) lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 11 Nennungen entfielen 3 auf Suppen oder Saucen und jeweils 2 auf Fleisch oder Fleischprodukte bzw. Gemüse oder Gemüseprodukte. Ei oder Eiprodukte bzw. Milch oder Milchprodukte wurden jeweils einmal als ver-

dächtige Lebensmittelkategorie genannt. Zweimal wurde eine Mahlzeit verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel eingegrenzt werden konnte. Es wurden 0,6 % aller Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (n=3,368) im Zusammenhang mit Lebensmitteln übermittelt. Insgesamt umfassten die explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche 68 Fälle. Wie oben beschrieben, ist davon auszugehen, dass die tatsächliche Anzahl der Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche sowie die im Rahmen von Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüchen übermittelten Fallzahlen unterschätzt werden.

**Tab. 5.2.2:**  
**Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger**  
**(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2017**

Lebensmittel	Gesamt	CAM	SAL	EHC	GIL	HAV	HEV	YEN	CRY	FSV	SHI	STY	BRU	LIS
Fleisch, Fleischprodukte	71	31	30	2	1	1	4	2						
Milch, Milchprodukte	37	29	4	1	1				1	1				1
Ei, Eiprodukte	38	3	34		1									
Suppen, Saucen	15	2	11		1				1					
Getränke (keine Milch)	7	2			1	2			2					
Fisch, Meeresfrüchte	6	3	1		1	1								
Gemüse, Gemüseprodukte	4	2	2											
Obst, Obstprodukte	3	1			1	1								
Zucker, Zuckerprodukte, Schokoladen, Süßigkeiten	2		1			1								
Getreide, Getreideprodukte	1				1									
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	6	1	4		1									
<b>Gesamt (Nennungen)</b>	<b>190</b>	<b>74</b>	<b>87</b>	<b>3</b>	<b>9</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	153	65	71	3	1	3	4	2	2	1	0	0	0	1
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	163	78	61	7	6	3	2	2	1	0	1	1	1	1
<b>Gesamt (explizit lebens- mittelbedingte Ausbrüche)</b>	<b>316</b>	<b>143</b>	<b>132</b>	<b>10</b>	<b>7</b>	<b>6</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>

\* Mehrfachnennungen möglich

CAM: *Campylobacter* spp.

SAL: *Salmonella* spp.

EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)

GIL: *Giardia lamblia*

HAV: Hepatitis-A-Virus

HEV: Hepatitis-E-Virus

YEN: *Yersinia enterocolitica*

CRY: *Cryptosporidium* spp

FSV: FSME-Virus

SHI: *Shigella* spp.

STY: *Salmonella* Typhi

BRU: *Brucella* spp.

LIS: *Listeria monocytogenes*

## Nosokomiale Ausbrüche

Das Auftreten von zwei oder mehr nosokomialen Infektionen, bei denen ein epidemischer Zusammenhang wahrscheinlich ist oder vermutet wird, wird dem Gesundheitsamt gemäß § 6 Abs. 3 IfSG nichtnamentlich gemeldet und gemäß § 11 Abs. 1 IfSG an die zuständige Landesbehörde und von dort an das Robert Koch-Institut übermittelt. Fälle, die zu einem nosokomialen Ausbruchsgeschehen gehören, können in Abhängigkeit von der Erkrankung oder dem Erregernachweis zum Teil gleich-

zeitig auch andere Meldetatbestände erfüllen und somit anderen Meldekategorien zugeordnet werden.

Die Daten zu nosokomialen Ausbrüchen werden in SurvNet@RKI elektronisch übermittelt. Gesundheitsämter, denen die entsprechende Meldesoftware nicht zur Verfügung stand, hatten bis Ende 2017 die Möglichkeit, einen papierbasierten Übermittlungsbogen zu nutzen. Die nachfolgende Darstellung basiert auf der Auswertung der elektronischen oder per Übermittlungsbogen übermittelten Ausbrüche gemäß § 11 Abs. 1 IfSG.

Da auf den Übermittlungsbögen häufig die Angabe des Meldedatums für den Ausbruch fehlt, werden derart übermittelte nosokomiale Ausbrüche dem Jahr zugerechnet, in dem der Ausbruch übermittelt wurde. Die Zuordnung der elektronisch übermittelten Ausbrüche erfolgt nach dem Meldebeginn des Ausbruchs. Nur Ausbrüche mit zwei oder mehr Fällen von nosokomialen Infektionen werden in dieser Auswertung berücksichtigt.

Im Jahr 2017 erfüllten 1.631 nosokomiale Ausbrüche die oben genannte Definition, davon wurden 1.600 Ausbrüche in SurvNet@ RKI und 31 mit Übermittlungsbogen übermittelt.

Bei insgesamt 127 Ausbrüchen wurde keine Angabe zum Erreger übermittelt. Von den 1.504 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe wurden 69 Ausbrüche (5%) durch bakterielle Er-

reger, 1.426 (95%) durch virale Erreger und 9 (<1%) durch Parasiten hervorgerufen. Insgesamt waren 16.396 Fälle nosokomialen Ausbrüchen zuzuordnen, davon waren 13.694 Fälle Ausbrüchen zuzuordnen, die durch virale Erreger verursacht wurden, und 476 Fälle waren Ausbrüchen zuzuordnen, die durch bakterielle Erreger hervorgerufen wurden. Es wurden insgesamt 98 Todesfälle übermittelt, 66 (67%) im Zusammenhang mit Ausbrüchen viraler Erreger, 30 (31%) im Zusammenhang mit bakteriellen Erregern, (s. Tab. 5.2.3).

### Literaturhinweis

RKI: *Nosokomiale Ausbrüche*. [www.rki.de/DE/Content/Infekt/Ausbrueche/nosokomial/nosokomiale\\_Ausbrueche\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Infekt/Ausbrueche/nosokomial/nosokomiale_Ausbrueche_node.html)

Tab. 5.2.3:  
Nosokomiale Ausbrüche (n=1.631) unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2017

Erreger		Anzahl der Ausbrüche	Anzahl Fälle im Ausbruch	Minimale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Maximale Anzahl der Fälle im Ausbruch	Anzahl Todesfälle im Ausbruch
<b>Viren</b>	Norovirus	1.109	11.127	2	219	32
	Influenzavirus	151	1.249	2	59	29
	Rotavirus	140	1.160	2	107	5
	Adenovirus	5	46	3	34	0
	Respiratorisches Synzytial-Virus (RSV)	3	17	2	11	0
	mehrere/ sonstige	18	95	2	16	0
	<b>Gesamt</b>	<b>1.426</b>	<b>13.694</b>	<b>2</b>	<b>219</b>	<b>66</b>
<b>Bakterien</b>	<i>Staphylococcus</i> spp.	14	79	2	19	0
	<i>Enterococcus</i> spp.	11	172	5	46	1
	<i>Acinetobacter</i> spp.	7	41	2	16	11
	<i>Klebsiella</i> spp.	8	41	2	13	4
	<i>Pseudomonas</i> spp.	6	21	2	5	5
	<i>Clostridium difficile</i>	4	23	3	13	0
	<i>Bordetella pertussis</i>	4	9	2	3	0
	<i>Serratia</i> spp.	3	17	5	6	4
	<i>Salmonella</i> spp.	2	14	5	9	0
	<i>Campylobacter</i> spp.	1	18	18	18	0
	<i>Stenotrophomonas</i> spp.	1	3	3	3	3
	<i>Enterobacter</i> spp.	1	2	2	2	1
	<i>Escherichia coli</i>	1	2	2	2	0
	mehrere/sonstige	5	34	2	12	1
	<b>Gesamt</b>	<b>69</b>	<b>476</b>	<b>2</b>	<b>46</b>	<b>30</b>
<b>Parasiten</b>	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Skabies)	9	77	2	25	0
<b>Erreger unbekannt</b>	<b>Gesamt</b>	<b>127</b>	<b>1.633</b>	<b>2</b>	<b>91</b>	<b>2</b>
<b>Alle</b>	<b>Gesamt</b>	<b>1.631</b>	<b>16.396</b>	<b>2</b>	<b>219</b>	<b>98</b>

## 6 Spezielle Krankheiten

Das vorliegende Kapitel enthält zu jeder gemäß IfSG meldepflichtigen Krankheit ein infektions-epidemiologisches Profil. Dabei sind die Krankheiten in alphabetischer Reihenfolge und nicht nach Häufigkeit oder gesundheitspolitischer Bedeutung aufgeführt.

Weitere Krankheiten von besonderem infektionsepidemiologischen Interesse finden sich im Kapitel »Zusätzliche Krankheiten« am Ende (s. Kap. 6.63).

### 6.1 *Acinetobacter*-Infektion oder -Kolonisation (*Acinetobacter* spp. mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 786
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen ab 60 Jahren, insbesondere Männern
- ▶ Sowohl Infektionen als auch Kolonisationen sind meldepflichtig.

#### Kurzbeschreibung

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

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

*Acinetobacter* spp. weisen natürlicherweise eine Resistenz gegen eine Vielzahl von Antibiotika auf, z. B. gegen viele Beta-Laktam-Antibiotika, wie Ertapenem. *A. baumannii* weist zudem eine außergewöhnliche Fähigkeit auf, Resistenzen gegen Antibiotika auszubilden. Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die als letzte therapeutische Alternative bei komplizierten Infektionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer Carbapenem-Nichtempfindlichkeit kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase, ein Enzym, das Carbapeneme spalten kann. Bei *A. baumannii* ist eine Carbapenemase meistens (94%) die Ursache einer verminderten Carbapenem-Empfindlichkeit.

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

#### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Meldepflicht wurde im Jahr 2016 eingeführt, noch nicht alle Gesundheitsämter hatten im Jahr 2017 die Software für die Übermittlung aktualisiert. Daher wurden die Fälle entweder in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter* (n=636) oder bei nicht aktualisierter Software als „Weitere bedrohliche Krankheit“ (WBK) (n=150) übermittelt (s. Tab. 6.1.1). Infektionen oder Todesfälle werden in der Kategorie klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung (C), Kolonisationen in der Kategorie labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild (D) und Fälle mit fehlender Angabe zum Infektionsstatus in der Kategorie labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild (E) erfasst. In den folgenden Auswertungen werden auch Spezies einbezogen, die nicht zum *A.-baumannii*-Komplex gehören. Nichtempfindlichkeit ist definiert als intermediär oder resistent gegen mindestens eines der Carbapeneme Imipenem oder Meropenem.

**Tab. 6.1.1:**  
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017 (n=786)

Kategorie	2017	
	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	179	23 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	318	40 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	289	37 %
alle	786	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	786	100 %

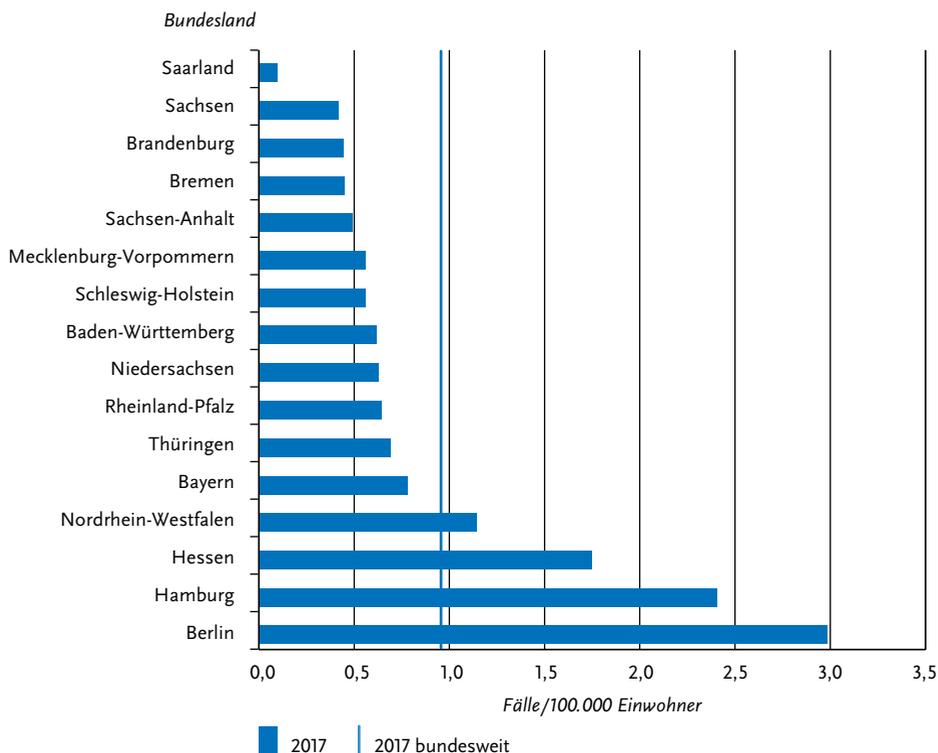
### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 786 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 0,96 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland.

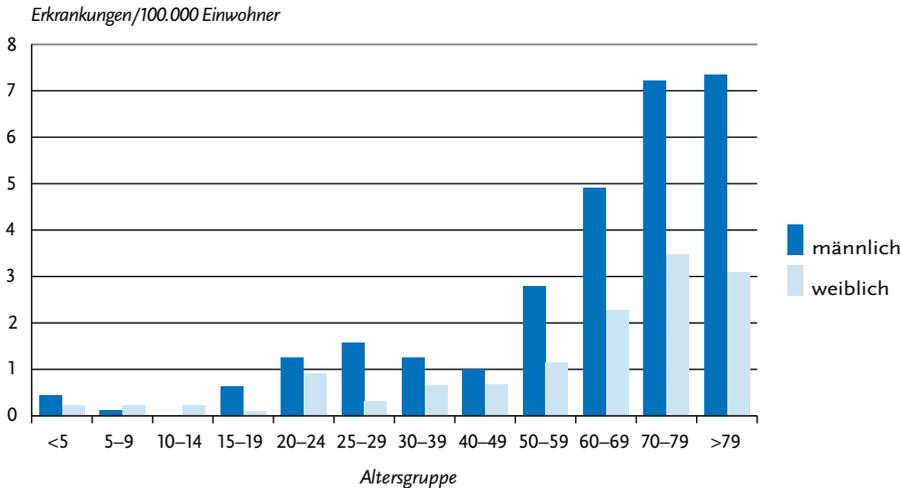
### Geografische Verteilung

Die Anzahl der Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern übermittelt wurde, bezogen auf die Einwohnerzahl, variierte sehr stark (s. Abb. 6.1.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Berlin

**Abb. 6.1.1:**  
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=786)



**Abb. 6.1.2:**  
Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=785)



(3,0 Fälle/100.000 Einw.), Hamburg (2,4), Hessen (1,7) und Nordrhein-Westfalen (1,1) beobachtet. In diesen Bundesländern lag sie über dem bundesweiten Durchschnitt. Die geringste Inzidenz wurde im Saarland übermittelt (0,1 Fälle/100.000 Einw.).

### Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter *Acinetobacter*-Infektionen und -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit stieg ab der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen mit zunehmendem Alter an (s. Abb. 6.1.2). Die in absoluter Zahl am stärksten betroffenen Altersgruppen sind Erwachsene ab 50 Jahre (79 % aller Fälle). Die höchste Inzidenz wird in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen (2,6 Fälle/100.000 Einw.) und der über 79-Jährigen (2,3) beobachtet. Männer sind in fast allen Altersgruppen häufiger betroffen.

### Klinische Aspekte

Für 492 der übermittelten Fälle (63 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus mit *Acinetobacter* spp. vor: 193 Fälle (39 %) wurden als Infektion und 299 Fälle (61 %) als Kolonisation übermittelt.

Für 781 Fälle (99 %) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor, insgesamt gab es 906 Nennungen (Mehrfachnennungen möglich). Am

häufigsten wurden Carbapenem-nichtempfindliche *Acinetobacter* spp. in Screening-Abstrichen (386-mal, 43 % der Nennungen) und in Wundabstrichen (193-mal, 21 % der Nennungen) nachgewiesen.

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 735 Fälle (94 %) vorhanden. 656 Fälle (89 %) waren hospitalisiert. Von 777 Fällen (99 %) mit entsprechender Angabe wurden 53 Todesfälle registriert (6,8 %). Von 43 Todesfällen, für die Angaben vorlagen, wurden 16 Fälle (37 %) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt.

### Nachgewiesene Erreger

Für 770 der übermittelten Fälle (98 %) lag eine Angabe zum Erreger vor (s. Tab. 6.1.2). Am häufigsten wurde *Acinetobacter-baumannii*-Komplex (n=351; 46 %) nachgewiesen, gefolgt von *Acinetobacter baumannii* (n=302; 39 %), *Acinetobacter* spp. (ohne Angabe der Spezies) (n=48; 6 %) und *Acinetobacter pittii* (n=32, 4 %).

### Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme

Für 512 von 636 Fällen (81 %), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen zur Nichtempfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem

**Tab. 6.1.2:**  
**Übermittelte Fälle von *Acinetobacter*-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Erreger Deutschland, 2017 (n=770)**

Erreger	Nennungen	Anteil
<i>Acinetobacter-baumannii</i> -Komplex	351	46 %
<i>Acinetobacter baumannii</i>	302	39 %
<i>Acinetobacter</i> spp. sonstige	48	6 %
<i>Acinetobacter pittii</i>	32	4 %
<i>Acinetobacter-baumannii-calcoaceticus</i> -Komplex	20	3 %
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	5	1 %
<i>Acinetobacter johnsonii</i>	5	1 %
<i>Acinetobacter ursingii</i>	3	0 %
<i>Acinetobacter junii</i>	2	0 %
<i>Acinetobacter guillouiae</i>	1	0 %
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>	1	0 %
<b>Summe</b>	<b>770</b>	<b>100,0 %</b>

(Imipenem oder Meropenem) vor. Von den 466 Fällen mit einer Angabe zu beiden Carbapenemen waren 434 Fälle (93 %) gegen Imipenem und 454 Fälle (97 %) gegen Meropenem nichtempfindlich. 429 Fälle (92 %) waren gegen beide Carbapeneme nichtempfindlich. Für die 150 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

#### **Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)**

Für 326 von 636 Fällen (51%), die in der Übermittlungskategorie *Acinetobacter*-Infektion oder Kolonisation übermittelt wurden, liegen weitergehende Informationen darüber vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 222 Fällen (68 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 199 Fällen (90 %) nachgewiesen, Angaben zum Resistenzgen liegen für 172 Fälle (86 %) vor. Am häufigsten wurden die Resistenzgene für OXA-23 (124 Fälle, 72 %) und OXA-72 (17 Fälle, 10 %) nachgewiesen.

#### **Ausbrüche**

Im Jahr 2017 wurden 15 Ausbrüche mit insgesamt 63 Fällen übermittelt. Davon hatten 2 Ausbrüche 5 oder mehr Fälle (insgesamt 27 Fälle).

#### **Datenqualität**

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger im Jahr 2017 war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, lag nur bei 63 % vor. Angaben zum Infektionsstatus sind sehr wichtig, um einschätzen zu können, welche Krankheitslast ein Erreger verursacht. Auch zum Nachweis eines Resistenzgens (Carbapenemase) lagen nur für 51 % der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie häufig eine übertragbare Resistenz vorliegt.

Im vorliegenden Kapitel wurden auch *Acinetobacter* spp. ausgewertet, die nicht dem *A.-baumannii*-Komplex angehören und damit über die Falldefinition von 2016 hinausgehen. Grund dafür ist einerseits eine schwierige technische Umsetzung und andererseits, dass eine Ausdehnung der Falldefinition auf alle *Acinetobacter* spp. geplant ist.

Insgesamt ist der Einsatz von aktualisierter Software, die die Eingabe von Carbapenem-nichtempfindlichen *Acinetobacter* spp. in der entsprechenden Übermittlungskategorie erlaubt, wünschenswert, da hier wichtige weiterführende Informationen wie z. B. Angaben zur Resistenz

eingetragen werden können. Eine Einschätzung der regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies auch von der Melde- und der Übermittlungspraxis der jeweiligen Region abhängt.

### Fazit

Die Meldepflicht für Carbapenem-nichtempfindliche *Acinetobacter* spp. ist am 1. Mai 2016 in Kraft getreten. Im Jahr 2017 werden erstmals Daten zu dieser Meldepflicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht. Die Anzahl der übermittelten Fälle zeigt eine gute Akzeptanz der Meldepflicht, es wurden Fälle aus allen Bundesländern übermittelt. Gründe für die regionalen Unterschiede könnten die noch relativ neue und komplexe Meldepflicht und bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein.

### Literaturhinweise

- ECDC (2017): *Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2016. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net)*. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-surveillance-europe-2016>
- WHO (2017): *Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities*. [www.who.int/infection-prevention/publications/guidelines-cre/en](http://www.who.int/infection-prevention/publications/guidelines-cre/en)
- WHO (2017): *Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics*. [www.who.int/medicines/publications/global-priority-list-antibiotic-resistant-bacteria/en](http://www.who.int/medicines/publications/global-priority-list-antibiotic-resistant-bacteria/en)
- Noll I, Abu Sin M, Eckmanns T: *Vergleich mit europäischen Daten*. Dtsch Arztebl 2017; 114:A-2209.
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): *Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen*. Bundesgesundheitsbl 2012; 55:1311–1354.
- Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhausreger, Zeitraum 1. Januar 2016 bis 31. Dezember 2016*. Epid Bull 2017; 26:229 – 233.
- RKI: *Acinetobacter baumannii – ein Krankenhauskeim mit beunruhigendem Entwicklungspotenzial*. Epid Bull 2013; 32:295–299.

## 6.2 Adenovirus-Konjunktivitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 715
- ▶ Anzahl der Erkrankungen deutlich niedriger als in den Jahren 2012 bis 2014
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 3 Jahren und bei 25- bis 39-Jährigen. Jungen und Männer waren etwas häufiger betroffen als Mädchen und Frauen

### Kurzbeschreibung

Adenoviren verursachen beim Menschen eine Reihe von Krankheitsbildern und lassen sich aus verschiedenen Materialien nachweisen. Die Meldepflicht gemäß IfSG beschränkt sich auf den Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich des Auges. Damit wird die Anzahl der Erkrankungen einer epidemischen Keratokonjunktivitis, einer hoch ansteckenden Augenentzündung, erfasst. Sie wird durch direkten Kontakt und Tröpfcheninfektion von Mensch zu Mensch übertragen, kann aber auch durch indirekten Kontakt, z. B. über unreinigte Instrumente in Arztpraxen und Krankenhäusern, übertragen werden.

### Falldefinition

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

### Zeitlicher Verlauf

Die Anzahl der Erkrankungen ist im Jahr 2017 mit 715 Adenovirus-Konjunktividen im Vergleich zum Jahr 2016 etwa auf dem gleichen Niveau geblieben und war damit deutlich niedriger als in den Jahren 2012 bis 2014 (s. Abb. 6.2.1). Die bundesweite Inzidenz von Adenovirus-Konjunktividen lag bei 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

### Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden aus allen Bundesländern übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Sachsen-Anhalt (3,9 Erkr./100.000 Einw.), Hamburg (3,2), Mecklenburg-Vorpommern (2,5), Sachsen (2,0) und Thüringen (2,0) zu verzeichnen (s. Abb. 6.2.2). Bei

Tab. 6.2.1:  
Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	81	10 %	18	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	646	77 %	697	82 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	25	3 %	33	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	90	11 %	98	12 %
alle	842	100 %	846	100 %
Referenzdefinition (B+C)	727	86 %	715	85 %

370 der insgesamt 715 Erkrankungen lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor, 355 der insgesamt 371 (96 %) Nennungen entfielen hierbei auf Deutschland.

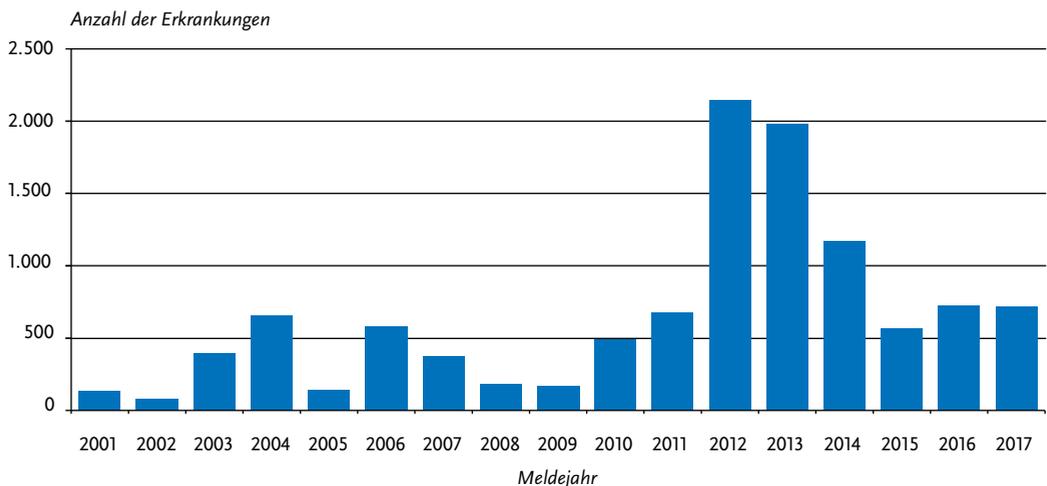
#### Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (2 Erkr./100.000 Einw.) und die 30- bis 39-Jährigen (1,7) berechnet (s. Abb. 6.2.3).

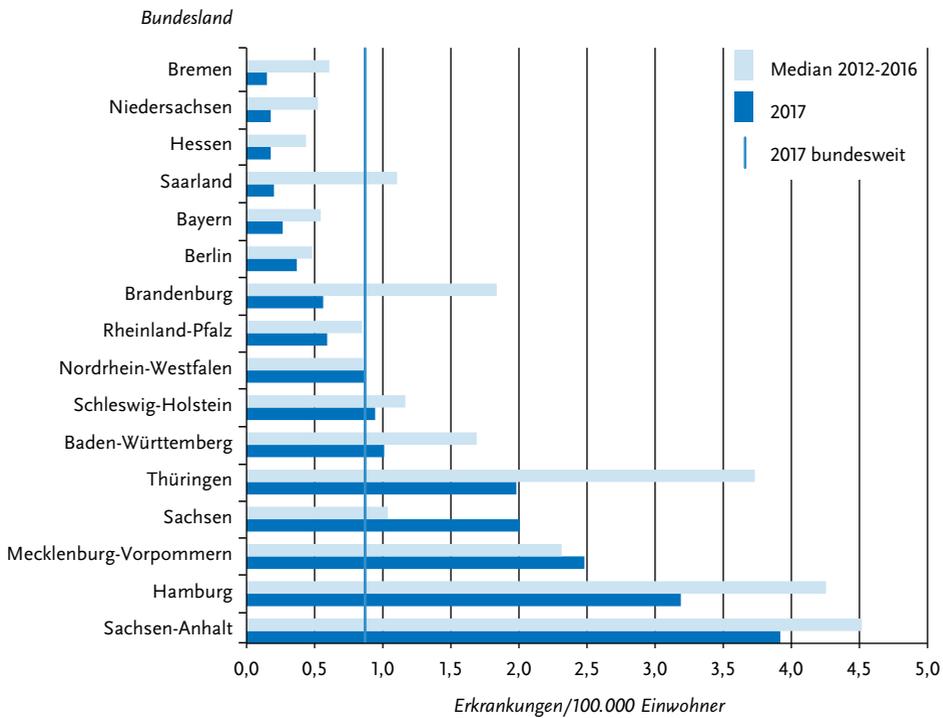
#### Ausbrüche

Es wurden insgesamt 2 Ausbrüche mit 5 und mehr Erkrankungen erfasst (s. Tab. 6.2.2). Im Rahmen dieser größeren Ausbrüche wurden ein Ausbruch mit insgesamt 28 Erkrankungen und ein Ausbruch mit 6 Erkrankungen übermittelt. Dies bedeutet eine deutliche Abnahme im Vergleich zum Vorjahr (88 Erkrankungen in 8 Ausbrüchen mit mehr als 5 Fällen). Die Anzahl übermittelter Ausbrüche mit weniger als 5 Fällen sowie die Gesamtzahl der in diesem Zusammenhang übermittelten Erkrankungen sind fast identisch mit dem Vorjahr.

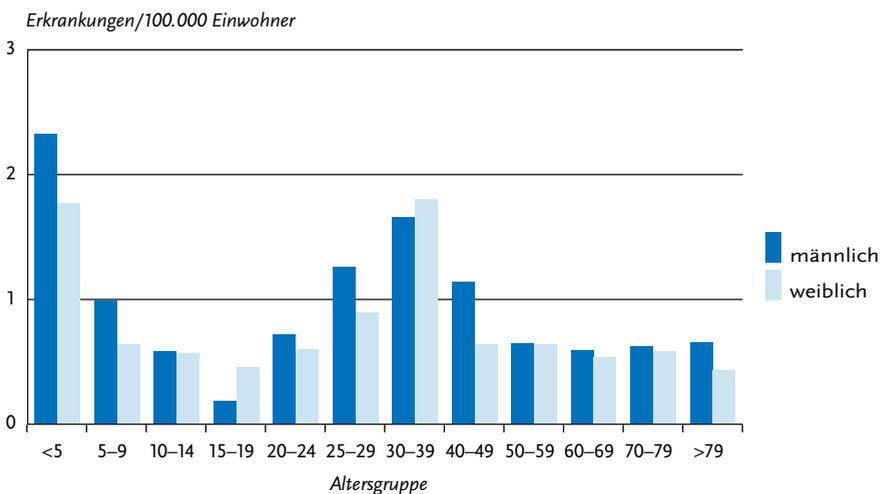
Abb. 6.2.1:  
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



**Abb. 6.2.2:**  
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=715) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.2.3:**  
Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=715)



**Tab. 6.2.2:**  
**Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktivitiden, Deutschland, 2016 und 2017**

	2016		2017	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	19	40	19	45
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	8	88	2	34
<b>Alle Ausbrüche</b>	<b>27</b>	<b>128</b>	<b>21</b>	<b>79</b>

### Datenqualität

Da die Diagnose von Augenärzten häufig nur klinisch gestellt wird und Fälle ohne Labornachweis nur mit epidemiologischer Bestätigung übermittelt werden, ist von einer deutlichen Untererfassung der Adenovirus-Konjunktivitiden auszugehen. Ausbrüche, in denen kein Fall einen labordiagnostischen Nachweis aus dem Konjunktivalabstrich hat, werden trotz typischen klinischen Bildes (Rötung der Bindehaut) und vermuteten epidemiologischen Zusammenhangs nicht im Jahrbuch und in den wöchentlichen Berichten im Epidemiologischen Bulletin aufgeführt. Bei Ausbrüchen sollte daher die Diagnose für mindestens eine der Erkrankungen durch eine Laboruntersuchung abgesichert werden. Diese Untersuchungen können auch durch die zuständigen Gesundheitsämter veranlasst werden. Sofern die Zugehörigkeit von Fällen zu einem Ausbruch epidemiologisch nicht eindeutig geklärt ist, kann das Konsiliarlabor für Adenoviren diese Frage durch Typisierung und weitere Charakterisierung der Erreger im Labor prüfen. In begründeten Fällen ist diese Untersuchung für den Einsender kostenfrei.

### Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen hat nach dem Höhepunkt mit über 2.000 Fällen im Jahr 2012 wieder deutlich abgenommen und liegt im Jahr 2017 mit 715 Erkrankungen etwa auf dem Niveau der beiden Vorjahre.

### Literaturhinweise

- Hage E, Espelage W, Eckmanns T, et al.: *Molecular phylogeny of a novel human adenovirus type 8 strain causing a prolonged, multi-state keratoconjunctivitis epidemic in Germany*. Sci Rep 2017; 7:40680.
- Meyer-Rüsenberg B, Loderstädt U, Richard G, Kaulfers PM, Gesser C: *Keratokonjunktivitis epidemica: Infektionslage und aktuelle Hinweise zu Prophylaxe und Therapie*. Dtsch Arztebl Int 2011; 108:475–480.
- RKI-Ratgeber (2010). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.3 Arbovirus-Erkrankung

### Kurzbeschreibung

„Arboviren“ (Akronym des englischen „arthropod-borne viruses“) sind Viren, die durch Gliederfüßer wie z. B. Mücken oder Zecken übertragen werden. Seit Mai 2016 sind gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung alle Labornachweise von Arboviren meldepflichtig, wenn ihr Nachweis auf eine akute Infektion beim Menschen hindeutet. Es gibt sehr viele verschiedene Arboviren, darunter auch zahlreiche humanpathogene. Für die Arboviren Chikungunya-, Dengue-, FSME- und Zikavirus gibt es eigene Übermittlungskategorien, sie werden in jeweils eigenen Kapiteln beschrieben (s. Kap. 6.7, 6.11, 6.59, 6.62). Arbovirus-Erkrankungen mit möglichem hämorrhagischen Verlauf (z. B. Gelbfieber, Krim-Kongo-Fieber, Rifttal-Fieber) werden im Kapitel „Virale hämorrhagische Fieber“ beschrieben. In der Kategorie „Arbovirus-Erkrankung“ werden alle übrigen übermittelten Erkrankungen beschrieben.

**Ross-River-Virus:** Das Ross-River-Virus wird von *Culex*- und verschiedenen *Aedes*-Mückenspezies vor allem in Australien und gelegentlich auf

Papua Neuguinea und verschiedenen Pazifikinseln übertragen. Es verursacht Fieber, arthritische Beschwerden und Hautausschläge.

**Sandfliegenfiebertivirus:** In die „Sandfly Fever Naples Group“ der Phleboviren fallen die Erreger verschiedener auch in Südeuropa verbreiteter Sandfliegenfieber, z. B. das Toskanavirus. Die Viren werden durch die Stiche von Sandmücken (Phlebotomen) übertragen und verursachen vor allem Fieber und gelegentlich auch Enzephalitis.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden in Deutschland 5 Erkrankungen in der Übermittlungskategorie „Arbovirus-Erkrankung“ übermittelt: 3 Fälle von Ross-River-Virus-Arthritis bei 3 jungen Männern mit dem wahrscheinlichen Infektionsland Australien, eine Frau mit Toskanavirus-Erkrankung nach Italienaufenthalt und ein Mann mit einer nicht weiter spezifizierten Sandfliegenfieber-Erkrankung nach Türkeiufenthalt.

### Literaturhinweise

Sigfrid L, Reusken C, Eckerle I, et al.: *Preparing clinicians for (re-)emerging arbovirus infectious diseases in Europe*. Clin Microbiol Infect 2018; 24:229–239.

Tappe D, Pérez-Girón JV, Gómez-Medina S, Günther S, Muñoz-Fontela C, Schmidt-Chanasit J: *Increased pro-inflammatory cytokine levels in prolonged arthralgia in Ross River virus infection*. Emerg Infect Dis 2017; 23:702–704.

Liu X, Tharmarajah K, Taylor A: *Ross River virus disease clinical presentation, pathogenesis and current therapeutic strategies*. Microbes Infect 2017; 19:496–504.

Schleenvoigt BT, Baier M, Hagel S, Forstner C, Kötsche R, Pletz MW: *Ross River virus infection in a Thuringian traveller returning from south-east Australia*. Infection 2015; 43:229–230.

Cramer JP, Kastenbauer U, Löscher T, et al.: *Polyarthritits in two travellers returning from Australia*. J Clin Virol 2011; 52:1–3.

## 6.4 Botulismus

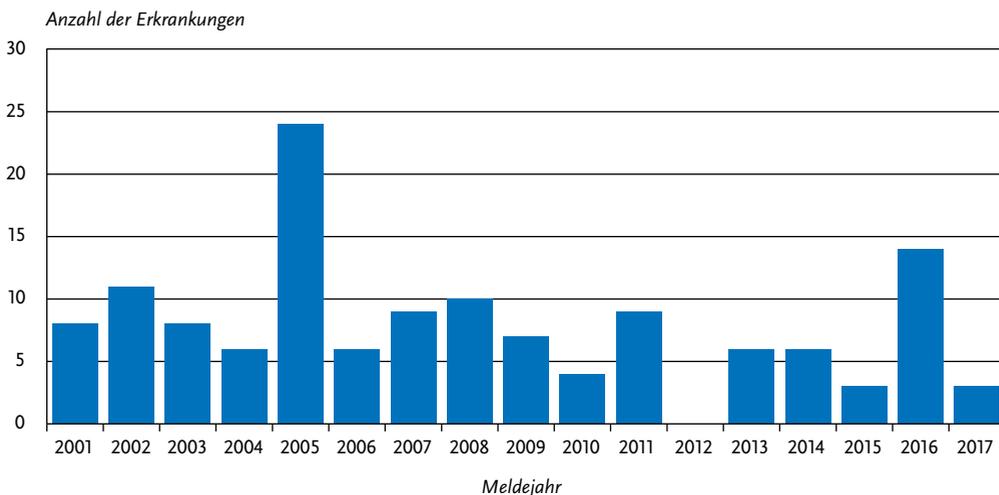
### Kurzbeschreibung

Das typische Krankheitsbild des Botulismus ist eine schwere Lebensmittelvergiftung mit Lähmungserscheinungen, die durch das Nervengift des Bakteriums *Clostridium botulinum* (sehr selten auch *C. butyricum* oder *C. baratii*) verursacht wird. Der Erreger kann aber auch das Krankheitsbild des Säuglingsbotulismus hervorrufen oder in Wunden vorkommen (Wundbotulismus).

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden 3 Botulismus-Erkrankungen übermittelt (2016: 14 Erkrankungen), darun-

Abb. 6.4.1: Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



ter 2-mal lebensmittelbedingter Botulismus und einmal Säuglingsbotulismus (s. Abb. 6.4.1). Die Säuglingsbotulismus-Erkrankung trat bei einem Mädchen im ersten Lebensjahr auf. Bei einem Kind wurde Botulinum-Neurotoxin Serotyp B nachgewiesen.

Die 2 Erkrankungen an lebensmittelbedingtem Botulismus traten bei einem 57-jährigen und einem 53-jährigen Mann auf. Bei dem erstgenannten Patienten wurde Botulinum-Neurotoxin Serotyp B nachgewiesen, aber die Untersuchung verschiedener selbstkonservierter Lebensmittel blieb ergebnislos. Bei dem zweiten Fall, erkrankt im April 2017, besteht indirekt ein Zusammenhang mit der Häufung von 4 Lebensmittelbotulismus-Erkrankungen bei Personen mit russischem oder kasachischem Hintergrund im November/Dezember 2016. Auch der 2017 erkrankte Mann ist russischer Herkunft und hatte in einem auf osteuropäische Lebensmittel spezialisierten Supermarkt in Deutschland getrocknete und gesalzene Plötze zum Rohverzehr gekauft und verzehrt. Beim Patienten und in Resten des Fisches im Haushalt wurde labordiagnostisch *Clostridium botulinum* mit der Fähigkeit zur Bildung von Botulinum-Neurotoxin Serotyp E nachgewiesen.

## Literaturhinweise

ECDC: *Epidemiological update: Botulism in Germany, 8 May 2017*. [www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/type-e-botulism-associated-fish-product-consumption-germany-and-spain-21-december](http://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/type-e-botulism-associated-fish-product-consumption-germany-and-spain-21-december)

RKI: *Wundbotulismus in Deutschland*. *Epid Bull* 2015; 14:114–115.

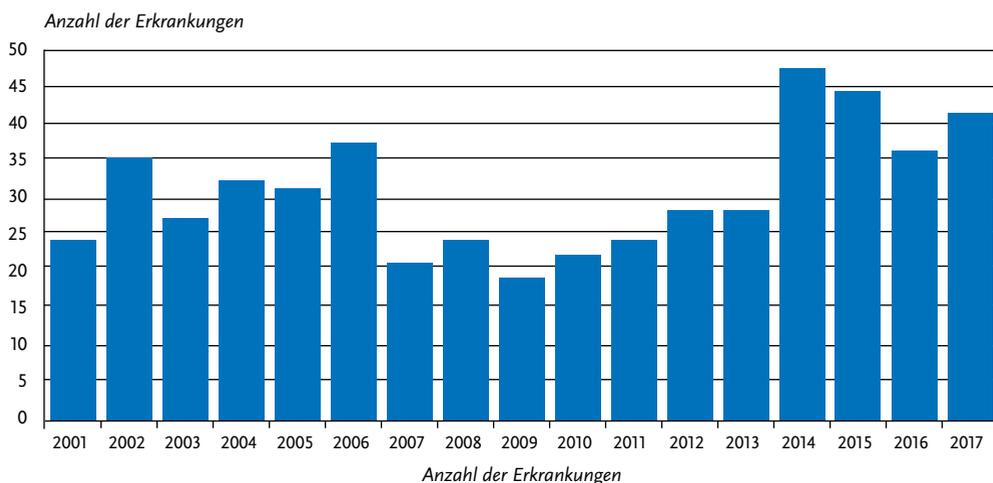
RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.5 Brucellose

### Kurzbeschreibung

Die Brucellose ist eine zoonotische Erkrankung, die ihren Namen von der Bakteriengattung *Brucella* hat. Die wichtigsten Erreger sind *B. abortus*, *B. melitensis* und *B. suis*. Die Brucellose kann nach Verzehr von kontaminierten Tierprodukten oder nach Kontakt mit infizierten Tieren auftreten. Nutztier (Rinder, Ziegen und Schafe) stellt das für den Menschen relevante Reservoir dar. Beim Menschen verläuft die Infektion in der Regel als akute, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten auch chronische Formen mit Befall von Leber, Lunge, Herz und weiteren inneren Organen auf. Chronische Verläufe werden vom Meldesystem nicht erfasst, da eine Meldepflicht nur für akute Infektionen besteht. Die Faldefinition schließt

Abb. 6.5.1: Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



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

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden 41 Brucellose-Erkrankungen übermittelt. Damit stieg die Fallzahl im Vergleich zum Vorjahr wieder etwas an, blieb aber unter den seit 2001 höchsten verzeichneten Fallzahlen der Jahre 2014 und 2015 (s. Abb. 6.5.1). Es erkrankten 24 Männer und 17 Frauen aus allen Altersgruppen. Etwa die Hälfte (21) der Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 30- bis 49-Jährigen auf. Aus 12 Bundesländern wurden zwischen 1 und 9 Erkrankungen übermittelt.

Für 27 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (29 Nennungen); für 20 Erkrankungen (74 %) lag dieses im Ausland (22 Nennungen). Am häufigsten wurden hier der Irak (4), die Türkei (4), Syrien (2), der Libanon (2) und Italien (2) genannt. Bei allen 14 Erkrankungen mit Angaben zur Erregerdifferenzierung, wurde *B. melitensis* als Erreger angegeben. Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Brucellose übermittelt.

Ein Ausbruch mit 2 Erkrankungen trat nach Verzehr von unpasteurisierten Milchprodukten im Rahmen einer Reise in den Mittleren Osten auf.

### Literaturhinweise

- Vollmar P, Zange S, Zöller L, et al.: *Brucellose. Überblick und aktuelle Bedeutung*. Dtsch Med Wochenschr 2016; 141:1014–1018.
- Grunow R, Jacob D, Klee S, et al.: *Brucellosis in a refugee who migrated from Syria to Germany and lessons learnt, 2016*. Euro Surveill 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.31.30311
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.6 Campylobacter-Enteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **69.414**
- ▶ Häufigste bakteriell verursachte meldepflichtige Durchfallerkrankung
- ▶ Fallzahl auf Niveau der 5 Vorjahre
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- ▶ Die meisten Erkrankungen traten sporadisch auf.

### Kurzbeschreibung

Bakterien der Gattung *Campylobacter* verursachen eine Darminfektion, die typischerweise mit Bauchschmerzen und wässrigem, gelegentlich blutigem Durchfall einhergeht. Die wichtigsten humanpathogenen Spezies sind *C. jejuni* und *C. coli*. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt vor allem über Lebensmittel tierischen Ursprungs (Geflügel, Rohmilch). Als seltene Komplikationen können Gelenkentzündungen sowie das Guillain-Barré-Syndrom (eine mit Lähmungserscheinungen einhergehende Nervenerkrankung) auftreten.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.6.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden insgesamt 69.414 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 84 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2017 um 6 % niedriger als im Vorjahr. Die *Campylobacter*-Enteritis war nach der Norovirus-Gastroenteritis die zweithäufigste an das RKI übermittelte meldepflichtige Durchfallerkrankung des Jahres 2017.

Wie in den Vorjahren zeigte das Infektionsgeschehen der *Campylobacter*-Enteritis einen saisonalen Verlauf mit den höchsten Fallzahlen in den Monaten Juni bis September. Auffällig ist ein jährlich wiederkehrender kurzzeitiger Anstieg der *Campylobacter*-Enteritis-Fallzahlen am Jahresanfang (1. bis 3. Meldewoche), der anscheinend nicht auf Nachmeldungen von den vorausgegangenen

Tab. 6.6.1:  
Übermittelte Fälle von *Campylobacter*-Enteritis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	334	0%	236	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	73.717	90%	69.178	89%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.322	2%	770	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	6.787	8%	7.329	9%
alle	82.160	100%	77.513	100%
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>74.051</b>	<b>90%</b>	<b>69.414</b>	<b>90%</b>

Feiertagen zurückzuführen ist, sondern auf eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januartagen (s. Abb. 6.6.1).

### Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden im Saarland (127 Erkr./100.000 Einw.), in Mecklenburg-Vorpommern (122), Sachsen (121) und Nordrhein-Westfalen (107) registriert. Im Saarland, in Nordrhein-Westfalen, Bremen, Niedersachsen und Bayern lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der Jahre 2012 bis 2016, in den übrigen

Bundesländern blieb sie darunter oder etwa gleich (s. Abb. 6.6.2). Eine relativ starke Zunahme der Inzidenz gegenüber dem Median der Vorjahre war in Bremen (13%) und im Saarland (11%) zu verzeichnen. Der stärkste Rückgang wurde in Berlin (17%) und Brandenburg (11%) registriert.

Für 42.854 (62%) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (43.274 Nennungen; Mehrfachangaben möglich). Dabei entfielen 85% der Nennungen (36.939) auf Deutschland. Am häufigsten genannte nicht-deutsche Infektionsländer waren in Europa Spanien (722 Nennun-

Abb. 6.6.1:  
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2017 (n=69.414) im Vergleich mit den Vorjahren

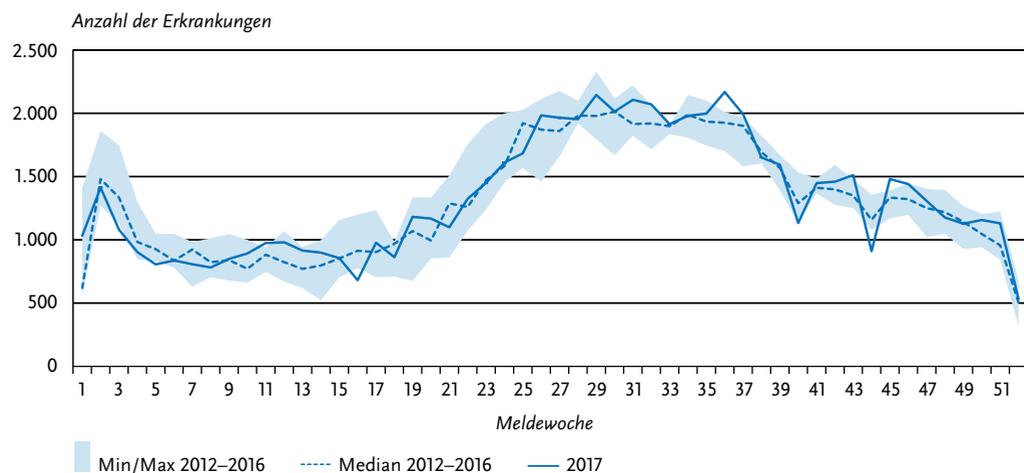
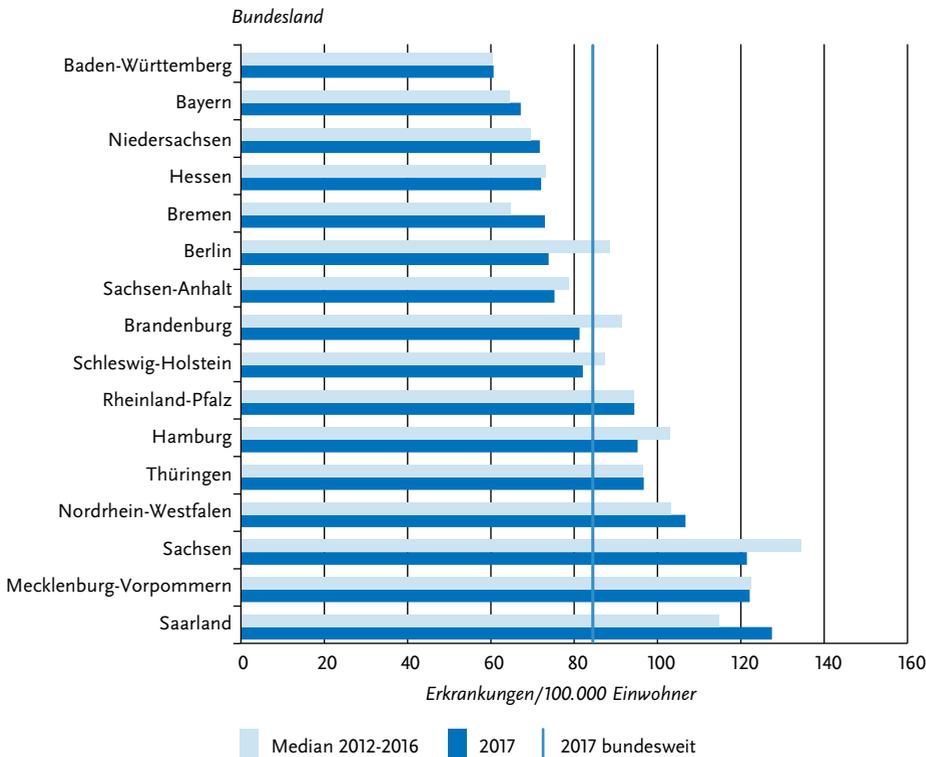


Abb. 6.6.2:  
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017  
(n=69.403) im Vergleich mit den Vorjahren



gen), Italien (301) und Frankreich (267) sowie außerhalb von Europa Thailand (485), Marokko (317) und Indonesien (316).

### Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war 2-gipflig mit den höchsten Werten bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen. Bei den einjährigen Kindern lag die Inzidenz bei 128 Erkr./100.000 Einw. Bei den Erwachsenen war die Inzidenz bei den 20- bis 24-Jährigen (128) und den 25- bis 29-Jährigen (115) am höchsten. Jungen und Männer (91 Erkr./100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (78), lediglich bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen höher (s. Abb. 6.6.3).

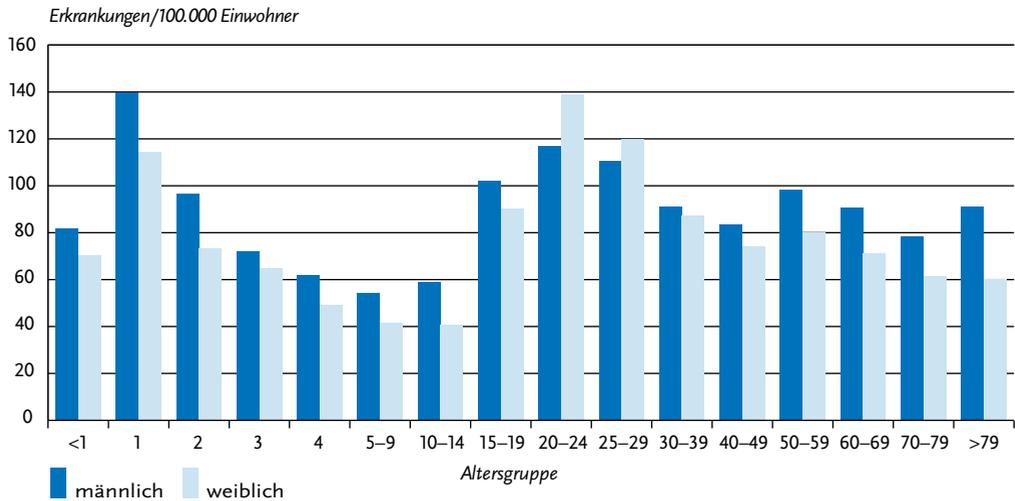
### Nachgewiesene Erreger

Zu 45.679 (66%) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 74% auf *C. jejuni*, 9% auf *C. coli* und 16% auf *C. coli/jejuni* (nicht differenziert). Auf die übrigen Spezies, z. B. *C. lari*, *C. fetus* und *C. upsaliensis*, entfielen jeweils weniger als 1% der Angaben.

### Klinische Aspekte

Für 68.899 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (147.248 Nennungen). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (99% der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (69%), Fieber (31%) und Erbrechen (15%). Im Jahr 2017 wurden 11 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte

Abb. 6.6.3:  
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017  
(n=69.205)



es sich um 7 Männer und 4 Frauen im Alter zwischen 52 und 90 Jahren.

### Ausbrüche

Es wurden insgesamt 378 Ausbrüche mit 1.016 Erkrankungen übermittelt; das waren 102 (21%) Ausbrüche weniger als im Vorjahr. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten, betrug 1,5%. Es wurden 363 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 808 Erkrankungen) und 15 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 208 Erkrankungen) übermittelt. Die beiden größten Ausbrüche wurden aus Nordrhein-Westfalen (47 Erkrankungen) und Thüringen (33 Erkrankungen) übermittelt. Als Infektionsvehikel wurde jeweils Rohmilch aus einem Rohmilchabgabeautomaten (sogenannte »Milchtankstellen«) verdächtigt. Bei einem Ausbruch mit 18 Erkrankungen in Niedersachsen wird ein Zusammenhang mit Hochwasser vermutet.

### Fazit

Die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden lag im Jahr 2017 mit knapp 70.000 etwa auf

dem Niveau der 5 Vorjahre (2012 bis 2016: 62.924 bis 74.051).

### Literaturhinweise

- Mertens E, Hüppe K, Hölscher J, et al.: *Regionaler Gastroenteritis-Ausbruch nach schweren Regenfällen im Landkreis Hildesheim 2017 – Zwei Erreger und zwei Quellen?* Gesundheitswesen 2018; 80:382–383.
- Rosner BM, Schielke A, Didelot X, et al.: *A combined case-control and molecular source attribution study of human Campylobacter infections in Germany, 2011–2014.* Sci Rep 2017; 7:5139. doi: 10.1038/s41598-017-05227-x
- Gözl G, Rosner B, Hofreuter D, et al.: *Relevance of Campylobacter to public health—the need for a One Health approach.* Int J Med Microbiol 2014; 304:817–823.
- Schielke A, Rosner B, Stark K: *Epidemiology of campylobacteriosis in Germany—insights from 10 years of surveillance.* BMC Infect Dis 2014; 14:1–8.
- Rosner B: *Campylobacter-Enteritis – Risikofaktoren und Infektionsquellen in Deutschland.* Epid Bull 2017; 44:501–507. RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

## 6.7 Chikungunyavirus-Erkrankung

### Kurzbeschreibung

Das Chikungunyavirus gehört in die Familie der Togaviren und kommt in zahlreichen afrikanischen Ländern (z. B. dem Senegal, Gambia, Guinea, Tansania), im Süden und Südosten Asiens (z. B. den Philippinen, Malaysia, Thailand, Kambodscha, Myanmar, Sri Lanka, Indien, Indonesien) sowie seit Ende 2013 auch in Mittel- und Südamerika vor. Auch in Südeuropa wurden schon lokal erworbene Infektionen und Ausbrüche beschrieben. Das Chikungunyavirus kann große, z. T. über Jahre anhaltende Epidemien verursachen. Primaten und andere Affen sowie vermutlich Nagetiere bilden das Reservoir. Die Übertragung erfolgt über Stechmücken der Gattung *Aedes*. Nach einer Inkubationszeit von ca. 3 bis 12 Tagen kommt es zu einem plötzlichen, schnellen Fieberanstieg sowie Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen. Die häufig beidseitig auftretenden Gelenksbeschwerden können nach Entfieberung noch Wochen oder Monate lang anhalten. Ein Impfstoff ist nicht verfügbar. Nach neueren Erkenntnissen treten keine Verläufe auf, die der WHO-Definition für einen hämorrhagischen Verlauf entsprechen würden. Die Erkrankung verläuft selten tödlich.

Im Herbst 2017 kam es in Italien nach 2007 erneut zu einem großen Ausbruch von Chikungu-

nyavirus-Erkrankungen, mit Schwerpunkt in Anzio und Rom. In Südfrankreich trat ein kleines Cluster autochthoner Infektionen auf.

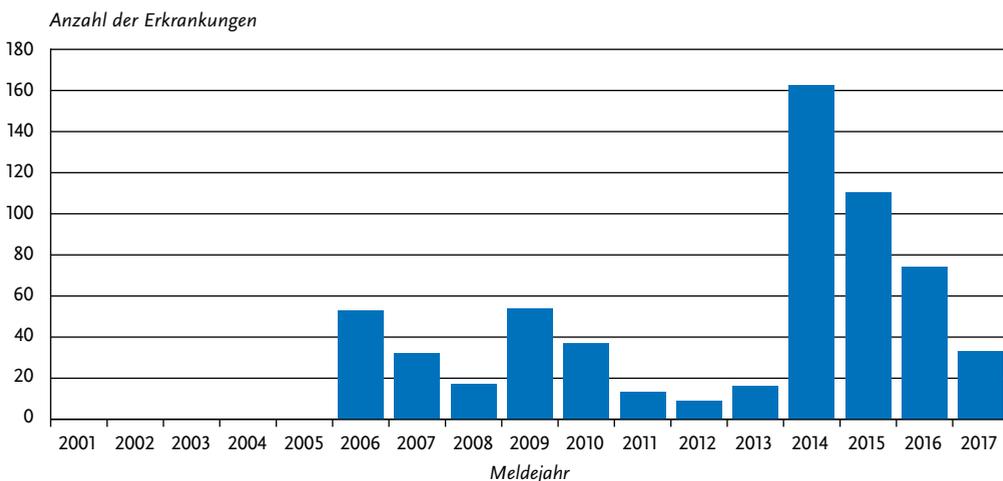
### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden in Deutschland 33 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Durch die Neueinführung von Chikungunyavirus auf dem amerikanischen Kontinent Ende 2013 sind die Fallzahlen in Deutschland im Jahr 2014 bis auf 162 Fälle angestiegen, seitdem haben die Fallzahlen jedes Jahr abgenommen (s. Abb. 6.7.1).

Es erkrankten 14 Frauen und 19 Männer. Alle Erkrankungen traten in den Altersgruppen der 20- bis 69-Jährigen auf. Pro Quartal wurden 7 bis 10 Fälle beobachtet.

Todesfälle traten nicht auf. Für 32 Erkrankungen lagen Nennungen zu wahrscheinlichen Infektionsländern vor (s. Tab. 6.7.1). Eine Infektion wurde im Rahmen des Ausbruchs in Italien erworben, ansonsten liegen alle Infektionsländer außerhalb Europas. Die meisten Chikungunyavirus-Erkrankungen wurden in Indien (9) und Brasilien (6) erworben. Der Anteil der Erkrankungen mit wahrscheinlichem Infektionsland in Mittel- und Südamerika ist im Vergleich zu 2016 von 45 % (34/76 Nennungen) auf 25 % (8/32 Nennungen) der Erkrankungen gesunken. Dies spiegelt vermutlich

Abb. 6.7.1: Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



**Tab. 6.7.1:**  
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Chikungunyavirus-Erkrankungen, Deutschland, 2017

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Indien	9	28%
Brasilien	6	19%
Thailand	4	12%
Indonesien	4	12%
Peru	2	6%
Philippinen	1	3%
Sri Lanka	1	3%
Bangladesch	1	3%
Italien	1	3%
Malaysia	1	3%
Marokko	1	3%
Ausland (Land unbekannt)	1	3%
<b>Summe</b>	<b>32</b>	<b>100%</b>

ein weiteres Abflauen der Epidemie in Mittel- und Südamerika wider.

### Fazit

Die Anzahl der Chikungunyavirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland

importiert werden, ist stark von der epidemiologischen Situation in den Infektionsländern, die starken Schwankungen unterliegt, sowie von Veränderungen in den Reiseströmen abhängig. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren (*Aedes albopictus*) vor.

### Literaturhinweise

Walther D, Scheuch DE, Kampen H: *The invasive Asian tiger mosquito Aedes albopictus (Diptera: Culicidae) in Germany: Local reproduction and overwintering.* Acta Trop 2017; 166:186–192.

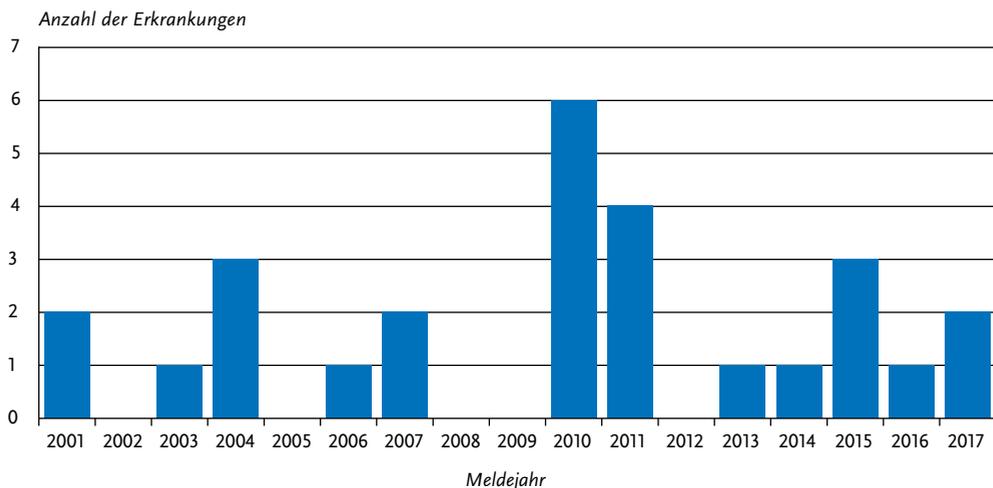
Manica M, Guzzetta G, Poletti P, et al.: *Transmission dynamics of the ongoing chikungunya outbreak in Central Italy: from coastal areas to the metropolitan city of Rome, summer 2017.* Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.44.17-00685

## 6.8 Cholera

### Kurzbeschreibung

Cholera wird durch das Bakterium *Vibrio cholerae* (typischerweise der Serogruppen O1 und O139) verursacht, das hauptsächlich über verunreinigte Nahrung oder verunreinigtes Wasser übertragen wird. Die schwere Durchfallerkrankung kann un-

**Abb. 6.8.1:**  
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



behandelt wegen des ausgeprägten Flüssigkeitsverlusts schnell lebensbedrohlich werden.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden 2 Cholera-Erkrankungen übermittelt (s. Abb. 6.8.1). Die Erkrankten waren beide männlich, 53 bzw. 64 Jahre alt und ungeimpft. Die Infektion wurde bei einem Erkrankten durch *Vibrio cholerae* Serogruppe O<sub>1</sub> verursacht; bei dem anderen wurden die Serogruppen O<sub>1</sub> bzw. O<sub>139</sub> (keine Differenzierung) übermittelt. Als wahrscheinlichstes Infektionsland für beide Erkrankte wurde der Irak angegeben. Zwischen den beiden Erkrankten ist kein direkter Bezug bekannt.

### Literaturhinweise

- Slesak G, Fleck R, Jacob D, Grunow R, Schäfer J: *Imported cholera with acute renal failure after a short business-trip to the Philippines, Germany, October 2015*. Euro Surveill 2015. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.1.30099
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut- 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reisessoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.

## 6.9 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 72
- ▶ Mit Ausnahme des Vorjahres sinkende Fallzahlen seit 2012
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 59-Jährigen
- ▶ Alle übermittelten Fälle wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet.

### Kurzbeschreibung

Die Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (CJK) gehört zur Gruppe der spongiformen Enzephalopathien, bei denen es zu schwammartigen Gehirnveränderungen mit rascher, erheblicher Beeinträchtigung kognitiver und motoneurologischer Funktionen

kommt. Als Ursache werden falsch gefaltete infektiöse Proteine, sogenannte Prionen, angesehen.

Humane spongiforme Enzephalopathien können sporadisch auftreten. Ursache und Risikofaktoren der Erkrankung sind unbekannt. Es gibt jedoch auch Formen, die vererbt oder übertragen werden können (z. B. iatrogene CJK, variante CJK, Kuru). Die familiär-hereditären Formen der humanen spongiformen Enzephalopathien sind in Deutschland nicht meldepflichtig.

Die sporadische Form der CJK des Menschen tritt vor allem im höheren Lebensalter (> 59 Jahre) auf und ist weltweit mit etwa 85 bis 90% aller Fälle die häufigste Form. Wesentlich seltener sind durch medizinische Behandlungen bedingte Übertragungen auf den Menschen. Mögliche Übertragungswege sind dabei Injektionen von menschlichem Wachstumshormon oder die Transplantation von menschlicher Hirnhaut oder Augenhornhaut, die von Verstorbenen mit einer unerkannten CJK gewonnen wurden.

Im Vergleich zur sporadischen CJK betrifft die variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK) deutlich jüngere Menschen und verläuft insgesamt langsamer. vCJK ist vermutlich auf die über die Nahrungskette auf den Menschen stattfindende Übertragung des Erregers, der bei Rindern beobachteten Hirnerkrankung »Bovine Spongiforme Enzephalopathie« (BSE) zurückzuführen. Weiterhin gibt es Hinweise darauf, dass vCJK auch durch Bluttransfusionen übertragen werden kann.

Alle spongiformen Enzephalopathien verlaufen tödlich. Es stehen derzeit weder eine spezifische Behandlung mit Aussicht auf Heilung noch eine Impfung zur Verfügung.

### Falldefinition

Seit der Version 2015 der Falldefinitionen werden keine Einzelkriterien für das klinische Bild und den neuropathologischen Nachweis genannt, sondern die Bestätigung beruht auf der fachlichen Beurteilung durch das Nationale Referenzzentrum für die Surveillance Transmissibler Spongiformer Enzephalopathien.

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden dem RKI 72 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.9.1). Damit ist die Anzahl der übermittelten Fälle im Vergleich zum Vorjahr

Tab. 6.9.1:  
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	54	55 %	28	39 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	38	38 %	37	51 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6	6 %	7	10 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	1 %	0	0 %
alle	99	100 %	72	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	99	100 %	72	100 %

um 27 Fälle gesunken. Nach einem ansteigenden Trend der Fallzahlen von 2005 bis 2011 sanken die CJK-Fallzahlen seit dem Jahr 2012 (s. Abb. 6.9.1). Die Befürchtung eines erneuten Aufwärtstrends aufgrund des leichten Anstiegs der Fallzahlen im Jahr 2016 hat sich nicht bestätigt.

#### Geografische Verteilung

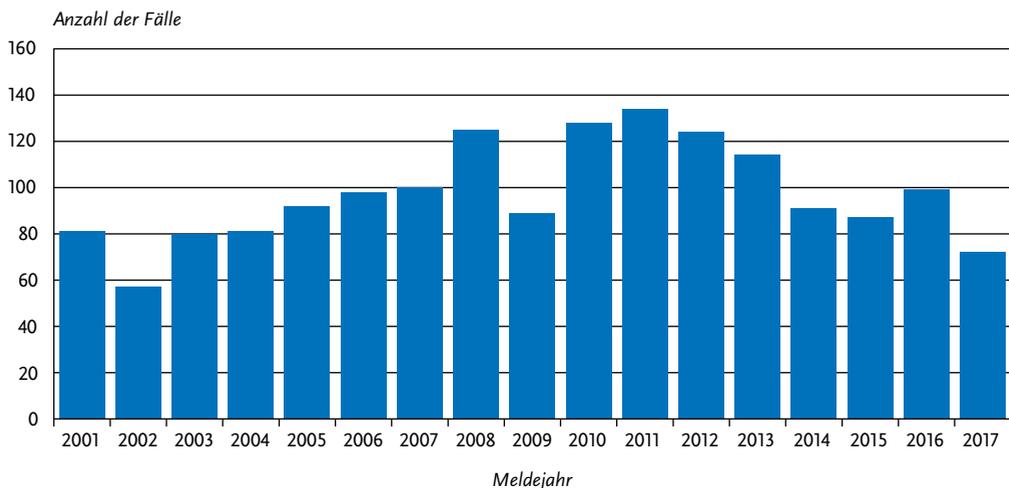
Die bundesweite Inzidenz entsprach mit 0,1 Fällen pro 100.000 Einwohner auch in diesem Jahr der weltweit beobachteten Inzidenz. Aus den einzelnen Bundesländern wurden zwischen 0 (Bre-

men) und 14 (Nordrhein-Westfalen) Fälle übermittelt; die höchste Inzidenz errechnete sich 2017 mit 0,2 Fällen/100.000 Einw. für die Bundesländer Brandenburg und Sachsen. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise auf regionale Häufungen vor.

#### Demografische Verteilung

Alle Fälle waren älter als 50 Jahre, 81% der CJK-Fälle traten in der Altersgruppe der über 59-Jährigen auf. Frauen waren mit 44 Fällen häufiger betroffen als Männer mit 28 Fällen.

Abb. 6.9.1:  
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



### Klinische Aspekte

Alle Fälle wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK in Deutschland übermittelt. 41 der 72 Fälle wurden als verstorben übermittelt, wobei 38 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind.

### Datenqualität

Der Anteil der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fälle liegt im Jahr 2017 bei 51%. Durch die Entwicklung und Verbesserung der diagnostischen Verfahren wie der standardisierte Nachweis des 14-3-3 Proteins (mittlerweile als ELISA am NRZ etabliert) sowie der Einführung der RT-QuIC Methode (Real time Quaking-induced Conversion; PrPsc-Aggregationsassay) hat sich der Anteil der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fälle im Gegensatz zu 2016 erhöht. Die RT-QuIC Methode erlaubt den Nachweis kleinster Mengen an fehlgefaltetem und zur Aggregation neigendem Prion Protein (PrPsc) im Liquor cerebrospinalis (Liquor).

### Fazit

Die CJK-Fallzahlen erreichten im Jahr 2011 ihr bisheriges Maximum, in den folgenden Jahren sank die Anzahl der übermittelten CJK-Fälle. Das Jahr 2017 zeigte einen weiteren Rückgang der CJK-Fälle. Die Inzidenz blieb jedoch auch 2017 mit 0,1 Fällen/100.000 Einw. wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von CJK in Deutschland übermittelt.

### Literaturhinweise

- Llorens F, Thüne K, Martí E, et al.: *Regional and subtype-dependent miRNA signatures in sporadic Creutzfeldt-Jakob disease are accompanied by alterations in miRNA silencing machinery and biogenesis*. PLoS Pathog 2018; 14. doi: 10.1371/journal.ppat.1006802
- Krasnianski A, Bohling GT, Heinemann U, et al.: *Neuropsychological Symptoms in Sporadic Creutzfeldt-Jakob Disease Patients in Germany*. J Alzheimers Dis 2017; 59:329–337.
- Zerr I, Zafar S, Schmitz M, Llorens F: *Cerebrospinal fluid in Creutzfeldt-Jakob disease*. Handb Clin Neurol 2017; 146:115–124.

Candelise N, Schmitz M, Da Silva Correia SM, et al.: *Applications of the real-time quaking-induced conversion assay in diagnosis, prion strain-typing, drug pre-screening and other amyloidopathies*. Expert Rev Mol Diagn 2017; 17:897–904.

Llorens F, Schmitz M, Zerr I: *Progress in CSF biomarker discovery in sCJD*. Oncotarget 2017; 24:5666–5667.

## 6.10 Clostridium-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 2.803
- ▶ Erneuter Anstieg der Inzidenz im Vergleich zu 2015 und 2016
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 79-Jährigen

### Kurzbeschreibung

*Clostridium difficile* (neue Taxonomie *Clostridioides difficile*) ist ein anaerobes sporenbildendes grampositives Stäbchenbakterium, das ubiquitär in der Umwelt und im Magen-Darm-Trakt von Mensch und Tier vorkommen kann. *C.-difficile*-Bakterien besitzen teilweise die Fähigkeit, Toxine (Enterotoxin A, Cytotoxin B und binäres Toxin) zu produzieren, die wiederum zu einer Darmentzündung führen können. Die von *C. difficile* verursachten Krankheitsbilder reichen von asymptomatischer Besiedlung oder einer milden Durchfallerkrankung bis hin zu schweren lebensbedrohlichen Verläufen (z.B. pseudomembranöse Kolitis, toxisches Megakolon). Typische Risikofaktoren für die Erkrankung sind fortgeschrittenes Alter, eingeschränkte Immunkompetenz und Komorbiditäten, Krankenhausaufenthalte sowie Faktoren, die das Gleichgewicht der mikrobiellen Darmflora stören, insbesondere eine Antibiotikatherapie. Die Transmission von *C. difficile* ist durch direkten Patientenkontakt, über die kontaminierten Hände des Krankenhauspersonals und über die Umwelt möglich.

### Falldefinition

Gemäß Falldefinition 2016 liegt eine *C.-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf vor, wenn mindestens eines von 4 Kriterien (siehe Tab. 6.10.1) erfüllt ist. Bis zum Inkrafttreten der IfSG-Mel-

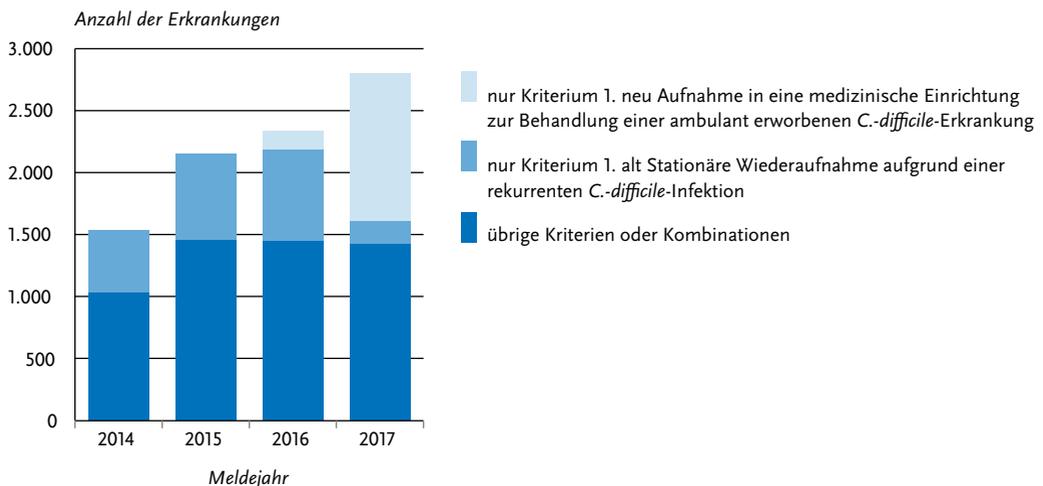
Tab. 6.10.1:

Kriterien der schwer verlaufenden *Clostridium-difficile*-Erkrankung. Anzahl und Anteil der Nennungen sowie Anzahl der Erkrankungen, Deutschland, 2014 bis 2017

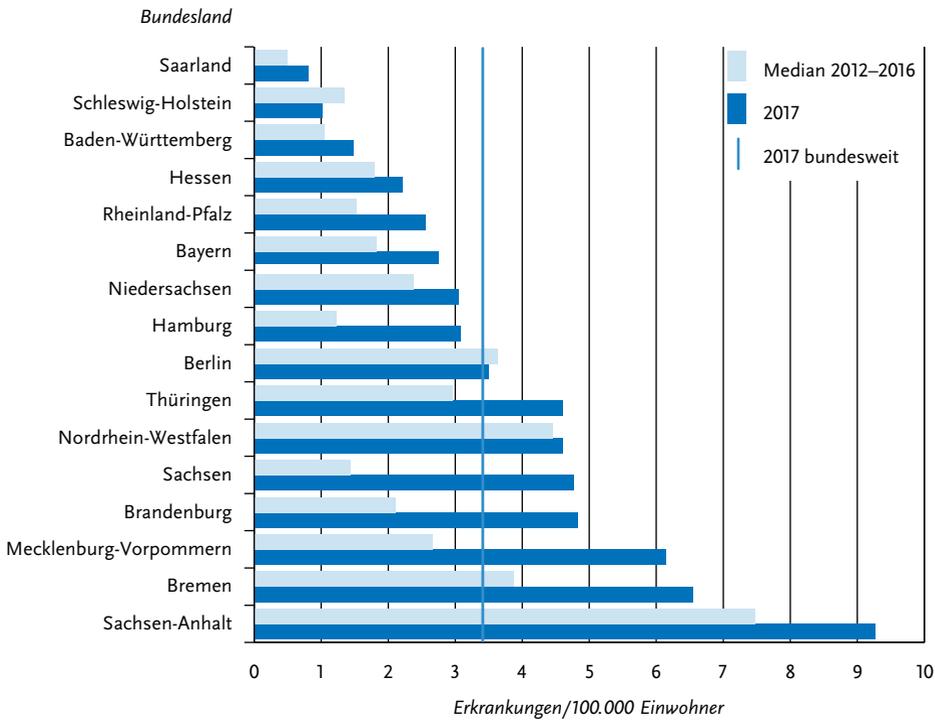
Kriterien für den schweren Verlauf einer <i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung	2014		2015		2016		2017	
	Anzahl	Prozent	Anzahl	Prozent	Anzahl	Prozent	Anzahl	Prozent
1. alt Stationäre Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten <i>C.-difficile</i> -Infektion	684	36 %	971	35 %	996	33 %	246	7 %
1. neu Aufnahme in eine medizinische Einrichtung zur Behandlung einer ambulant erworbenen <i>C.-difficile</i> -Erkrankung					175	6 %	1.425	42 %
2. Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation aufgrund einer <i>C.-difficile</i> -Erkrankung oder ihrer Komplikationen	429	22 %	663	24 %	710	24 %	633	18 %
3. Durchführung eines chirurgischen Eingriffs (z. B. Kolektomie) aufgrund eines Megakolons, einer Darmperforation oder einer Therapie-refraktären Kolitis	84	4 %	134	5 %	134	5 %	126	4 %
4. Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer <i>C.-difficile</i> -Erkrankung und Wertung der <i>C.-difficile</i> -Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung	722	38 %	1.015	36 %	961	32 %	994	29 %
Gesamtzahl der Nennungen	1.919	100 %	2.783	100 %	2.976	100 %	3.424	100 %
Erkrankungen	1.536		2.153		2.334		2.803	

Abb. 6.10.1:

Übermittelte *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf nach Kriterium der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2017



**Abb. 6.10.2:**  
Übermittelte *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=2.801)



depflicht-Anpassungsverordnung am 01.05.2016 lautete das erste Kriterium (1.alt) »Stationäre Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten *C.-difficile*-Infektion«. Dies wurde ersetzt durch (1.neu) »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung«.

Bis die Software aller Gesundheitsämter auf die neue Falldefinition umgestellt ist, werden immer noch Erkrankungen übermittelt und ausgewertet, die der alten Falldefinition entsprechen. Im Jahr 2017 wurden 2.803 *C.-difficile*-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten.

### Zeitlicher Verlauf

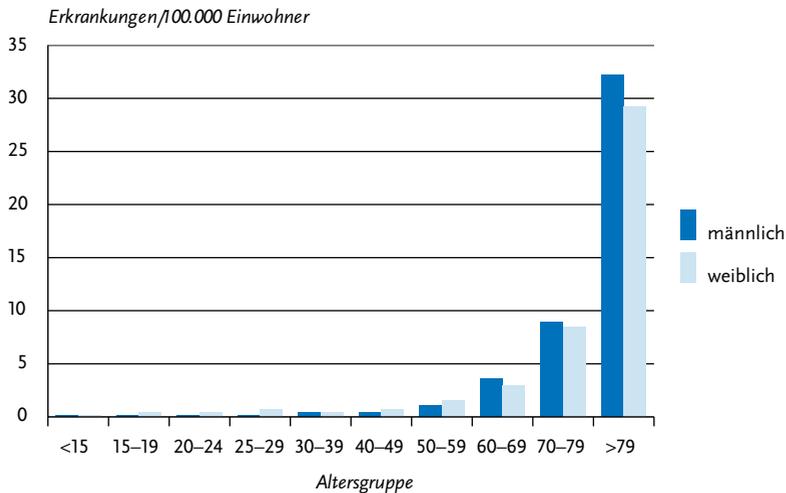
Im Jahr 2017 wurden insgesamt 2.803 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankung erfüllten. Darunter waren 1.192 Erkrankungen,

welche allein aufgrund des neu formulierten Kriteriums (1.neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« übermittelt wurden, während 1.611 Erkrankungen Kriterien erfüllten, die auch in den Vorjahren gültig waren. Vergleicht man die Kriterien 2 bis 4, die sich durch die Falldefinitionsänderung nicht verändert haben, so zeigt sich nach einem Anstieg von 2014 auf 2015 eine sehr ähnliche Anzahl in den Jahren 2015, 2016 und 2017 (Abb. 6.10.1).

### Geografische Verteilung

Die regionale Inzidenz der *C.-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf lag zwischen 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im Saarland und 9,3 in Sachsen-Anhalt. Die bundesweite Inzidenz betrug 3,4 (2016: 2,8) Erkr./100.000 Einw. (Abb. 6.10.2).

Abb. 6.10.3:  
Übermittelte Clostridium-difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, 2017 (n=2.802)



### Demografische Verteilung

*C. difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. 2.150 Erkrankte (77%) waren 70 Jahre und älter. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,5 Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen auf 1,3, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 3,3 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 8,7. Die höchste Inzidenz wurde bei den über 79-Jährigen mit 30 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.10.3) beobachtet. In den Altersgruppen bis 59 Jahre liegt die Inzidenz bei Frauen etwas höher als bei Männern. In den Altergruppen darüber ist die Inzidenz bei Männern höher.

### Klinische Aspekte

Bei 994 der 2.803 im Jahr 2017 übermittelten Erkrankungen (36%) wurde »Tod innerhalb von 30 Tagen nach Diagnosestellung einer *C. difficile*-Erkrankung und Wertung der *C. difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung« angegeben. Das Kriterium (1.neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung« war 1.425-mal erfüllt. Das Kriterium (1.alt) »Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten Infektion« wurde 246-mal (9%) angegeben. Beide zusammen machten 60% der

Nennungen aus. Das Kriterium »Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation« wurde 633-mal (23%) genannt. Ein »chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis« wurde 126-mal (5%) angegeben (s. Tab. 6.10.1; Mehrfachnennungen möglich). Der Anteil des Kriteriums 1.neu ist angestiegen und der Anteil des Kriteriums 1.alt gesunken. Der Anteil der Kriterien 2 bis 4 an der Gesamtzahl der Nennungen ist im Vergleich zum Vorjahr annähernd gleich geblieben.

### Datenqualität

Mit der IfSG-MeldAnpV vom 01.05.2016 wurde ein Kriterium der Falldefinition, die »Stationäre Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten *C. difficile*-Erkrankung« ersetzt durch »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulant erworbenen *C. difficile*-Erkrankung«. Ein Teil der Gesundheitsämter hatte ihre Software im Jahr 2017 nicht an die neue Falldefinition angepasst. Insgesamt wurden 22% der Erkrankungen noch nach der alten Falldefinition erfasst und übermittelt.

### Fazit

Im Jahr 2017 ist die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C. difficile*-Erkrankungen mit 3,4 Erkr./

100.000 Einw. im Vergleich zu 2016 (2,8) erneut angestiegen. Dieser Anstieg ist auf das nach Änderung der Falldefinition neue Kriterium 1.neu »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« zurückzuführen. In den Kategorien 2 bis 4 waren hingegen ähnliche Fallzahlen wie in den Vorjahren zu beobachten.

## Literaturhinweise

- Gleich S, Schaffer A, Mai CH, Schick S, Hirl B: *Clostridium-difficile*-assoziierte Todesfälle 2013–2016 in München und Nürnberg. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:1067–1074.
- Cassini A, Plachouras D, Eckmanns T, et al.: Burden of Six Healthcare-Associated Infections on European Population Health: Estimating Incidence-Based Disability-Adjusted Life Years through a Population Prevalence-Based Modelling Study. PLoS Med. 2016. doi: 10.1371/journal.pmed.1002150
- van Dorp S-M, Kinross P, Gastmeier P, et al.: Standardised surveillance of *Clostridium difficile* infection in European acute care hospitals: a pilot study, 2013. Euro Surveill 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.29.30293
- Leffler DA, Lamont T: *Clostridium difficile* Infection. N Engl J Med 2015; 372:1539–1548.
- Nationales Referenzzentrum für Nosokomiale Infektionen: CDAD-KISS Referenzdaten 2016. www.nrz-hygiene.de/surveillance/kiss/cdad-kiss
- Berger F, Mellmann A, von Müller L, Gärtner B: Ausbruchsuntersuchungen bei *Clostridium (Clostridioides) difficile*. Epid Bull 2018; 14:137–139.
- RKI: Schwer verlaufende *Clostridium-difficile*-Infektionen: IfSG-Surveillance-daten von 2013. Epid Bull 2014; 27: 233–237.
- RKI-Ratgeber (2016). www.rki.de/ratgeber

## 6.11 Denguefieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 635
- ▶ Rückgang gegenüber dem Vorjahr mit Fallzahlrekord
- ▶ Alle Infektionen wurden im Ausland erworben, fast ein Drittel allein in Thailand
- ▶ Reisende auf den Seychellen und in Ägypten von Ausbrüchen dort betroffen
- ▶ Seit 01.05.2016 sind Nachweise von Denguevirus nun auch explizit durch Labormeldepflichtig.

### Kurzbeschreibung

Das Denguevirus, bei dem 4 Serotypen unterschieden werden, wird von vorwiegend tagaktiven Stechmücken in über 100 Ländern der Tropen und Subtropen übertragen. Es verursacht eine akute fieberhafte Erkrankung mit Kopf- und Gliederschmerzen und gelegentlich Hautausschlag. Die schweren, zum Teil tödlichen Verlaufsformen mit diffusen Blutungen (hämorrhagisches Denguefieber) und Kreislaufversagen (Dengue-Schocksyndrom) treten vermehrt bei erneuter Infektion mit einem anderen Serotyp und vor allem bei in Endemiegebieten lebenden Kindern auf.

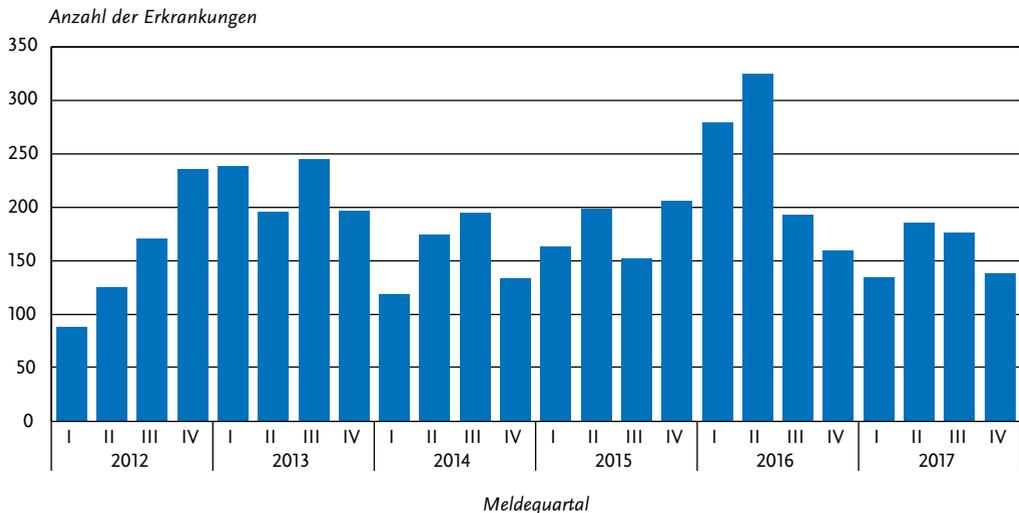
### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.11.1).

Tab. 6.11.1:  
Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	956	93 %	635	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	36	3 %	16	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	37	4 %	29	4 %
alle	1.029	100 %	680	100 %
Referenzdefinition (C)	956	93 %	635	93 %

Abb. 6.11.1:  
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017



### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 635 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt, dies entsprach einem deutlichen Rückgang im Vergleich zum Vorjahr, in dem es zur bisher höchsten Fallzahl seit 2001 gekommen war (2014: 624, 2015: 723, 2016: 956). Die Inzidenz betrug damit 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Erkrankungen wurden das ganze Jahr hindurch mit höheren Fallzahlen in den Quartalen II und III übermittelt (s. Abb. 6.11.1).

### Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich in den Bundesländern Berlin und Bayern (1,8 bzw. 1,4 Erkr./100.000 Einw.). Im Jahr 2017 ist eine deutlich reduzierte Inzidenz in Hamburg auffällig, das meist zu den Bundesländern mit einer hohen Denguefieber-Inzidenz gehört und zuletzt 2008 ähnlich geringe Fallzahlen übermittelt hat.

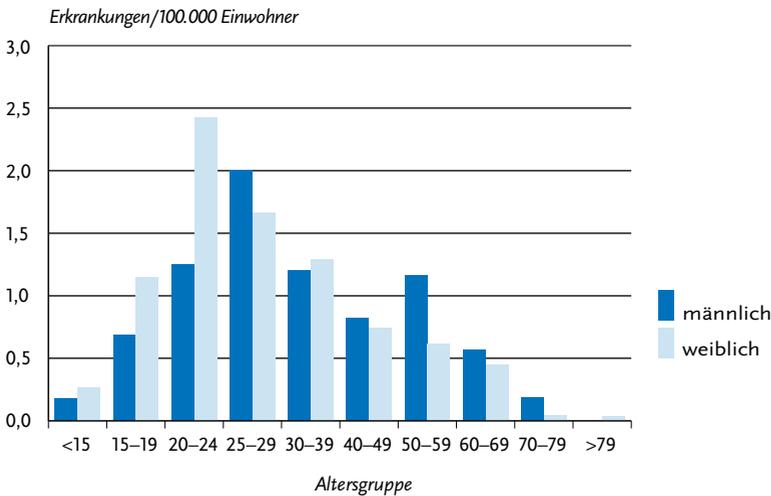
Zu 630 Erkrankungen lagen 677 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.11.2 sind die 10 meistgenannten Infektionsländer aufgeführt. Wie schon in den Vorjahren wurde Thailand am häufigsten angegeben (32 % der Nennungen, Vorjahr: 25 %). Es folgten Sri Lanka (10 %), Indien (9 %), Indonesien und Vietnam (je 6 %).

Die Verteilung der wahrscheinlichen Infektionsländer nach Kontinenten ist ähnlich wie in den Vorjahren: Auf asiatische Länder entfielen 79 % der Nennungen (Vorjahr: 79 %), auf afrikanische Länder 11 % (Vorjahr: 4 %), auf süd- und mit-

Tab. 6.11.2:  
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2017 (Mehrfachnennungen möglich, 630 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	216	32 %
Sri Lanka	67	10 %
Indien	64	9 %
Indonesien	43	6 %
Vietnam	40	6 %
Seychellen	30	4 %
Malediven	17	3 %
Malaysia	16	2 %
Mexiko	14	2 %
Philippinen	12	2 %
Andere	158	23 %
<b>Summe</b>	<b>677</b>	<b>100 %</b>

**Abb. 6.11.2:**  
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=634)



telamerikanische Länder 9 % (Vorjahr: 15 %), auf Australien/Ozeanien 0 % (Vorjahr: 1 %). Für 3 Erkrankungen wurde ein Aufenthalt in europäischen Staaten als Infektionsland übermittelt (<1 %; Vorjahr 7 Erkrankungen, <1 %). Dabei handelte es sich einmal um ein technisches Problem (ausländisches Infektionsland konnte nicht eingegeben werden), 2-mal kam neben einem Aufenthalt in Dengue-Endemieregionen zeitlich auch eine Infektion in Deutschland in Frage.

Ungewöhnliche Häufungen von Denguefieber weltweit, von denen auch deutsche Reisende betroffen waren, gab es 2017 auf den Seychellen, wo sich 30 Erkrankte wahrscheinlich infiziert hatten (2016: 9 Fälle, zuvor jeweils ein Fall 2010, 2012 und 2013). Außerdem wurde im Herbst in der Bevölkerung von Städten an der Rotmeerküste Ägyptens ein großer Ausbruch festgestellt, der auch die Urlaubsregion Hurghada betraf: Hier infizierten sich 2017 insgesamt 7 Reisende aus Deutschland, nachdem es bislang nur 2007 und 2015 jeweils Einzelfälle von in Ägypten erworbenen Denguevirus-Infektionen gegeben hatte. Ägypten galt bislang nicht als Endemiegebiet für Denguefieber, jedoch wurden dort zuletzt mit *Aedes aegypti* kompetente Mückenvektoren nachgewiesen.

### Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 20- bis 29-Jährigen beobachtet. Die niedrige Inzidenz unter Kindern und Senioren spiegelt vermutlich die Altersverteilung bei Fernreisenden wider. Insgesamt waren beide Geschlechter ähnlich stark betroffen (s. Abb. 6.11.2).

### Klinische Aspekte

2017 wurden 5 Erkrankungen übermittelt, die die Kriterien für einen hämorrhagischen Verlauf erfüllten: 3 Frauen und 2 Männer im Alter zwischen 18 und 42 Jahren erkrankten während oder nach Aufhalten in Thailand, bzw. in einem Fall nach einem Aufenthalt in Sri Lanka; alle Erkrankten überlebten. Ein Kind im ersten Lebensjahr, welches mit seiner Familie für 3 Wochen auf Sri Lanka gewesen war, erkrankte am Tag der Rückkehr nach Deutschland schwer an Denguefieber mit hämorrhagischen Zeichen und verstarb an Herz-Kreislaufversagen. Die Falldefinition eines Dengue-Schock-Syndroms oder eines Dengue-Hämorrhagischen-Fiebers war jedoch nicht erfüllt.

### Datenqualität

Während Nachweise »anderer Erreger hämorrhagischer Fieber« schon seit 2001 meldepflichtig

waren, hat die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung am 01.05.2016 die Meldepflicht (§ 7 Abs. 1 IfSG) nun auch explizit um Nachweise von Dengue- und anderen Arboviren erweitert.

Unabhängig davon sind weiterhin Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod durch Denguefieber mit hämorrhagischem Verlauf gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG vom behandelnden Arzt zu melden. Da die Meldepflicht nur in Deutschland festgestellte Erkrankungen und nachgewiesene Erreger erfasst, werden die bereits im Reiseland durchgemachten und nur dort diagnostizierten Infektionen nicht berücksichtigt.

### Fazit

Die Anzahl der Denguevirus-Infektionen, die jährlich durch Reisende nach Deutschland importiert werden, ist stark abhängig von der Schwankungen unterliegenden epidemiologischen Situation in den Infektionsländern sowie von Veränderungen in den Reiseströmen. In Bezug auf die jährlich hohen Fallzahlen nach Thailand-Aufenthalt ist zu beachten, dass es sich hierbei um ein häufig besuchtes Fernreiseziel handelt. In Deutschland kommen regional zumindest theoretisch zur Übertragung geeignete Vektoren vor.

### Literaturhinweise

- Shihada S, Emmerich P, Thome-Bolduan C, et al.: *Genetic diversity and new lineages of Dengue virus serotypes 3 and 4 in returning travelers, Germany, 2006–2015*. Emerg Infect Dis 2017; 23:272–275.
- Saifullin MA, Laritchev VP, Grigorieva YE, et al.: *Two cases of dengue fever imported from Egypt to Russia, 2017*. Emerg Infect Dis 2018; 24:813–841. doi: 10.3201/eid2404.172131
- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:557–567.
- Wilder-Smith A, Quam M, Sessions O, et al.: *The 2012 dengue outbreak in Madeira: exploring the origins*. Euro Surveill 2014; 19. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.8.20718
- Schmidt-Chanasit J, Emmerich P, Tappe D, et al.: *Autochthonous dengue virus infection in Japan imported into Germany, September 2013*. Euro Surveill 2014; 19. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.3.20681
- Frank C, Höhle M, Stark K, Lawrence J: *More reasons to dread rain on vacation? Dengue fever in 42 German and United Kingdom Madeira tourists during autumn 2012*. Euro Surveill 2013; 18. doi: 10.2807/1560-7917.ES2013.18.14.20446
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.

## 6.12 Diphtherie

### Kurzbeschreibung

Das klinische Bild der Diphtherie kann das einer schweren Rachenentzündung annehmen (Rachendiphtherie), die durch toxinproduzierende Bakterien der Art *Corynebacterium diphtheriae* oder anderer Arten, z. B. *C. ulcerans*, hervorgerufen wird. Bei einer Hautdiphtherie werden toxinproduzierende Erreger in Wunden nachgewiesen. Die Erreger werden vorwiegend durch Tröpfchen übertragen. Diphtherie gehört zu den impfpräventablen Erkrankungen, wobei die Schutzwirkung gegen das *C. ulcerans*-spezifische Toxin bisher nicht ausreichend nachgewiesen ist. Eine Protektion durch kreuzreagierende Antikörper wird allerdings vermutet.

### Situation in Deutschland

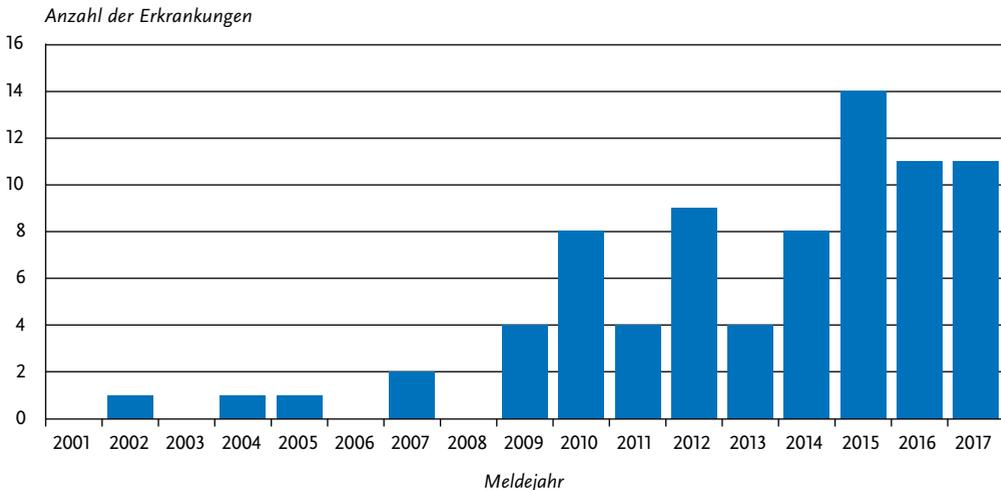
Im Jahr 2017 wurden 11 Diphtherie-Erkrankungen übermittelt, von denen alle die Referenzdefinition erfüllten. Damit lag die Zahl der Erkrankungen auf dem Vorjahresniveau (s. Abb. 6.12.1). Die 11 Erkrankungen wurden aus Bayern (3), Baden-Württemberg, Berlin, Niedersachsen (jeweils 2), Nordrhein-Westfalen und Schleswig-Holstein (jeweils 1) übermittelt.

Zehn der 11 Erkrankungen manifestierten sich als Hautdiphtherie, eine als Rachendiphtherie. Bei 7 der 10 an Hautdiphtherie Erkrankten wurde der Erreger *C. ulcerans* und bei 3 Erkrankten *C. diphtheriae* nachgewiesen. Die Rachendiphtherie-Erkrankung wurde durch *C. ulcerans* verursacht. Bei 8 Erkrankungen wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland, bei jeweils einer Erkrankung Thailand bzw. Tunesien angegeben; für eine Erkrankung wurde kein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt.

Die Erkrankungen betrafen eine Frau und 10 Männer im Alter von 47 bis 81 Jahren.

Für 7 der 11 Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor, jedoch waren nur bei 3 Erkrankten Angaben zum Zeitpunkt der letzten Impfung verfügbar; bei einem Erkrankten mit Nachweis von *C. diphtheriae* sowie einem Erkrankten mit Nachweis von *C. ulcerans* lag die Auffrischimpfung weniger als 10 Jahre zurück, bei der verbleibenden dritten, durch *C. diphtheriae* verursachten Diphtherie-Erkrankung lag die Impfung

Abb. 6.12.1:  
Übermittelte Diphtherie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



mehr als 10 Jahre zurück. Zwei der 11 an Diphtherie Erkrankten waren ungeimpft.

Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt.

### Literaturhinweise

Berger A, Meinel DM, Schaffer A, et al.: A case of pharyngeal diphtheria in Germany, June 2015. *Infection* 2016; 44:673–675.

Berger A, Teutsch B, Heinzinger S., Sing A: Berger A, Teutsch B, Heinzinger S, Sing A: *Corynebacterium ulcerans* – ein Emerging Pathogen? *Daten des Konsiliarlabors für Diphtherie 2011 – 2016*. *Epid Bull* 2018; 8:83–86.

Poethko-Müller C, Schmitz R: *Impfstatus von Erwachsenen in Deutschland*. *Bundesgesundheitsbl* 2013; 56:845. *RKI-Ratgeber* (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.13 Echinokokkose

### Kurzbeschreibung

In Europa kommen 2 Arten der Gattung *Echinococcus* vor. Der Hundebandwurm (*E. granulosus*) führt beim Menschen zur zystischen Echinokokkose und der Fuchsbandwurm (*E. multilocularis*) zur alveolären Echinokokkose. Während die alveoläre Echinokokkose in Deutschland endemisch

ist, ist die zystische Echinokokkose vorrangig aus anderen Ländern importiert. Der Mensch infiziert sich durch orale Aufnahme der Eier; die Larven setzen sich vor allem in der Leber, seltener auch in Lunge, Gehirn oder anderen Organen ab. Das klinische Bild ist sehr variabel und wird durch die Raumforderung der Zysten (bei *E. granulosus*) bzw. das infiltrative Wachstum (bei *E. multilocularis*) bestimmt. Symptome treten erst Monate oder Jahre nach der Infektion auf.

### Fallkriterien

Die Echinokokkose wird gemäß § 7 Abs. 3 IfSG direkt an das RKI gemeldet. Um das aktuelle Infektionsgeschehen zu erfassen, werden nur Meldungen in die Statistik aufgenommen, bei denen es sich um eine Erstdiagnose handelt bzw. deren frühere nichtgemeldete Erstdiagnose nicht länger als 24 Monate vor dem aktuellen Diagnosedatum liegt. Ein weiteres Fallkriterium ist die Bestätigung durch histologische oder radiologische Verfahren oder durch eine Kombination radiologischer und serologischer Verfahren. Es wurden 75 Fälle (66%) als zystische Echinokokkose und 30 (26%) als alveoläre Echinokokkose eingeordnet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 9-mal (8%) gemeldet (s. Tab. 6.13.1).

Tab. 6.13.1:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2017

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	7	22	1	30
Syrien	15			15
Irak	10	1	1	12
Türkei	4		2	6
Mazedonien	6			6
Rumänien	3			3
Afghanistan	2			2
Bulgarien	2			2
Andere	10	2	1	13
Ohne Angabe zum Infektionsland	16	5	4	25
<b>Summe</b>	<b>75</b>	<b>30</b>	<b>9</b>	<b>114</b>

### Zystische Echinokokkose

Die 75 Fälle von zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten und aus 13 Bundesländern gemeldet: Nordrhein-Westfalen 22 Fälle, Baden-Württemberg 14, Bayern 10, Berlin 6, Niedersachsen und Rheinland-Pfalz jeweils 5, Hessen 4, Hamburg, Saarland und Schleswig-Holstein jeweils 2 und Brandenburg, Bremen und Thüringen jeweils ein Fall. Aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, kann jedoch nicht auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Bei 59 Meldungen (79%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 7 (12%) Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 15 in Syrien, 10 im Irak, 6 in Mazedonien, 4 in der Türkei, 3 in Rumänien, jeweils 2 in Afghanistan und Bulgarien sowie weitere 10 in anderen Ländern (s. Tab. 6.13.1).

An zystischer Echinokokkose erkrankten 45 Personen männlichen und 30 Personen weiblichen Geschlechts. Über 73% der Erkrankten waren 20 Jahre und älter. Allerdings erkrankten auch 10 Jungen und 3 Mädchen im Alter von 15 bis 19 Jahren, ein Junge und 2 Mädchen in der Altersgruppe der 10- bis 14-Jährigen, 2 Jungen und ein Mädchen im Alter von 5 bis 9 Jahren sowie ein Junge unter 4 Jahren an zystischer Echinokokko-

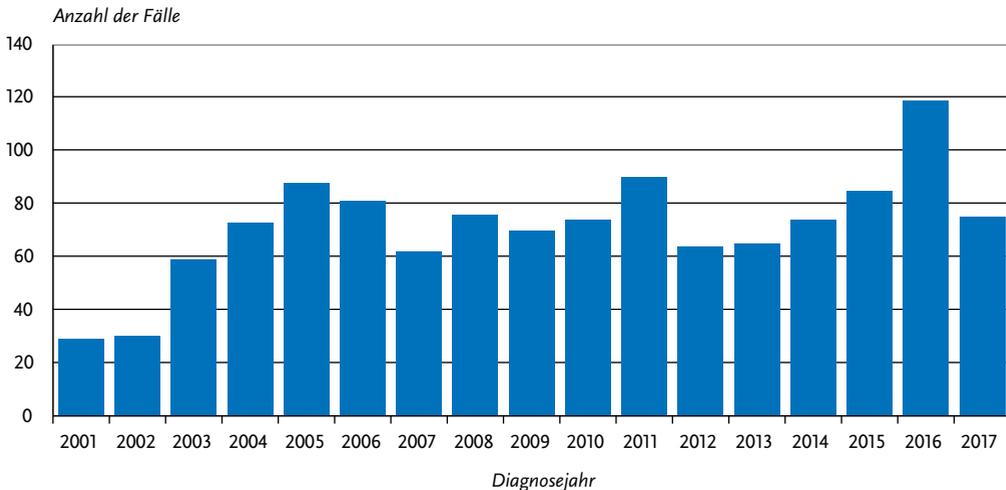
se. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2003 in etwa der gleichen Größenordnung mit einem Median von 74, mit einer höheren Fallzahl im Jahr 2016 mit 119 Fällen (s. Abb. 6.13.1).

### Alveoläre Echinokokkose

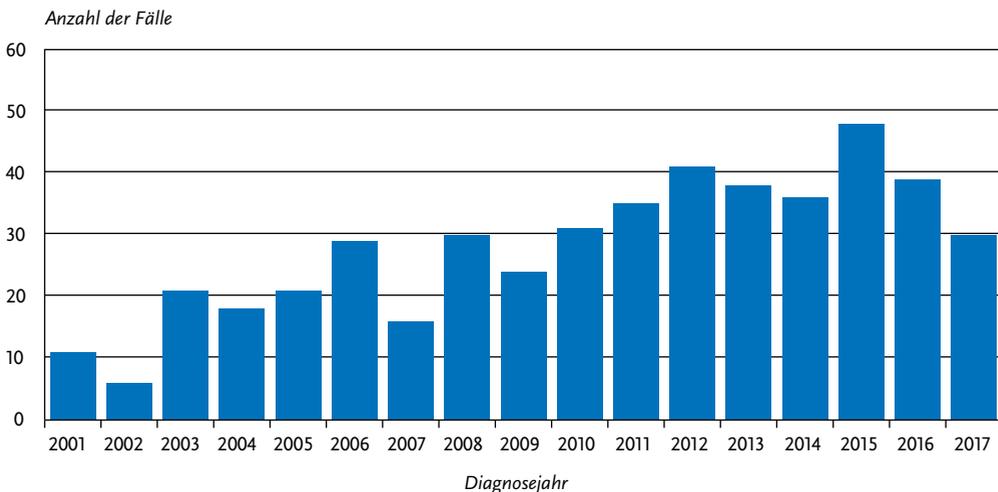
Im Jahr 2017 wurden insgesamt 30 alveoläre Echinokokkosen gemeldet. Die Meldungen betrafen Patienten aus 7 Bundesländern: Baden-Württemberg 12, Hessen 6, Bayern 5, Nordrhein-Westfalen 2, Rheinland-Pfalz und Thüringen 2 und ein Fall aus Niedersachsen. Auch hier kann aus der Angabe zum Bundesland, dem die Erkrankung aufgrund der angegebenen Postleitzahl zugeordnet wurde, nicht in jedem Fall auf den tatsächlichen Infektionsort geschlossen werden. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 25 Fälle (83%) vor, darunter entfielen 22 (88%) auf Deutschland (s. Tab. 6.13.1). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden Irak, Polen und die Schweiz je einmal genannt. Zu den Erkrankten zählten 14 männliche und 16 weibliche Personen. Personen aller Altersgruppen über 24 Jahre waren betroffen.

Im Vergleich zu den Vorjahren waren die Meldezahlen im Jahr 2017 weiterhin rückläufig (s. Abb. 6.13.2).

**Abb. 6.13.1:**  
Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



**Abb. 6.13.2:**  
Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



#### **Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose**

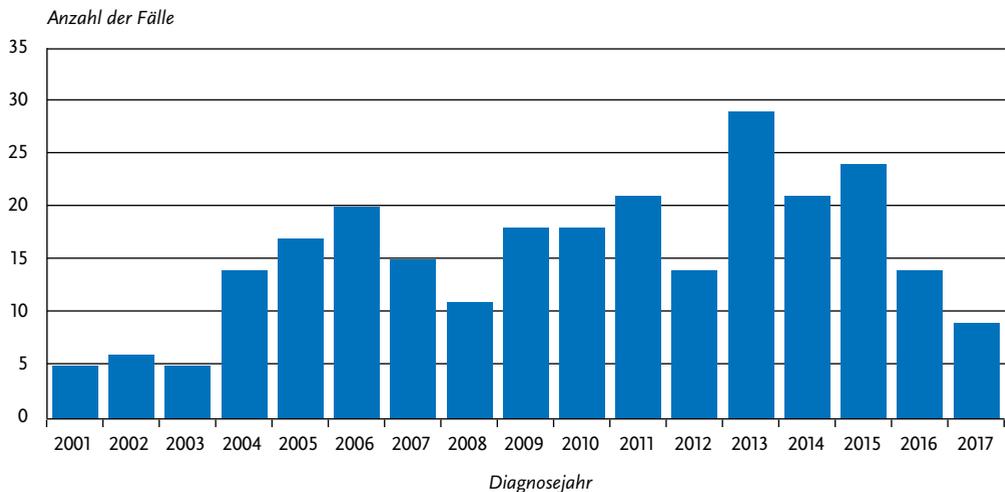
Für 9 Fälle lag keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 4 Fälle aus Nordrhein-Westfalen, 3 Fälle aus Bayern und 2 Fälle aus Baden-Württemberg gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 5 Fälle (56 %) vor, darunter entfielen

eine Nennung auf Deutschland, 2 auf die Türkei und jeweils eine Nennung auf den Irak und Montenegro (s. Tab. 6.13.1). Unter den Erkrankten waren 5 Personen männlichen und 4 Personen weiblichen Geschlechts. Die Betroffenen waren zwischen 5 und 79 Jahre alt.

Abb. 6.13.3:

Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



Die Anzahl gemeldeter Echinokokkosen, die im Jahr 2016 als nicht differenziert gemeldet wurden, ging im Vergleich zu den 3 Vorjahren zurück (s. Abb. 6.13.3).

#### Datenqualität

Es ist von einer Untererfassung auszugehen, da für die vorliegenden Meldebögen oft keine vollständigen Angaben vorliegen und diese somit nicht ausgewertet werden können.

Da die alveoläre Echinokokkose als endemische und die zystische Echinokokkose als vorrangig importierte Infektion unterschiedliche epidemiologische Implikationen haben, sollten Meldungen jeweils auch differenzierte diagnostische Angaben enthalten.

#### Fazit

Die Fallzahlen der alveolären, der zystischen und der nicht differenzierten Echinokokkose gingen im Jahr 2017 zurück. Die Ursache für diesen Trend ist unklar. Ob die Fälle von zystischer Echinokokkose, für die Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, möglicherweise auch durch frühere Auslandsaufenthalte oder durch Kontakt mit aus dem Ausland importierten Haustieren bedingt waren, kann anhand der vorliegenden Daten nicht beurteilt werden.

#### Literaturhinweise

- Schmidberger J, Kratzer W, Stark K, et al.: *Alveolar echinococcosis in Germany, 1992–2016. An update based on the newly established national AE database.* Infection 2017. doi: 10.1007/s15010-017-1094-0
- Conraths FJ, Probst C, Possenti A, et al.: *Potential risk factors associated with human alveolar echinococcosis: Systematic review and meta-analysis.* PLoS Negl Trop Dis 2017. doi: 10.1371/journal.pntd.0005801
- Kern P, Menezes da Silva A, Akhan O, et al.: *The echinococcoses: diagnosis, clinical management and burden of disease.* Adv Parasitol 2017; 96:259–369.
- Richter J, Orhun A, Grüner B, et al.: *Autochthonous cystic echinococcosis in patients who grew up in Germany.* Euro Surveill 2009; 14. doi: 10.2807/ese.14.22.19229-en
- Brehm K: *Die Echinokokkose – Eine Übersicht und neue Erkenntnisse in der Diagnostik, Therapie und Parasitenbiologie.* Epid Bull 2017; 15:127–132.
- RKI-Ratgeber (2005). www.rki.de/ratgeber

## 6.14 EHEC-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 2.020
- ▶ Seit Jahren leichter Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Große Inzidenzunterschiede in den Bundesländern
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Nicht-Bestimmung, Nicht-Meldung und Nicht-Übermittlung von Serogruppen erschweren die Ausbruchserkennungen

### Kurzbeschreibung

Einige Stämme des Darmbakteriums *Escherichia coli* bilden sogenannte Shigatoxine und können schwere blutige Durchfälle auslösen. Diese Stämme werden als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bzw. als Shigatoxin-produzierende *E. coli* (STEC) oder Verotoxin-produzierende *E. coli* (VTEC) bezeichnet. Als lebensbedrohliche Komplikation kann das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auftreten. Infektionen mit EHEC kommen weltweit vor. Als Reservoir für die meisten EHEC-Stämme gelten Wiederkäuer, vor allem Rinder. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt fäkal-oral, wobei die Erregeraufnahme über den Kontakt mit Tierfäzes, über kontaminierte Lebensmittel oder kontaminiertes Wasser erfolgt, aber auch durch direkten Kontakt von Mensch zu Mensch.

### Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung von EHEC-Erkrankungen geändert. Zusätzlich zum Nachweis von Shigatoxin (z. B. mittels ELISA) aus der *E.-coli*-Kultur aus Stuhl oder dem Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) eines Shigatoxin-Gens aus Stuhlanreicherungskultur, Stuhlmischkultur oder *E.-coli*-Kultur aus Stuhl, erfüllt seit 2015 auch der Nachweis von Shigatoxin (z. B. mittels ELISA) aus Stuhlanreicherungskultur oder Stuhlmischkultur bei gleichzeitigem Nachweis des O157-Antigens (z. B. mittels ELISA) die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.14.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS, welches in Kap. 6.27 behandelt wird.

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 2.020 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2016: 1.825; Median 2012 bis 2016: 1.635). Dies ist ein Anstieg um 11% gegenüber 2016. Die meisten Erkrankungen wurden wie in den Vorjahren im III. Quartal übermittelt, die stärkste Zunahme (40%) im Vergleich zu den Fallzahlen des Jahres 2016 erfolgte im I. Quartal. (s. Abb. 6.14.1).

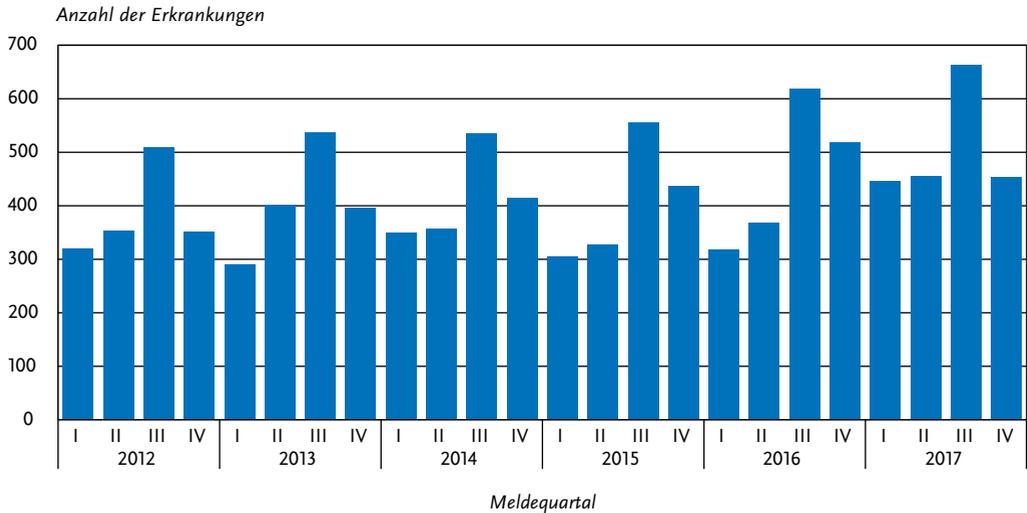
### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz von 2,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner wurde in Sachsen-Anhalt (6,3), Sachsen (4,1), Berlin (3,8), Niedersachsen (3,2), Mecklenburg-Vorpommern (3,2), Rheinland-Pfalz (3,0), Schleswig-Holstein (2,9), Hamburg (2,7) und Thüringen (2,6) teils deutlich

Tab. 6.14.1:  
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	24	1%	27	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.801	71%	1.993	66%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	287	11%	466	15%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	424	17%	525	17%
alle	2.536	100%	3.011	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.825	72%	2.020	67%

Abb. 6.14.1:  
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017



übertroffen. Die niedrigsten Inzidenzen wiesen das Saarland (0,6), Hessen (0,9) und Bremen (1,3) auf. Mit Ausnahme von 4 Bundesländern (Saarland, Hamburg, Rheinland-Pfalz und Mecklenburg-Vorpommern) lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der Vorjahre. Die stärkste relative Zunahme der Inzidenz gegenüber den Vorjahren wurde in Bremen (um 196%), Baden-Württemberg (72%) und Sachsen-Anhalt (69%) verzeichnet (s. Abb. 6.14.2).

Bei 1.140 Erkrankungen wurde das wahrscheinliche Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 920-mal genannt (81%). Die meisten Nennungen anderer Länder entfielen auf die Türkei (36 Nennungen), Ägypten (22), Spanien (17) und Österreich (16).

### Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren (16 Erkr./100.000) um ein Vielfaches höher als in den anderen Altersgruppen (1,8 Erkr./100.000) (s. Abb. 6.14.3); 29% der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die mit Abstand höchste Inzidenz (31 Erkr./100.000 Einw.) wiesen einjährige Kinder auf. Insgesamt waren weibliche Personen stärker

von EHEC-Erkrankungen betroffen (Inzidenz 2,7 Erkr./100.000) als männliche (2,2 Erkr./100.000).

### Nachgewiesene Erreger

Für 451 EHEC-Erkrankungen (22%; 2012 bis 2016: abnehmend von 30% auf 18%) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers übermittelt (s. Tab 6.14.2). Die häufigste Serogruppe war wie im Vorjahr O91 mit 15% der Nennungen, gefolgt von O103 (13%), Ont (O-Antigen nicht typisierbar; 12%), und O157 (11%). Die größten relativen Zuwächse wurden bei den Serogruppen O103 (58 Fälle; 2016: 26), O128 (19; 2016: 8) und O111 (12; 2016: 5) verzeichnet.

### Klinische Aspekte

Für alle 2.020 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (insgesamt 3.741 Nennungen). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (89% der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (62%), Erbrechen (17%) und Fieber (16%). Im Jahr 2017 wurden 2 (2016: 0) Todesfälle aufgrund von EHEC-Erkrankungen übermittelt. Es handelte sich um 2 Männer im Alter von 76 und 89 Jahren.

Abb. 6.14.2:

Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=2.019)

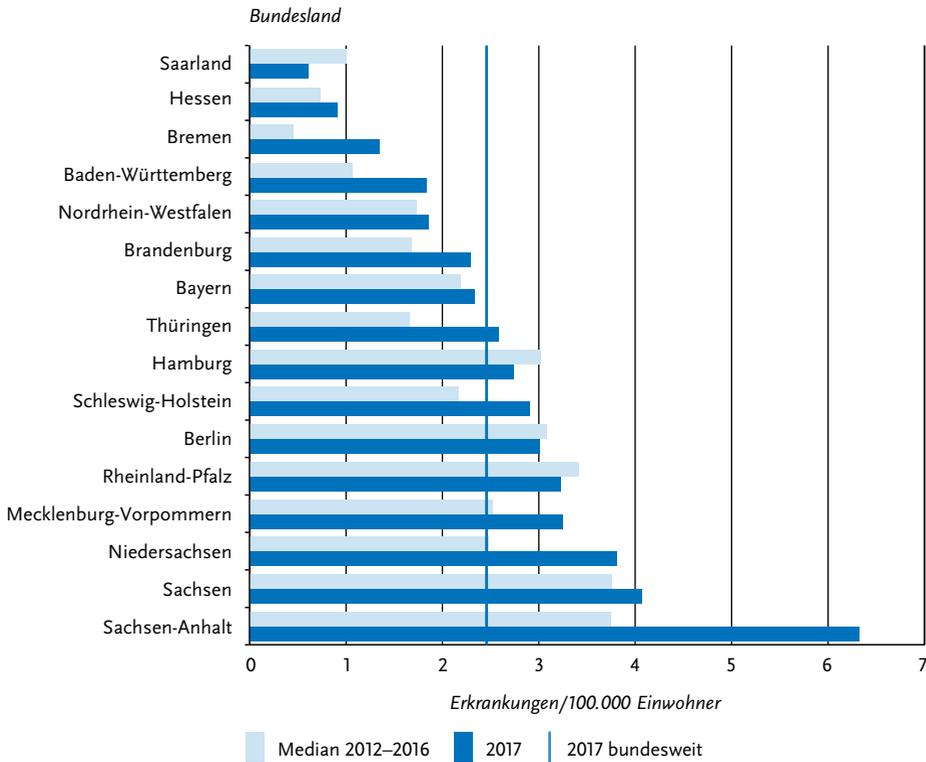
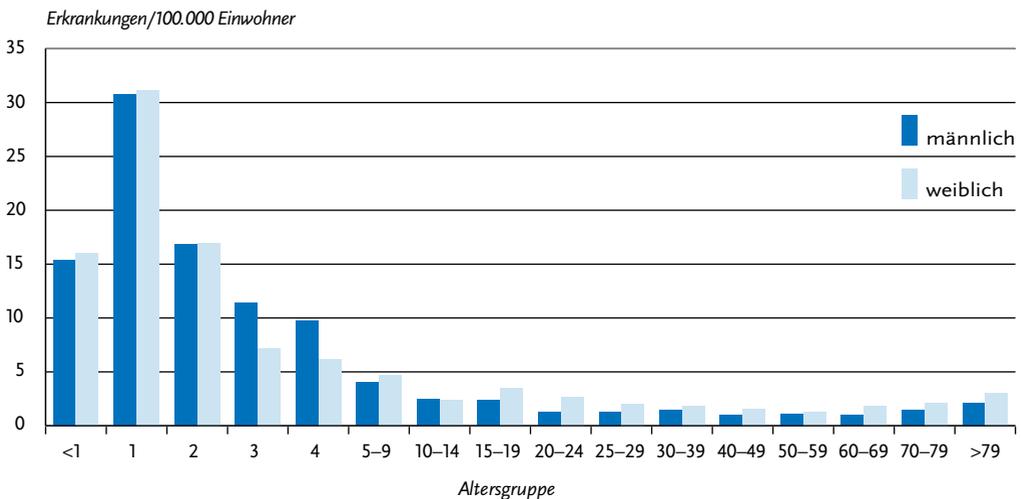


Abb. 6.14.3:

Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=2.012)



Tab. 6.14.2:

Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2017 (n=451)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
O91	67	15%
O103	58	13%
Ont (nicht typisierbar)	55	12%
O157	50	11%
O26	31	7%
O146	22	5%
O128	19	4%
O145	16	4%
O111	12	3%
O113	8	2%
Andere	113	25%
<b>Summe</b>	<b>451</b>	<b>100%</b>

### Ausbrüche

Es wurden 42 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 108 Erkrankungen übermittelt (2016: 43 Ausbrüche mit 98 Erkrankungen). Die meisten Ausbrüche (n=39) betrafen nur 2 oder 3 Personen und ereigneten sich überwiegend in privaten Haushalten. Einzelne Ausbrüche standen in Zusammenhang mit dem Besuch von Kindertagesstätten oder Hotels. Drei Ausbrüche betrafen 5 oder mehr Personen. Der größte übermittelte Ausbruch betraf 14 Personen einer Reisegruppe aus Niedersachsen, die sich im Februar 2017 in einem Hotel in Österreich aufgehalten hatte. Bei einigen Erkrankten wurde EHEC der Serogruppe O103 nachgewiesen. Als wahrscheinliches Infektionsvehikel wurde in dem Hotel angebotene Rohmilch ermittelt.

Ein Ausbruch mit 6 Erkrankungen wurde aus Sachsen übermittelt und ereignete sich in einer Kindertagesstätte. Hier wurde eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung als wahrscheinlich angesehen. Ein Ausbruch mit 5 Erkrankungen wurde aus Schleswig-Holstein übermittelt. Auch bei diesem Ausbruch wurde Rohmilch als Infektionsvehikel verdächtigt. EHEC-Ausbrüche, in denen auch HUS-Fälle auftraten, sind in Kap. 6.27 beschrieben.

### Datenqualität

Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Möglichkeiten abhängig. Die Diagnostik dieser Erreger ist aufwendig. In der klinischen Routine erfolgt oft nur ein Nachweis des Shigatoxins bzw. Shigatoxin-Gens ohne Erregerisolierung und somit ohne Möglichkeit, die Serogruppe zu bestimmen. Dies wäre aber für die epidemiologische Beurteilung und für die Erkennung von geografisch diffusen Ausbrüchen erforderlich. Da nur für 22% der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft.

### Fazit

Der seit 2016 ansteigende Trend der Fallzahlen hat sich 2017 fortgesetzt und betraf sowohl Kinder und Jugendliche als auch Erwachsene. Seit 2001 wurden nur im Jahr des großen EHEC/HUS-Ausbruchs 2011 mehr Erkrankungen übermittelt als 2017. Ob dies auf einen tatsächlichen Anstieg der Erkrankungshäufigkeit oder auf intensivere Diagnostik zurückzuführen ist, lässt sich nicht beurteilen.

Der Anteil der EHEC-Erkrankungen, bei denen Informationen zur Serogruppe übermittelt wurden, lag 2017 mit 22% etwas höher als 2016 (18%), allerdings deutlich unter dem Wert von 30% im Jahr 2012 und dem Anteil in den Jahren davor. Ohne Kenntnis der Serogruppe ist die Erkennung epidemiologischer Infektionszusammenhänge bei scheinbar sporadischen EHEC-Erkrankungen nahezu unmöglich.

### Literaturhinweise

- Pedersen RM, Nielsen MTK, Möller S, et al.: *Shiga toxin-producing Escherichia coli: incidence and clinical features in a setting with complete screening of patients with suspected infective diarrhoea*. Clin Microbiol Infect 2017. doi: 10.1016/j.cmi.2017.10.002
- Kuehne A, Bouwknegt M, Havelaar A, et al.: *Estimating true incidence of O157 and non-O157 Shiga toxin-producing Escherichia coli illness in Germany based on notification data of haemolytic uraemic syndrome*. Epidemiol Infect 2016; 144:3305–3315.

- Fruth A, Prager R, Tietze E, Rabsch W, Flieger A: *Molecular epidemiological view on Shiga toxin-producing Escherichia coli causing human disease in Germany: Diversity, prevalence, and outbreaks*. Int J Med Microbiol 2015; 305:697–704.
- Buchholz U, Bernard H, Werber D, et al.: *German outbreak of Escherichia coli O104:H4 associated with sprouts*. N Engl J Med 2011; 365:1763–1770.
- Werber D, Krause G, Frank C, et al.: *Outbreaks of virulent diarrhoeagenic Escherichia coli—are we in control?* BMC Med 2012; 10:11.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.15 Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 3.675 in allen Meldekategorien, 3.577 in Meldekategorien Enterobacteriaceae und WBK
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern < 1 Jahren und bei Erwachsenen ab 60 Jahren, insbesondere bei Männern
- ▶ Sowohl Infektionen als auch Kolonisationen sind meldepflichtig

### Kurzbeschreibung

Enterobacteriaceae sind gramnegative Bakterien, die ubiquitär in der Umwelt vorkommen und zur natürlichen Darmflora des Menschen gehören. Zu den Enterobacteriaceae gehört eine Vielzahl von verschiedenen Erregern, die unterschiedliche Eigenschaften haben. Sie können unterschiedliche Kompartimente besiedeln (Kolonisation), jedoch auch zahlreiche Infektionen wie Pneumonien, Harnwegsinfektionen und Blutstrominfektionen auslösen. Insbesondere bei nosokomialen Infektionen spielen Enterobacteriaceae eine wichtige Rolle.

Carbapenem-nichtempfindliche Enterobacteriaceae weisen eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika, u. a. auch gegen Carbapeneme, auf. Carbapeneme sind sog. Reserveantibiotika, die als letzte therapeutische Alternative bei komplizier-

ten Infektionen eingesetzt werden. Das Auftreten einer Carbapenem-Nichtempfindlichkeit kann unterschiedliche Ursachen haben, u. a. die Bildung einer Carbapenemase. Carbapenemase sind Enzyme, die Carbapeneme spalten können und auf andere Bakterien innerhalb der Familie der Enterobacteriaceae übertragen werden können, weshalb Carbapenemase-produzierende Stämme insbesondere im Krankenhaus von großer Bedeutung sind. Der Anteil der Carbapenemase-Produzenten ist abhängig von der jeweiligen Spezies, so werden beispielsweise bei *E. coli* und *Klebsiella pneumoniae* relativ häufig Carbapenemase nachgewiesen (54 % und 51 %), bei anderen Spezies wie *Enterobacter aerogenes* seltener (2 %).

### Alle Meldekategorien

Carbapenem-nichtempfindliche, definiert als intermediär sensible oder resistente Enterobacteriaceae werden in verschiedenen Übermittlungskategorien erfasst (s. Tab. 6.15.1). Enterobacteriaceae, die in den Übermittlungskategorien Enterobacteriaceae (n=2.633) oder „Weitere bedrohliche Krankheit“ (WBK) (n=944) übermittelt wurden, sind in der ersten Zeile der Tabelle 6.15.1 zusammengefasst dargestellt. Insgesamt wurden 3.675 Carbapenem-nichtempfindliche Enterobacteriaceae übermittelt.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen und in den Übermittlungskategorien Enterobacteriaceae oder WBK übermittelt wurden (s. Tab. 6.15.2). Fälle, die in anderen Übermittlungskategorien wie Salmonellose, Yersiniose usw. (s. oben) übermittelt wurden, werden im Folgenden nur an wenigen ausgewählten Stellen berücksichtigt.

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 3.577 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht 4,4 Fällen pro 100.000 Einwohner in Deutschland.

### Geografische Verteilung

Die Inzidenz unterschied sich stark zwischen den Bundesländern (s. Abb. 6.15.1). Die höchsten Inzidenzen wurden in Berlin (8,5 Fälle/100.000 Einw.), Hamburg (8,2), Thüringen (7,7) und Hessen (7,2) verzeichnet. Die geringste Inzidenz wur-

**Tab. 6.15.1:**  
Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Übermittlungskategorie, Deutschland 2017

Übermittlungskategorie	Anzahl
Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation	3.577
Salmonellose ( <i>Salmonella</i> spp.), außer Typhus oder Paratyphus	48
<i>Escherichia coli</i> -Enteritis ( <i>E. coli</i> , sonstige darmpathogene Stämme)	30
Yersiniose ( <i>Yersinia enterocolitica</i> , darmpathogen)	9
EHEC-Erkrankung ( <i>E. coli</i> , enterohämorrhagisch)	4
Shigellose ( <i>Shigella</i> spp.)	4
Paratyphus ( <i>Salmonella</i> Paratyphi)	3
<b>Gesamt</b>	<b>3.675</b>

**Tab. 6.15.2:**  
Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2017

Kategorie	2017	
	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	639	18 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.415	40 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.523	43 %
alle	3.577	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>3.577</b>	<b>100 %</b>

de in Mecklenburg-Vorpommern registriert (1,7 Fälle/100.000 Einw.).

### Demografische Verteilung

Die in absoluter Zahl am stärksten betroffene Altersgruppe sind Erwachsene ab 50 Jahre (79% der übermittelten Fälle). Die Inzidenz übermittelter Carbapenem-nichtempfindlicher Enterobacteriaceae variiert deutlich zwischen den Altersgruppen und steigt ab der Altersgruppe der 50–59-Jährigen mit zunehmendem Alter an (s. Abb. 6.15.2). Die höchste Inzidenz übermittelter Carbapenem-nichtempfindlicher Enterobacteriaceae wird in der Altersgruppe der Kinder unter einem Jahr (16 Fälle/100.000 Einw.) und der über 79-Jährigen beobachtet (14). Männer sind in fast allen Altersgruppen häufiger betroffen.

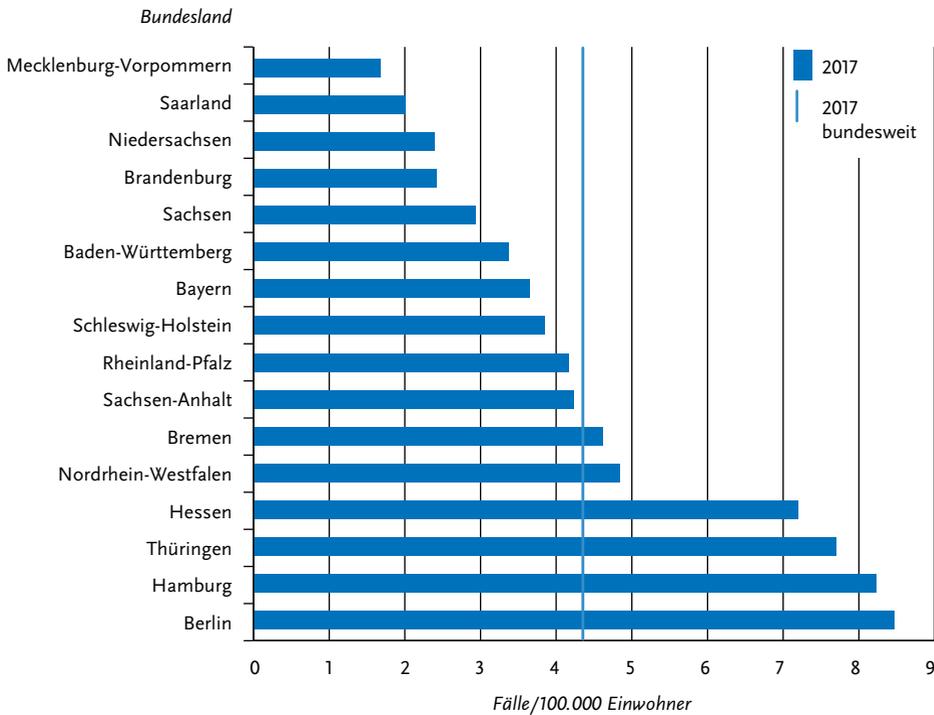
### Klinische Aspekte

Für 2.123 der 3.577 Fälle (59 %) lag eine Angabe zum Infektionsstatus vor: 723 Fälle (35 %) wurden als Infektion und 1.400 Fälle (65 %) als Kolonisation übermittelt.

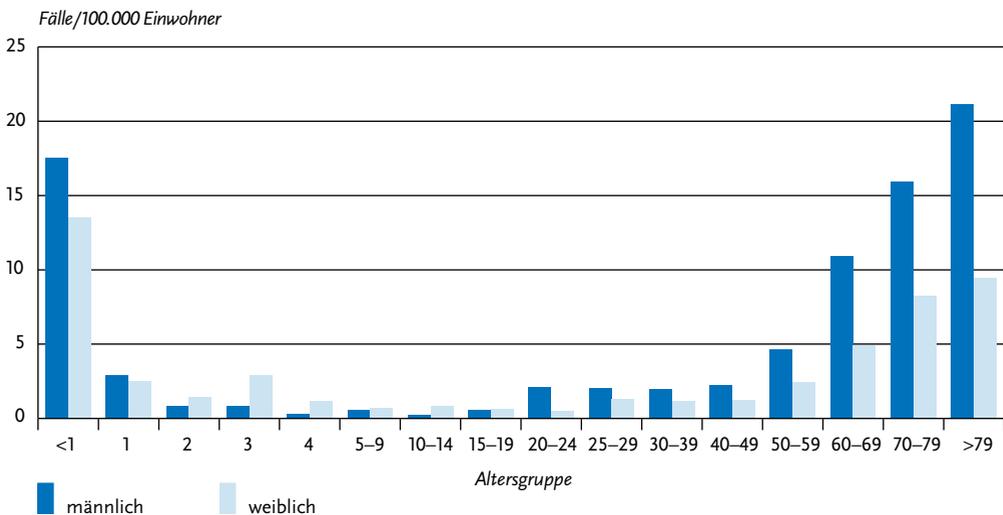
Für 1.817 (51 %) lagen Angaben zum Entnahmeort der Probe vor. Am häufigsten wurden die Carbapenem-nichtempfindlichen Enterobacteriaceae in Screening-Abstrichen (1.817-mal, 48 % der 3.798 Nennungen), in Urin (696-mal, 18 %) und in Wundabstrichen (478-mal, 13 %) nachgewiesen (Mehrfachangaben sind möglich).

Eine Angabe zur Hospitalisierung war für 3.356 Fälle (94 %) vorhanden. 3.097 Fälle (92 %) waren hospitalisiert. Von 3.550 Fällen mit entsprechender Angabe wurden 185 Todesfälle registriert (5,2 %). Von 167 Todesfällen, für die Angaben vorlagen, wurden 34 Fälle (20 %) als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt (15 Fälle mit

**Abb. 6.15.1:**  
Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=3.575)



**Abb. 6.15.2:**  
Übermittelte Fälle von Enterobacteriaceae-Infektionen oder -Kolonisationen mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=3.559)



**Tab. 6.15-3:**  
**Übermittelte Carbapenem-nichtempfindliche**  
**Enterobacteriaceae nach Gattung bzw. Art,**  
**Deutschland 2017 (n=3.496)**

Erreger	Anzahl	Anteil
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1.375	39,3%
<i>Enterobacter cloacae</i>	562	16,1%
<i>Escherichia coli</i>	542	15,5%
<i>Enterobacter</i> spp., sonstige	212	6,1%
<i>Citrobacter freundii</i>	183	5,2%
<i>Enterobacter aerogenes</i>	136	3,9%
<i>Klebsiella oxytoca</i>	117	3,3%
<i>Serratia marcescens</i>	77	2,2%
<i>Klebsiella</i> spp., sonstige	70	2,0%
<i>Proteus mirabilis</i>	46	1,3%
<i>Citrobacter</i> spp., sonstige	25	0,7%
<i>Morganella morganii</i>	24	0,7%
Andere	127	3,6%
<b>Gesamt</b>	<b>3.496</b>	<b>100,0%</b>

*Klebsiella*, 10 Fälle mit *Enterobacter* spp., 3 Fälle mit *Escherichia* spp., 2 Fälle mit *Raoutella* spp., je 1 Fall mit *Morganella* spp. und *Providencia* spp. sowie 2 Fälle ohne Angabe des Erregers). Zusätzlich zu den bisher genannten Todesfällen wurden 2 Todesfälle bei Patienten mit Carbapenem-nichtempfindlichen Erregern in der Übermittlungskategorie Salmonellose erfasst, davon wurde einer als an der gemeldeten Krankheit verstorben eingeordnet.

#### **Nachgewiesene Erreger**

Für 3.496 der erfassten Fälle (98 %) lag eine Angabe zum Erreger vor (siehe Tab. 6.15.3).

Am häufigsten wurden Klebsiellen nachgewiesen, insbesondere *K. pneumoniae* (1.375 Fälle, 39 %). Es folgten *Enterobacter* spp., darunter *E. cloacae* (562 Fälle, 16 %) und *E. aerogenes* (136 Fälle, 4 %), *Escherichia* spp., darunter fast ausschließlich *E. coli* (542 Fälle, 16 %) und *Citrobacter* spp., darunter *C. freundii* (183 Fälle, 5 %).

#### **Resistenzen gegen einzelne Carbapeneme**

Für 2.112 von 2.633 Fällen (80 %), die in der Übermittlungskategorie Enterobacteriaceae übermit-

telt wurden, liegen weitergehende Informationen zur Nichtempfindlichkeit gegenüber mindestens einem Carbapenem (Imipenem, Meropenem oder Ertapenem) vor. Von den 1.084 Fällen mit einer Angabe zu allen 3 Carbapenemen waren 999 Fälle (92 %) nichtempfindlich gegen Ertapenem, 793 Fälle (73 %) gegen Imipenem und 792 Fälle (73 %) gegen Meropenem. 692 Fälle (64 %) waren nichtempfindlich gegen alle 3 Carbapeneme. Für die 944 Fälle, die mit veralteten Softwareversionen übermittelt wurden, liegen diese Angaben nicht vor.

#### **Nachgewiesene Resistenzgene (Carbapenemasen)**

Für 1.488 von 2.633 Fällen (57 %), liegen Informationen vor, ob eine Untersuchung auf Resistenzgene vorgenommen wurde. Bei 1.174 Fällen (79 %) wurde eine Testung auf ein Resistenzgen durchgeführt. Ein Resistenzgen wurde bei 905 Fällen (77 %) nachgewiesen, am häufigsten die Carbapenemase OXA-48-like (419 Fälle, 46 %). Bei *Klebsiella* spp. (469 Fälle, davon 423 mit Angaben) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (237 Fälle, 56 %), VIM-1 (81 Fälle, 19 %), NDM-1 (56 Fälle, 13 %) und KPC-2 (43 Fälle, 10 %) übermittelt. Bei *Escherichia* spp. (177 Fälle, davon 166 mit Angaben) wurden am häufigsten die Carbapenemasen OXA-48-like (112 Fälle, 67 %) und NDM-1 (17 Fälle, 10 %) übermittelt. Bei *Enterobacter* spp. (108 Fälle, davon 89 mit Angaben) wurden am häufigsten die Carbapenemasen VIM-1 (34 Fälle, 38 %) und OXA-48-like (28 Fälle, 31 %) übermittelt.

#### **Ausbrüche**

Im Jahr 2017 wurden 24 Ausbrüche mit insgesamt 77 Fällen übermittelt. Bei 6 Ausbrüchen (alle *Klebsiella pneumoniae*) wurden 5 oder mehr Fälle (insgesamt 35 Fälle) übermittelt. Insgesamt wurden 19 der 24 Ausbrüche durch *Klebsiella pneumoniae*, ausgelöst.

#### **Datenqualität**

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter, Geschlecht, Hospitalisierung und nachgewiesenem Erreger war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angabe darüber, ob es sich um eine Infektion oder Kolonisation handelt, lag nur bei 59 %. Ergebnisse zum Infektionsstatus sind sehr wichtig um einschätzen zu können,

welche Krankheitslast ein bestimmter Erreger verursacht. Auch zum Nachweis auf ein Resistenzgen (Carbapenemase) lagen nur für 57% der Fälle Angaben vor. Diese Information ist jedoch zur Einschätzung wichtig, wie leicht die Carbapenem-Nichtempfindlichkeit übertragen werden kann, da die Carbapenemase-Gene oft auf Plasmiden sitzen und so zwischen verschiedenen Enterobacteriaceae ausgetauscht werden können. Insgesamt ist der Einsatz von aktualisierter Software, die eine Eingabe von Carbapenem-nichtempfindlichen Enterobacteriaceae in der entsprechenden Übermittlungskategorie erlaubt, wünschenswert da hier im Vergleich zur Übermittlungskategorie WBK wichtige weiterführende Informationen eingegeben werden können. Eine Einschätzung der regionalen Unterschiede in der Anzahl der übermittelten Fälle ist schwierig, da dies auch von der Melde- und der Übermittlungspraxis der jeweiligen Region abhängt.

### Fazit

Die Meldepflicht für Carbapenem-nichtempfindliche Enterobacteriaceae ist am 1. Mai 2016 in Kraft getreten. Im Jahr 2017 werden erstmals Daten zu dieser Meldepflicht im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht. Die Anzahl der übermittelten Fälle zeigt eine gute Akzeptanz der Meldepflicht, es wurden Fälle aus allen Bundesländern übermittelt. Ein Grund für die regionalen Unterschiede könnte die noch relativ neue und komplexe Meldepflicht und bereits vorher vorhandene länderspezifische Meldepflichten zu resistenten Erregern (z. B. in Hessen) sein.

### Literaturhinweise

- WHO (2018): *Global antimicrobial resistance surveillance system (GLASS) report, Early implementation 2016–2017. Supplementary materials.* [www.who.int/glass/resources/publications/early-implementation-report/en](http://www.who.int/glass/resources/publications/early-implementation-report/en)
- ECDC (2017): *Antimicrobial resistance surveillance in Europe 2016. Annual Report of the European Antimicrobial Resistance Surveillance Network (EARS-Net).* <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/antimicrobial-resistance-surveillance-europe-2016>
- WHO (2017): *Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics.* [www.who.int/medicines/publications/global-priority-list-antibiotic-resistant-bacteria/en](http://www.who.int/medicines/publications/global-priority-list-antibiotic-resistant-bacteria/en)
- WHO (2017): *Guidelines for the prevention and control of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae, Acinetobacter baumannii and Pseudomonas aeruginosa in health care facilities.* [www.who.int/infection-prevention/publications/guidelines-cre/en](http://www.who.int/infection-prevention/publications/guidelines-cre/en)
- Noll I, Abu Sin M, Eckmanns T: *Vergleich mit europäischen Daten.* Dtsch Ärztebl 2017; 114:A-2209.
- ECDC (2016): *Rapid risk assessment: Carbapenem-resistant Enterobacteriaceae.* <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-carbapenem-resistant-enterobacteriaceae-14-april-2016>
- WHO (2015): *Global action plan on antimicrobial resistance.* [www.who.int/antimicrobial-resistance/publications/global-action-plan/en](http://www.who.int/antimicrobial-resistance/publications/global-action-plan/en)
- Lübbert C, Lippmann N, Busch T, et al.: *Long-term carriage of Klebsiella pneumoniae carbapenemase-2-producing K pneumoniae after a large single-center outbreak in Germany.* Am J Infect Contr 2014; 42:376–380.
- Empfehlung der Kommission für Krankenhaushygiene und Infektionsprävention (KRINKO) beim Robert Koch-Institut (RKI): *Hygienemaßnahmen bei Infektionen oder Besiedlung mit multiresistenten gramnegativen Stäbchen.* Bundesgesundheitsbl 2012; 55:1311–1354.
- Pfennigwerth N: *Bericht des Nationalen Referenzzentrums (NRZ) für gramnegative Krankenhauserreger, Zeitraum 1. Januar 2016 bis 31. Dezember 2016.* Epid Bull 2017; 26:229–233.

## 6.16 Fleckfieber

### Kurzbeschreibung

Fleckfieber ist eine akute fieberhafte Erkrankung mit Hautausschlag, die durch das Bakterium *Rickettsia prowazekii* verursacht wird. Es wird durch Läuse übertragen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch findet nicht statt.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurde dem RKI aus Nordrhein-Westfalen eine Erkrankung an Fleckfieber übermittelt. Betroffen war ein 25-jähriger Mann, der 10 Tage nach Rückkehr aus Vietnam erkrankte. Als Erreger wurde *Rickettsia prowazekii* serologisch nachgewiesen.

In den Jahren 2016 und 2003 wurde jeweils eine serologisch-diagnostizierte Fleckfieber-Erkrankung übermittelt, zuvor 2 Erkrankungen im Jahr 2001.

Alle bisher bekannten Erkrankungen wurden nicht in Deutschland erworben.

## 6.17 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 485
- ▶ im Vergleich zum Vorjahr Anstieg der Fallzahlen um 40 %
- ▶ Inzidenz am höchsten bei 50- bis 59-Jährigen, Männer stärker betroffen als Frauen
- ▶ Inzidenz wie in den Vorjahren in Bayern und Baden-Württemberg am höchsten
- ▶ 52 % der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 83 % hospitalisiert
- ▶ Mehrzahl der Erkrankten (97 %) gar nicht oder unzureichend geimpft
- ▶ Eine Häufung (8 Erkrankte) mit alimenter Übertragung des FSME-Virus durch unbehandelte Ziegenmilch

### Kurzbeschreibung

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) wird durch das FSME-Virus verursacht, das durch Zecken auf den Menschen übertragen wird – in Deutschland durch die Spezies *Ixodes ricinus*, umgangssprachlich der Gemeine Holzbock. Der typische Verlauf einer FSME-Erkrankung ist biphasisch und beginnt mit unspezifischen, allgemeinen Krankheitszeichen, wie Fieber, Gliederschmerzen, Übelkeit und Erbrechen (Inkubationszeit meist 7 bis 14 Tage). Nach einem kurzen Intervall von ca. einer Woche folgen die spezifischen neurologischen Manifestationen der FSME (Meningitis, Enzephalitis, Myelitis).

Ein hoher Anteil der Infektionen verläuft jedoch asymptomatisch oder die zweite Krankheitsphase bleibt aus, Schätzungen gehen von 70 bis 95 % aus. Die verfügbaren Totimpfstoffe bieten einen effektiven Schutz gegen FSME.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.17.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 erfüllten 485 der 505 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Anzahl der Erkrankungen im Vergleich zum Vorjahr um 138 Erkrankungen (40 %) gestiegen (s. Tab. 6.17.1). Entsprechend der Aktivität der übertragenden Zecken wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätherbst übermittelt; 382 der 485 Erkrankungen (79 %) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.17.1).

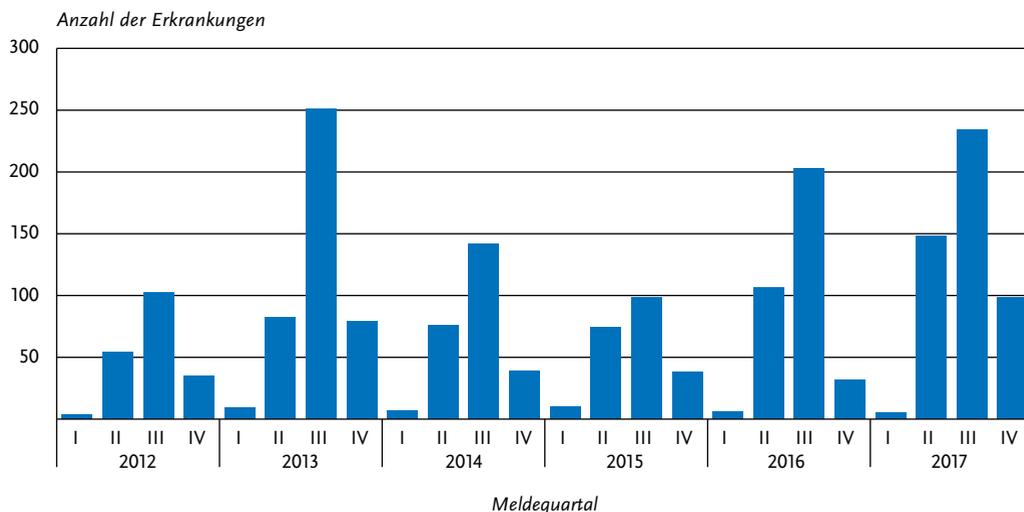
### Geografische Verteilung

Wie in den Vorjahren lagen die Inzidenzen der übermittelten FSME-Erkrankungen in Baden-Württemberg und Bayern deutlich höher als in den anderen Bundesländern (s. Abb. 6.17.2). In diesen beiden Bundesländern liegen 126 der 146 im Jahr 2017 als Risikogebiete eingestuft Kreise. Einzelne Risikogebiete liegen auch in Hessen, Rheinland-Pfalz, dem Saarland, Thüringen und Sachsen. An dieser Stelle wird auf eine kartografische Darstellung der Verteilung verzichtet und stattdessen auf die jährlich im Epidemiologischen Bulletin veröffentlichte Karte der Risikogebiete für FSME verwiesen. Für diese Karte werden ne-

Tab. 6.17.1: Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	347	97 %	485	96 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	6	2 %	15	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	6	2 %	5	1 %
alle	359	100 %	505	100 %
Referenzdefinition (C)	347	97 %	485	96 %

**Abb. 6.17.1:**  
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017 (n=1.932)



ben den Meldezahlen zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie Fallzahlen der vergangenen Jahre berücksichtigt.

Im Vergleich zum Median der Vorjahre 2012 bis 2016 nahm die Fallzahl pro 100.000 Einwohner in allen o.g. Bundesländern mit Risikogebieten zu, in Hessen jedoch nur geringfügig. Wie in den Vorjahren war die Inzidenz in Baden-Württemberg und Bayern mit 1,7 bzw. 1,8 Erkr./100.000 Einw. am höchsten (s. Abb. 6.17.2).

Für 436 von 446 Erkrankungen, bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war, wurde ausschließlich Deutschland genannt, bei jeweils 3 Erkrankungen Österreich und Tschechien, bei 2 Erkrankungen Finnland und bei einer die Slowakei. Bei einer Erkrankung wurden neben Deutschland Italien und die Tschechische Republik als wahrscheinliche Infektionsländer genannt. Für 39 Erkrankungen (8,0 %) wurde kein Infektionsland angegeben.

### Demografische Verteilung

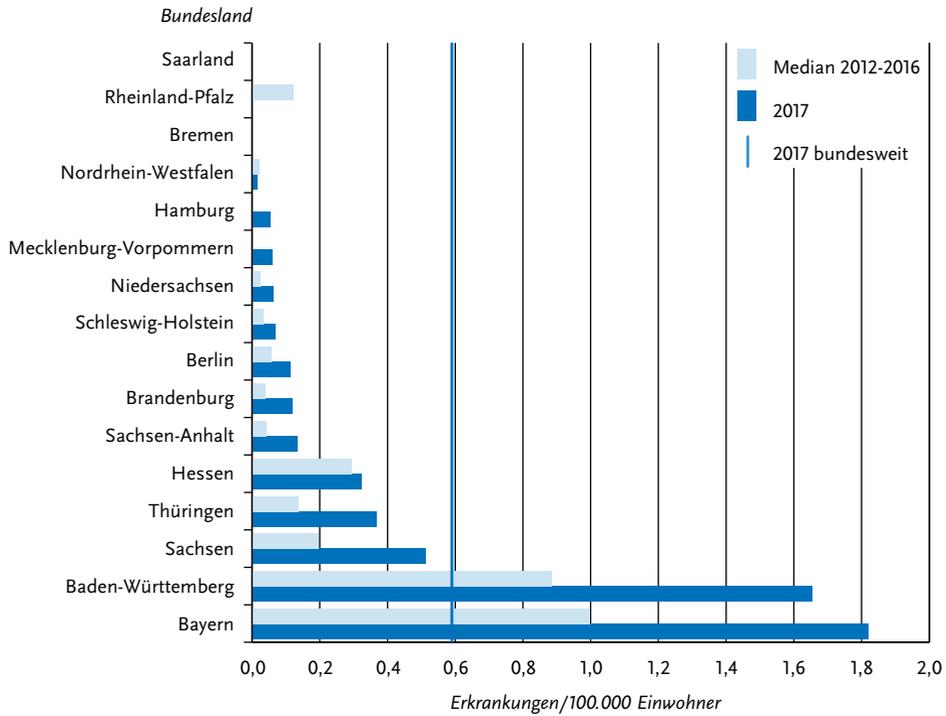
Die Inzidenz lag wie in den Vorjahren insgesamt bei männlichen Personen (0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) höher als bei weiblichen (0,4). Betrachtet man die Altersgruppen einzeln, so ist allein bei der Altersgruppe 15 bis 19 Jahre die Inzidenz bei Frauen höher als bei Männern. Die

höchsten Inzidenzen wurden mit 1,3 Erkr./100.000 Einw. bei Männern in der Altersgruppe 50 bis 59 Jahre beobachtet, gefolgt von 1,1 Erkr./100.000 Einw. bei Männern in den Altersgruppen 60 bis 69 und 70 bis 79 Jahre (s. Abb. 6.17.3).

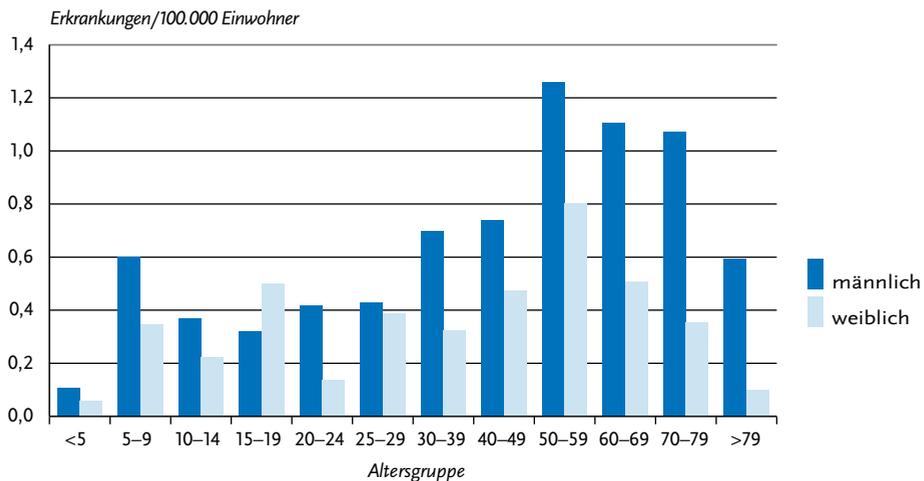
### Klinische Aspekte

Bei allen 485 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 14 der 31 (45 %, Vorjahr 42 %) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 12 Erkrankungen handelte es sich dabei um eine Meningitis und bei zwei Kindern um eine Enzephalitis in Kombination mit einer Meningitis. Von den 454 erkrankten Personen 15 Jahre und älter hatten 240 (53 %; Vorjahr: 51 %) eine Beteiligung des ZNS. In dieser Altersgruppe hatten 142 Erkrankte (31 %) eine isolierte Meningitis. Bei 87 Erkrankten (19 %) wurde eine Enzephalitis angegeben, davon hatten 38 zusätzlich eine Meningitis, 2 Erkrankte zusätzlich eine Myelitis und 7 Erkrankte zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Bei 3 Erkrankten trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Weitere 8 Erkrankte (2 %) hatten eine isolierte Myelitis; somit wurde bei 20 Erkrankten (4 %), die 15 Jahre oder älter waren, mit der Myelitis eine besonders schwere Manifestation der FSME angegeben.

**Abb. 6.17.2:**  
**Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=485)**  
**im Vergleich mit den Vorjahren**



**Abb. 6.17.3:**  
**Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017**  
**(n=484)**



Bei den 485 übermittelten Erkrankungen wurde bei 403 (83 %) eine Hospitalisierung angegeben. Bei Erkrankten mit Beteiligung des ZNS (254) wurde häufiger (238, 94 %) eine Hospitalisierung angegeben als bei Erkrankten, bei denen nur allgemeinen Krankheitssymptome angegeben wurden (165/231, 71%). Es wurde kein durch FSME verursachter Todesfall übermittelt.

### **Impfstatus**

Eine vollständige Grundimmunisierung zum Schutz vor einer FSME besteht aus insgesamt 3 Impfungen mit zeitlichen Abständen entsprechend der Impfschemata der Hersteller. Ein zeitlich begrenzter Schutz (ca. 5 bis 12 Monate) besteht für einen hohen Anteil der Impflinge bereits nach der 2. Impfdosis des aus 3 Impfdosen bestehenden Standardimpfschemas für die Grundimmunisierung. Nach der Grundimmunisierung ist für beide Impfstoffe die erste Auffrischimpfung nach 3 Jahren empfohlen, danach Auffrischimpfungen im Abstand von 5 Jahren (Alter < 50 Jahre (Impfstoff Encepur®) bzw. Alter < 60 Jahre (Impfstoff FSME-Immun®)) oder 3 Jahren (Alter 50 Jahre oder älter (Impfstoff Encepur®) bzw. 60 Jahre oder älter (Impfstoff FSME-Immun®)). Ein ausreichender, aber zeitlich begrenzter Immunschutz (s. o.) wird ab 3 Wochen nach  $\geq 2$  Impfdosen angenommen.

Der Nachweis von IgM-Antikörpern zusammen mit länger anhaltenden IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als labordiagnostische Bestätigung einer akuten Infektion gewertet. Nach einer Impfung können IgM-Antikörper jedoch bis zu 8 Monate persistieren. Findet die serologische Diagnose der Erkrankung daher in den Monaten nach einer Impfung statt, kann eine Fehldiagnose nicht sicher ausgeschlossen werden. Zudem hat eine in Bayern durchgeführte Studie gezeigt, dass sich FSME-Diagnosen bei Personen mit vorausgegangen Impfung durch weitere Untersuchungen in einem spezialisierten Labor häufig nicht bestätigen lassen. Bei Auftreten einer Infektion trotz Impfung zeigt der Verlauf der FSME-spezifischen Antikörper ein charakteristisches Muster, das durch geeignete Diagnosemethoden untersucht werden kann. Eine FSME-Diagnose bei Personen mit FSME-Impfanamnese sollte daher immer mittels einer akuten und einer konvaleszenten Serumprobe durch ein spezialisiertes Labor bestätigt werden.

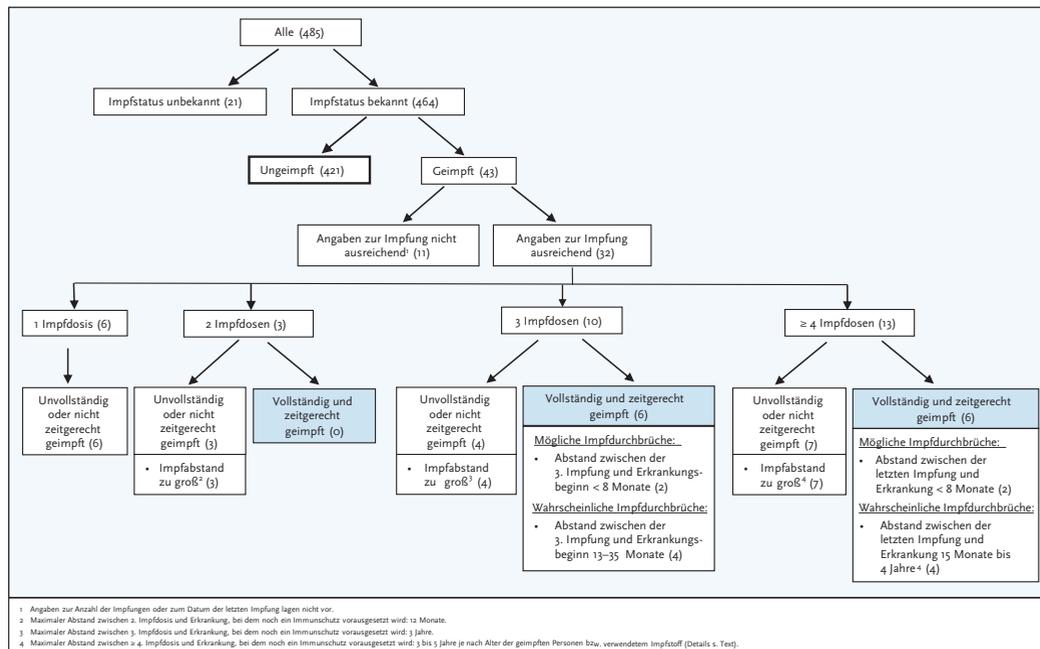
Von den 485 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 464 (96 %) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 43 (9 %) als geimpft und 421 (91 %) als nicht geimpft übermittelt. Von den 43 geimpften Erkrankten lagen bei 32 (74 %) die Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung vollständig vor, sodass der Immunschutz bei insgesamt 453 Erkrankten (421 Ungeimpfte und 32 Erkrankte mit ausreichenden Angaben zur Impfung) bewertet werden konnte.

Von den 32 geimpften Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus wurden 20 (63 %) als unzureichend geimpft eingestuft (6 Erkrankungen mit einer Impfdosis und 14 mit 2 oder mehr Impfdosen, bei denen der Abstand zwischen dem Erkrankungsbeginn und der letzten Impfdosis zu lang war (s. Abb. 6.17.4)); die übrigen 12 (38 % der Erkrankten mit bewertbarem Impfstatus) wurden als vollständig geimpft eingestuft. Bei 6 Erkrankten, die 3 Impfdosen erhalten hatten, lag die letzte Impfung < 3 Jahre vor der Erkrankung. Von diesen wurden 2 als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft (letzte Impfdosis vor < 8 Monaten) und 4 als wahrscheinliche Impfdurchbrüche (letzte Impfdosis vor 13–35 Monaten); diese wurden daher als wahrscheinliche Impfdurchbrüche eingestuft. Weitere 6 Erkrankte hatten 4 und mehr Impfdosen erhalten. Von diesen wurden 2 als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft (letzte Impfdosis vor weniger als 8 Monaten) und 4 als wahrscheinliche Impfdurchbrüche (bei 3 Erkrankten lag die letzte Impfung 15 Monate und bei einem 27-Jährigen lag sie 4 Jahre zurück). Von den 12 Erkrankten mit vollständigem Impfstatus hatten 4 keine ZNS-Symptome, 4 eine Meningitis, einer eine Meningitis und Enzephalitis und 3 eine Myelitis in Zusammenhang mit einer Enzephalitis.

### **Ausbrüche**

Insgesamt 8 der 485 übermittelten FSME-Erkrankungen (1,6 %) traten im April im Rahmen einer Häufung auf. Es handelte sich hier um eine alimentäre Übertragung des FSME-Virus durch unbehandelte Ziegenmilch im Landkreis Tübingen. Die erkrankten Personen waren zwischen 8–43 Jahre alt und nicht gegen FSME geimpft. Bei keinem Erkrankten wurden ZNS-Symptome angegeben. Ein Erkrankter wurde hospitalisiert.

Abb. 6.17.4:  
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=485)



### Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 26% der als geimpft übermittelten Erkrankungen wichtige Angaben wie z. B. das Impfdatum, die Anzahl der Impfungen oder der Erkrankungsbeginn, ohne die der Impfstatus nicht beurteilt werden kann. Ferner fehlt bei 9% der 485 übermittelten Erkrankungen die Angabe des Landes bzw. des Landkreises, in dem die Infektion wahrscheinlich erworben worden ist, die für die Erstellung der jährlichen Karte der FSME-Risikogebiete unerlässlich ist.

### Fazit

Die Anzahl übermittelter FSME-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr um 40% zugenommen; sie unterliegt seit ihrer Erfassung stärkeren Schwankungen. Die Gründe sind vermutlich multifaktoriell: klimatische und ökologische Faktoren beeinflussen sowohl die Aktivität und den Lebenszyklus der Zecken als auch die Population der Wirtstiere. Das Freizeitverhalten der

Menschen beeinflusst das Risiko, mit Zecken in Berührung zu kommen und wird ebenfalls von der Wetterlage sowie durch Veränderungen des Lebensstils beeinflusst. Nicht zuletzt können die Erkrankungszahlen auch durch das Bewusstsein für die Krankheit sowie durch das Meldeverhalten beeinflusst sein.

Ungewöhnlich war dieses Jahr ein Ausbruch mit 8 FSME-Fällen, der durch Rohmilch verursacht war. Die Übertragung des FSME-Virus durch Rohmilch wurde in Deutschland seit Implementierung des IFSG im Jahr 2001 bereits einmal im Jahr 2016 bei 2 Touristen verursacht durch den Verzehr von Ziegenmilch-Frischkäse beschrieben. Der nun im Jahr 2017 erfasste größere Ausbruch unterstreicht noch eindrücklicher, dass Rohmilchverzehr auch im Hinblick auf eine mögliche FSME-Infektion unbedingt vermieden werden sollte.

Hervorzuheben bleibt, dass die Mehrzahl aller an FSME Erkrankten ungeimpft oder unvollständig geimpft war und mit hoher Wahrscheinlichkeit durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz hätte vermieden werden können.

## Literaturhinweise

- Caini S, Szomor K, Ferenczi E, Székelyné GÁ, Csohán Á, Krisztalovics K, et al. *Tick-borne encephalitis transmitted by unpasteurised cow milk in western Hungary, September to October 2011*. Euro Surveill. 2012. doi: 10.2807/ese.17.12.20128-en
- Estrada-Pena A, de la Fuente J: *The ecology of ticks and epidemiology of tick-borne viral diseases*. Antiviral Res 2014; 108:104–128.
- Lindquist L, Vapalahti O: *Tick-borne encephalitis*. Lancet 2008; 371:1861–1871.
- Ruzek D, Doblér G, Donoso Mantke O: *Tick-borne encephalitis: pathogenesis and clinical implications*. Travel Med Infect Dis 2010; 8:223–232.
- Stiasny K, Holzmann H, Heinz FX: *Characteristics of antibody responses in tick-borne encephalitis vaccination breakthroughs*. Vaccine 2009; 27:7021–7026.
- RKI: *Aktuelle Karte der FSME-Risikogebiete in Deutschland*. Epid Bull 2018; 17:168–169.
- RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: April 2018). Bewertung des örtlichen Erkrankungsrisikos*. Epid Bull 2018; 17:161–173.
- RKI: *Fünfjahresinzident der Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) in Kreisen und Kreisregionen, Deutschland, 2002–2017*. Epid Bull 2018; 17 (Anlage).
- RKI: *Ergebnisse der bayerischen FSME-Studie 2007: Hohe diagnostische Sicherheit bei gemeldeten Fällen, aber zusätzliche Untersuchungen notwendig bei Patienten mit früherer FSME-Impfung*. Epid Bull 2011; 17:142–145.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.

## 6.18 Giardiasis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **3.338**
- ▶ Seit 2011 kontinuierliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ 55 % der Infektionen im Ausland erworben
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen, überwiegend männliche Personen betroffen,
- ▶ 45 Ausbrüche mit 101 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem weltweit verbreiteten Dünndarmparasiten *Giardia lamblia* kann unauffällig verlaufen, aber auch zu lang andauernden

und über Jahre wiederkehrenden Durchfällen und Oberbauchbeschwerden mit Gewichtsabnahme sowie ausgeprägtem Meteorismus führen. Im Meldesystem werden jedoch nur die akuten Infektionen erfasst. Der Parasit wird fäkal-oral durch direkten Kontakt, Nahrungsmittel oder Trinkwasser übertragen.

### Falldefinition

Die Falldefinition für Giardiasis wurde 2015 angepasst. Seitdem erfüllt neben dem mikroskopischen Nachweis und Antigennachweis auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) die Kriterien für die labor diagnostische Bestätigung. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.18.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 3.338 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 153 (4 %) weniger als im Vorjahr. Entsprechend sank die Gesamtinzidenz leicht auf 4,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner gegenüber dem Vorjahr (4,2).

### Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich und lag zwischen 1,7 Erkr./100.000 Einw. im Saarland und 12 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.18.1). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 4,1 lagen außer Berlin auch Hamburg (7,6), Sachsen (6,7), Mecklenburg-Vorpommern (5,9), Sachsen-Anhalt (4,8), Bayern (4,4) und Brandenburg (4,2).

Bei 2.188 Erkrankungen (66 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von 2.298 Nennungen betrafen 45 % Deutschland, im Vorjahr 50 %. Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden am häufigsten Indien (226 Nennungen), Spanien (52), Thailand (47), Kolumbien (38) und Italien (33) genannt (s. Tab. 6.18.2).

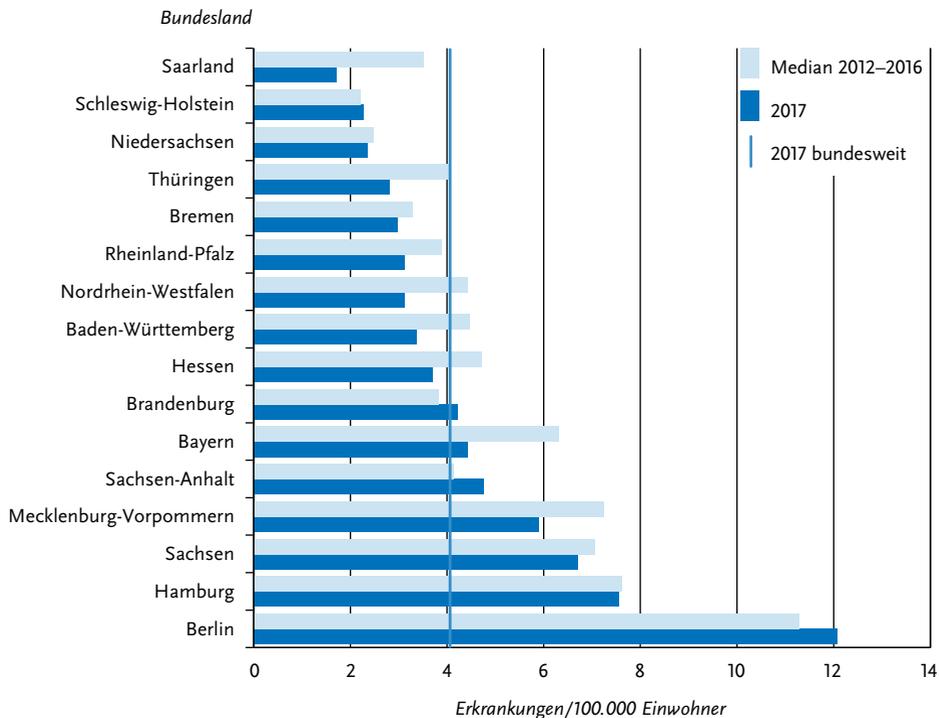
### Demografische Verteilung

Die Inzidenz ist bei Kleinkindern besonders hoch. Mit 7,7 Erkr./100.000 Einw. trat die höchste altersspezifische Inzidenz bei 2-jährigen Kindern auf (s. Abb. 6.18.2). Besonders betroffen waren auch junge Erwachsene; ein zweiter Inzidenzgipfel war mit 6,5 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe von 25 bis 29 Jahren zu verzeichnen. Männliche

Tab. 6.18.1:  
Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	12	0 %	9	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.479	75 %	3.329	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	402	9 %	261	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	754	16 %	701	16 %
alle	4.647	100 %	4.300	100 %
Referenzdefinition (B+C)	3.491	75 %	3.338	78 %

Abb. 6.18.1:  
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=3.338)  
im Vergleich mit den Vorjahren



Personen erkrankten insgesamt häufiger (4,7 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (3,4); besonders ausgeprägt war dieser Unterschied bei Erwachsenen im Alter von 30 bis 59 Jahren.

### Ausbrüche

Es wurden 45 (2016: 46) Ausbrüche übermittelt. Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 101 (2016: 118). Es gab keinen Ausbruch mit mehr als 4 Erkrankungen, was insbesondere auf Übertragungen im Haushalt schließen lässt.

**Tab. 6.18.2:**  
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2017 (Mehrfachnennungen möglich, 2.188 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.030	45%
Indien	226	10%
Spanien	52	2%
Thailand	47	2%
Kolumbien	38	2%
Italien	33	1%
Nepal	31	1%
Ägypten	31	1%
Türkei	31	1%
Tansania	31	1%
Andere	748	33%
<b>Summe</b>	<b>2.298</b>	<b>100%</b>

### Datenqualität

Seit Einführung des IfSG ist bei allen labordiagnostisch bestätigten Giardiasis-Erkrankungen der Anteil der Fälle, die ausschließlich durch Mikroskopie diagnostiziert wurden, zu Gunsten der Anwendung von sensitiveren Antigentests zurück-

gegangen. Seit der Anpassung der Falldefinition 2015 werden außerdem Erkrankungen berücksichtigt, die mittels des sensitiven Nukleinsäurenachweises (z. B. PCR) diagnostiziert wurden. Es ist zu erwarten, dass diese Nachweismethode in den kommenden Jahren weiter an Bedeutung gewinnen wird. Im Jahr 2017 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 60 % ausschließlich Antigentest; 21 % ausschließlich Mikroskopie; 10 % ausschließlich PCR sowie 10 % Kombination von Antigentest und Mikroskopie.

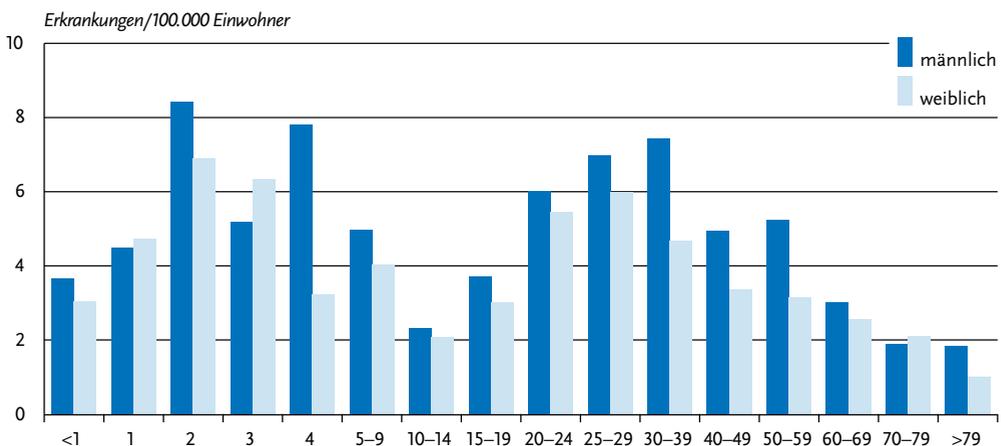
### Fazit

Giardiasis ist eine klassische reiseassoziierte Krankheit mit einem hohen Anteil von dokumentierten Infektionen ausserhalb Deutschlands. Dies spiegelt sich auch in der Altersverteilung der übermittelten Giardiasis-Erkrankungen wider. Kleinkinder haben ein erhöhtes Risiko der Aufnahme der Parasiten aus ihrer Lebensumwelt. Mikroskopie-unabhängige Verfahren haben mittlerweile bei der Diagnostik einen hohen Anteil.

### Literaturhinweise

Heudorf U, Karathana M, Krackhardt B, et al.: *Surveillance von 2015 in Deutschland angekommenen, unbegleiteten minderjährigen Asylsuchenden auf Parasiten.* GMS Hyg Infect Control 2016; 11. doi: 10.3205/dgkh000265

**Abb. 6.18.2:**  
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=3.322)



- Gallas-Lindemann C, Sotiriadou I, Plutzer J, Karanis P: *Prevalence and distribution of Cryptosporidium and Giardia in wastewater and the surface, drinking and ground waters in the Lower Rhine, Germany*. *Epidemiol Infect* 2013; 141:9–21.
- Espelage W, an der Heiden M, Stark K, Alpers K: *Characteristics and risk factors for symptomatic Giardia lamblia infections in Germany*. *BMC Public Health* 2010; 10:41.

## 6.19 *Haemophilus influenzae*, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 811
- ▶ Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 59 Jahren
- ▶ Häufige Symptome sind Fieber (67%), Lungenentzündung (58%) und Sepsis (34%)
- ▶ Impfdurchbrüche gegen den impfpräventablen Kapseltyp b sind sehr selten

### Kurzbeschreibung

Bakterien der Spezies *Haemophilus influenzae* verursachen insbesondere invasive Erkrankungen wie Blutvergiftungen und Entzündungen der Hirnhaut, der Lunge, des Kehlkopfdeckels, des Knochen- und Muskelgewebes. Die Übertragung

erfolgt durch Tröpfchen oder direkten Kontakt. *Haemophilus influenzae* können als bekapselte (Kapseltypen a bis f) oder unbekapselte Bakterien auftreten. Da sich die Impfung nur gegen den Kapseltyp b (Hib) richtet, ist für die Einschätzung der Wirksamkeit der Impfung und möglicher Auswirkungen auf die Kapseltypenverteilung eine Typisierung notwendig. Anhand der Typisierung können bekapselte (»typisierbare«) von unbekapselten (»nicht typisierbare«) Stämmen unterschieden werden. Gegen den Kapseltyp b wird in Deutschland seit 1990 eine Standardimpfung im Säuglings- und Kleinkindalter empfohlen.

### Falldefinition

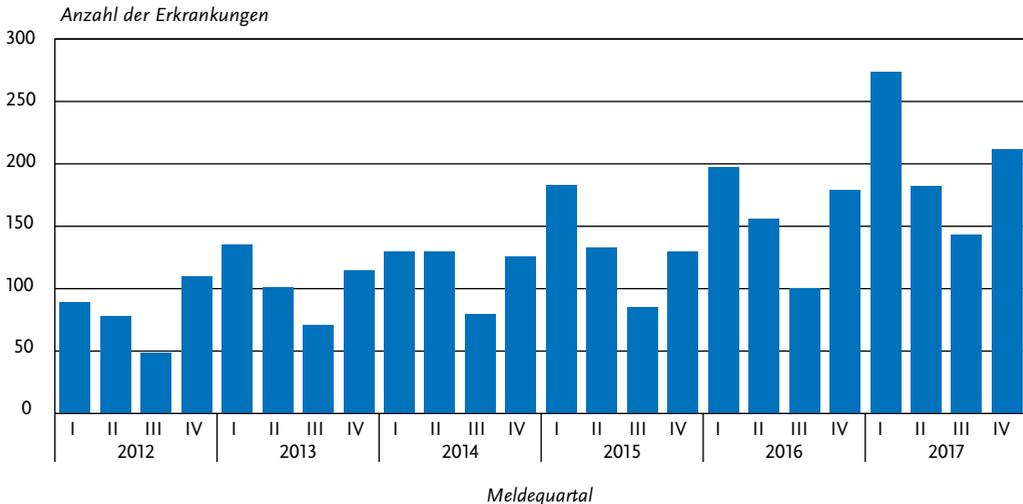
Im Rahmen des IfSG sind nur die invasiven Infektionen meldepflichtig, die durch Nachweis von *Haemophilus influenzae* in Blut oder Rückenmarksflüssigkeit (Liquor) diagnostiziert werden. Neben der Falldefinitions-kategorie B (klinische-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen) und C (klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen) erfüllen auch alle weiteren labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefinitions-kategorien D und E). Für das Jahr 2017 wurden 811 Fälle erfasst und übermittelt. Die mit Abstand meisten Fälle wurden mit der Falldefinitionskategorie C (83%) übermittelt, deren Anteil im Vergleich zum Vorjahr konstant blieb (2016: 87%) (s. Tab. 6.19.1).

Tab. 6.19.1: Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	1	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	557	87%	678	83%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	29	5%	59	7%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	54	8%	77	9%
alle	640	100%	815	100%
<b>Referenzdefinition (B+C+D+E)</b>	<b>627</b>	<b>98%</b>	<b>811*</b>	<b>100%</b>

\* 4 Fälle wurden gemäß einer Falldefinitionsversion übermittelt, die vor 2015 gültig war.

**Abb. 6.19.1:**  
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017



### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurde mit 81 übermittelten invasiven *Haemophilus-influenzae*-Fällen die Vorjahreszahl erneut übertroffen und der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen bestätigt. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Fallzahl um nahezu 30 % gestiegen. Die Fallzahlen zeigten wie in den Vorjahren einen saisonalen Verlauf mit den niedrigsten Fallzahlen jeweils im III. Quartal (s. Abb. 6.19.1).

### Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,6 und 1,6 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 1,0 (Median der Vorjahre: 0,5). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. Außer im Saarland lag in allen Bundesländern die Inzidenz höher als im Median der Vorjahre, vor allem in Bremen, Sachsen, Berlin, Hamburg und Nordrhein-Westfalen wurden, verglichen mit den Jahren zuvor, im Jahr 2017 mehr als doppelt so hohe Inzidenzen beobachtet (s. Abb. 6.19.2). Für 417 Fälle (51%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 99% der Nennungen entfielen auf Deutschland.

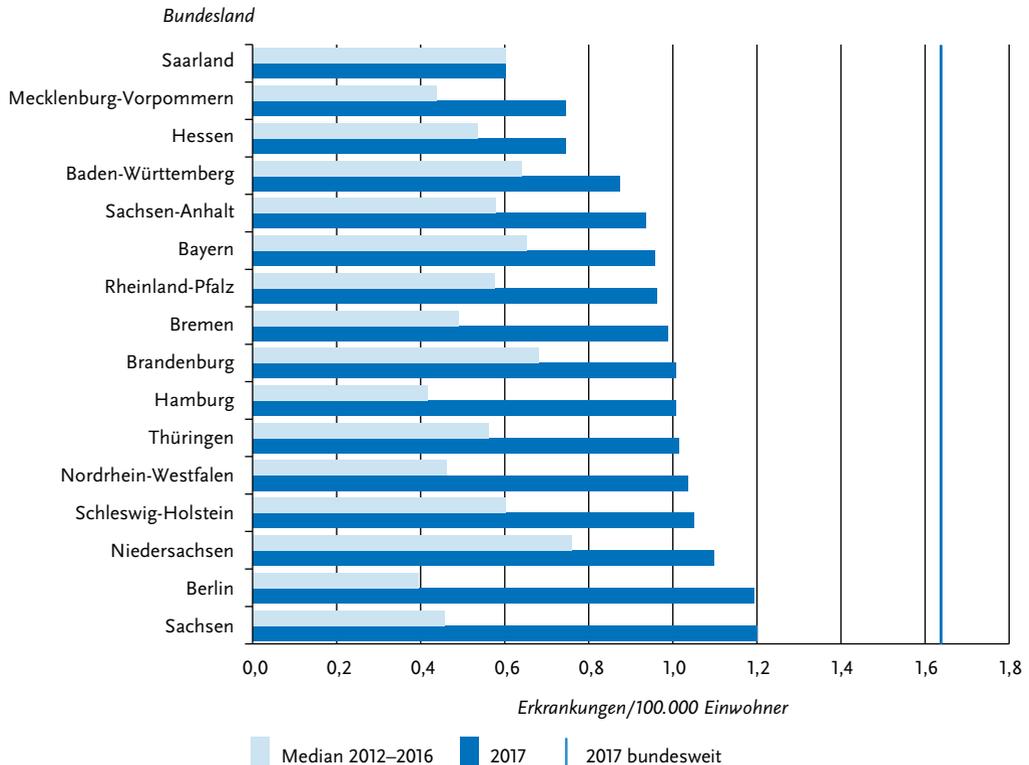
### Demografische Verteilung

An einer invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektion erkrankten vor allem Säuglinge und Kleinkinder im Alter < 5 Jahren und ältere Menschen > 59 Jahre (s. Abb. 6.19.3). Etwa 5% (n=40) der übermittelten Fälle betrafen Kinder unter 5 Jahren, mehr als drei Viertel (77%; n=623) der Fälle sind bei Erwachsenen > 59 Jahre aufgetreten. Mit steigendem Alter nahm die Inzidenz bei den alten Menschen deutlich zu und stieg von 1,3 Fällen/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 2,6 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 6,0 bei den > 79-Jährigen an. Die Gesamtinzidenz bei den > 69-Jährigen stieg von 0,3 Erkrankungen/100.000 Einw. in 2007 auf 3,9 Erkrankungen/100.000 Einw. in 2017 an und erhöhte sich damit um das 13-fache. Dagegen stieg die Inzidenz bei < 5-Jährigen im Verhältnis nur moderat um den Faktor 2 (2007: 0,5; 2017: 1,1).

Obwohl das Geschlechterverhältnis generell ausgewogen war (Inzidenz Männer 1,01 und Frauen 0,97), fällt insbesondere bei Jungen im Alter von 1 bis 3 Jahren und Männern ab dem Alter  $\geq 70$  Jahren eine höhere Inzidenz als bei Mädchen und Frauen auf (s. Abb. 6.19.3).

Abb. 6.19.2:

Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=811) im Vergleich mit den Vorjahren



### Nachgewiesene Erreger

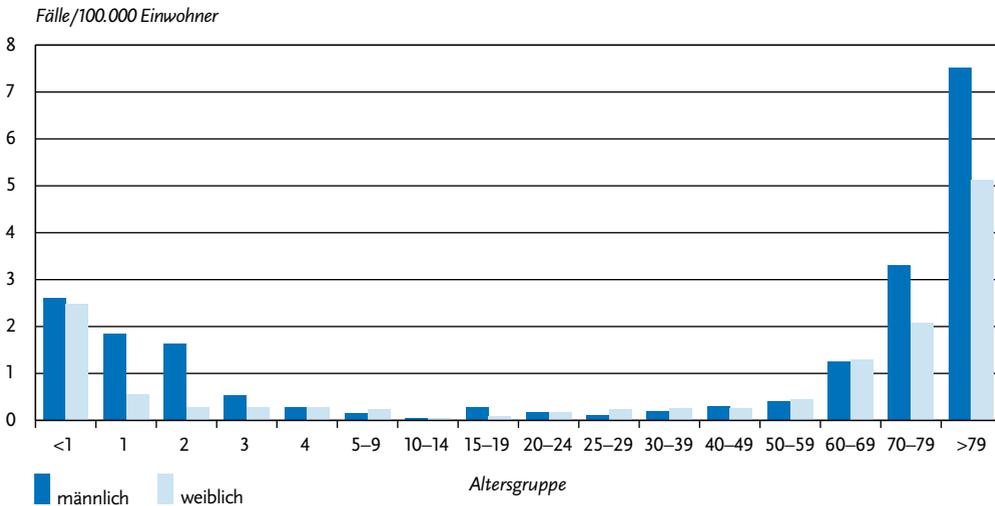
Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung blieb zum Vorjahr konstant. Für das Jahr 2017 lag bei 65% (n=530) der Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor, davon wurde jedoch bei 131 Fällen (25%) das Typisierungsergebnis mit »andere/sonstige« nicht weiter spezifiziert. Bei 399 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei handelte es sich in 45 Fällen (11%) um den Typ f, 27-mal (6,8%) wurde der Typ non-b angegeben, in 19 Fällen (4,8%) der impfpräventable Typ b, 7-mal (1,8%) der Typ e und 3-mal der Typ a (0,8%); 298-mal (75%) wurde ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) gefunden.

### Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 679 (84%) Erkrankungen vor. Die am häufigsten übermittelten Symptome waren (bei Mehrfachnennung) Fieber in 452 Fällen (67%), Lungenentzündung in 393 Fällen (58%) und ein septisches Krankheitsbild in 231 Fällen (34%). Daneben traten 120-mal (18%) Nackensteifigkeit, Erbrechen oder veränderte Bewusstseinslage auf.

Es wurden 43 Todesfälle (5,3%) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. Ein Todesfall betraf ein Neugeborenes, welches kurz nach der Geburt aufgrund einer NTHi-bedingten Chorioamnionitis an einer Sepsis verstarb. Die übrigen verstorbenen Fälle waren zwischen 48 bis 96 Jahre alt; das mediane Alter betrug 81 Jahre.

Abb. 6.19.3:  
Übermittelte invasive *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=809)



### Impfstatus

Die Impfung gegen den Kapseltyp b ist bereits im ersten Lebensjahr allgemein empfohlen: In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff (monovalenter Impfstoff bzw. Kombinationsimpfstoff) gehören 2 (oder 3) Impfstoffdosen im Alter von 2, (3) und 4 Monaten sowie eine Boosterdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zur Grundimmunisierung. Für Patienten mit einer funktionellen oder erworbenen Asplenie ist eine Hib-Impfstoffdosis empfohlen, wenn im Vergleich zu den Vorjahren bisher noch nicht gegen Hib geimpft wurde.

Für die Auswertung des Impfstatus werden mit der Anzahl der erhaltenen Impfstoffdosen sowie der Art und dem Datum der letzten Impfung Angaben benötigt, die zuverlässig nur einer Arztdokumentation wie z. B. dem Impfpass des Patienten zu entnehmen sind. Außerdem gehört die Ermittlung des Kapseltyps zur Bewertung des möglichen Impfschutzes.

Da die Impfung erst seit 1990 verfügbar ist, wurde die Auswertung des Impfstatus auf die 72 erkrankten Personen im Alter von 0 bis 27 Jahren beschränkt.

Von den 72 Personen in dieser Altersgruppe waren 24 geimpft und 31 ungeimpft; 17 Fälle waren ohne Angabe zum Impfstatus. Von den 24 Ge-

impften lagen für 20 ausreichende Angaben zur Auswertung vor: 7 von ihnen waren vollständig geimpft. Für 5 der 7 vollständig geimpften Personen lagen Informationen zum Kapseltyp vor. Einmal handelte es sich dabei um den Kapseltyp b und damit um einen wahrscheinlichen Impfdurchbruch. In diesem Fall handelte es sich um einen 3 Jahre alten Jungen mit einer Leukämie-Erkrankung und den Symptomen Sepsis, Fieber und Erbrechen. Bei den anderen 4 Fällen handelte es sich um nicht typisierbare Isolate (NTHi).

### Datenqualität

Die Vollständigkeit und Korrektheit der Angaben zum Impfstatus bei Kindern und Jugendlichen haben sich etwas verbessert. Die Kapseltypisierung, vor allem bei den von der Impfempfehlung betroffenen kindlichen Altersgruppen, wird aber weiterhin zu wenig durchgeführt oder die Ergebnisse werden nicht immer übermittelt. Da die Impfung nur gegen den Typ b schützt, können Impfdurchbrüche nur anhand vollständiger Angaben zum Impfstatus und Kapseltyp erkannt werden. Außerdem wird nur mithilfe von Typisierungsergebnissen sichtbar, ob es zu einer Veränderung im Auftreten von Kapseltypen kommt. Bei Meldungen des Nachweises von *Haemophilus*

*influenzae* aus Laboren sollten Gesundheitsämter immer eine Stammeinsendung an das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* zur kostenfreien Typisierung erbitten.

### Fazit

Invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen gehören weiterhin zu den eher seltenen meldepflichtigen Ereignissen, auch wenn ihre Zahl in den letzten Jahren kontinuierlich angestiegen ist. Wie in den Vorjahren ist bei den über 69-Jährigen weiterhin ein deutlicher Anstieg der Fallzahlen zu verzeichnen (501 Fälle 2017 gegenüber 368 Fällen 2016). Da bisher weiterhin noch von zu wenigen Fällen der Kapseltyp untersucht wurde, lässt sich derzeit nicht feststellen, ob mit der Zunahme der Fallzahlen eine Änderung des Erregerspektrums einhergeht. Da Kinder und Jugendliche nach wie vor nur äußerst selten erkranken und vorliegende Typisierungsergebnisse überwiegend Nicht-b-Erregertypen zeigen, lassen die vorhandenen Angaben den Schluss auf einen wirksamen Schutz durch die für alle Säuglinge und Kleinkinder empfohlene Hib-Impfung zu.

### Literaturhinweise

- Whittaker R, Economopoulou A, Dias J, et al.: *Epidemiology of Invasive Haemophilus influenzae Disease, Europe, 2007–2014*. Emerg Infect Dis 2017; 23:396–404.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. Epid Bull 2018; 16:151–156.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Invasive Haemophilus-influenzae-Infektionen in Deutschland*. Epid Bull 2011; 14:105–108.

## 6.20 Hantavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 1.725
- ▶ Extreme Schwankungen der Fallzahl von Jahr zu Jahr typisch, höchste Inzidenz seit 2012
- ▶ Die meisten Infektionen wurden in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern mittleren Alters

### Kurzbeschreibung

Hantaviren sind behüllte RNA-Viren, die zur Familie der *Bunyaviridae* gehören. Die Viren lassen sich 2 Gruppen zuordnen, der Hantaan-Gruppe und der Puumala-Gruppe. Zur Hantaan-Gruppe gehören unter anderem das Hantaan-Virus und das Dobrava-Virus und zur Puumala-Gruppe unter anderem das Puumala-Virus. Die Viren werden von infizierten Nagetieren über Speichel, Urin und Kot ausgeschieden. In Deutschland sind dies v. a. für Puumala-Infektionen die Rötelmaus und für Dobrava-Infektionen die Brand- und die Gelbhalsmaus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt durch die Inhalation virushaltiger Aerosole, durch den Kontakt der verletzten Haut mit kontaminiertem Staub oder durch Bisse. Die Infektion führt in Abhängigkeit vom Virustyp zu verschiedenen schweren Krankheitsbildern bis hin zu lebensbedrohenden, fieberhaften Verläufen mit massiver Blutungsneigung. Typisch für die Infektion mit in Deutschland vorkommenden Hantaviren ist die Nierenbeteiligung.

### Falldefinition

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

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 1.725 Erkrankungen, d. h. etwa 6-mal so viele wie im Vorjahr, übermittelt. Dies entspricht 2,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Mehrzahl der Fälle (81%) trat im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.20.1).

Die Dichte der Nagetierpopulationen, die das Reservoir für Hantaviren bilden, ist erheblichen

**Tab. 6.20.1:**  
Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	8	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	282	94%	1.717	95%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	2%	15	1%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10	3%	66	4%
alle	299	100%	1.806	100%
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>282</b>	<b>94%</b>	<b>1.725</b>	<b>96%</b>

jährlichen Schwankungen unterworfen. Eine Zunahme der Populationsdichte tritt in mehrjährigen Zyklen auf und wird u. a. durch klimatische Faktoren sowie das Nahrungsangebot (Buchenmast im jeweiligen Vorjahr) beeinflusst.

#### Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Hantavirus-Erkrankungen wird vor allem durch die regionale Verbreitung infizierter Reservoirtiere bestimmt. Im Jahr 2017 wurden 68% aller Erkrankungen aus Baden-Württemberg (802 Erkrankungen; Inzidenz 7,4 Erkr./100.000 Einw.) und Bayern (375

Erkrankungen; Inzidenz 2,9 Erkr./100.000 Einw.) übermittelt. In allen anderen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem bundesweiten Mittelwert von 2,1 Erkr./100.000 Einwohner.

Bei 1.408 Erkrankungen (82%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 1.429 Nennungen eines Infektionslandes entfielen 1.396 (98%) auf Deutschland. Des Weiteren wurden Österreich und Spanien (jeweils 4-mal), weitere europäische sowie nicht-europäische Länder je ein- oder zweimal genannt.

**Abb. 6.20.1:**  
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017

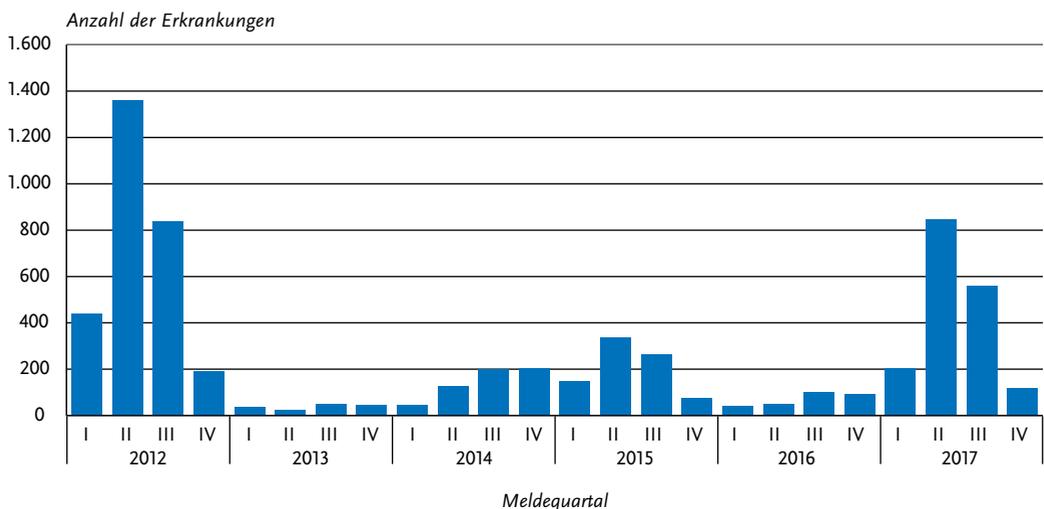
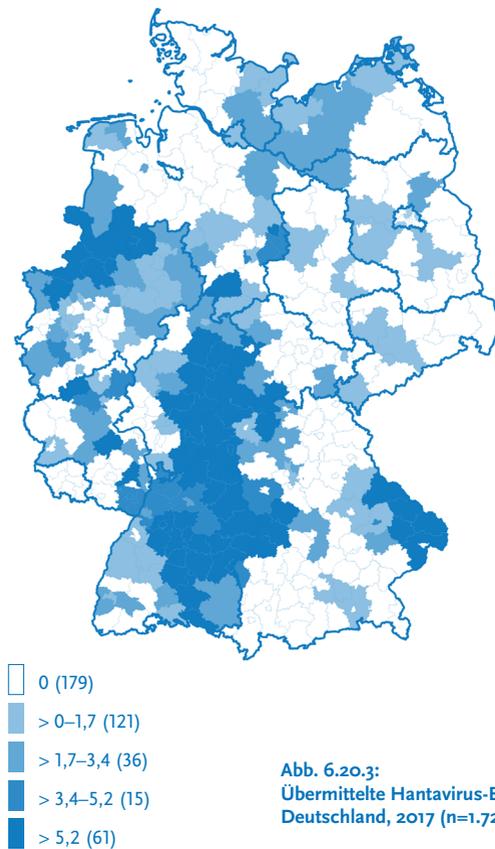


Abb. 6.20.2:  
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Kreis, Deutschland (n=1.725)



### Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen am höchsten (3,6 Erkr./100.000 Einw.). Bei unter 15-Jährigen war eine Erkrankung eher selten (1,5% der Erkrankungen, Inzidenz: 0,24). Die Erkrankten waren überwiegend männlich (69%); die höchste Inzidenz (4,7) wurde für die 50- bis 59-jährigen Männer errechnet (s. Abb. 6.20.3).

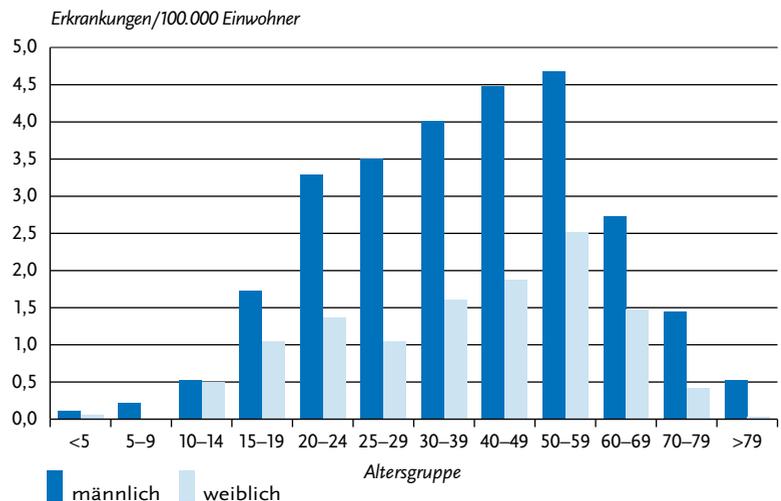
### Nachgewiesene Erreger

Für 1.177 Erkrankungen wurden Angaben zur Virus-Spezies gemacht, bei 1.129 Erkrankungen (96%) wurde das Puumala-Virus und bei 31 Erkrankungen (3%) das Dobrava-Virus angegeben. Für 548 Erkrankungen konnte auf Grundlage der überwiegend serologischen Diagnostik die Virus-Spezies nicht eindeutig zugeordnet werden. Ein großer Anteil (39%) der Dobrava-Virus-Infektionen wurde aus Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern übermittelt.

### Klinische Aspekte

Bei 1.210 Erkrankten (70%) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurden keine Todesfälle im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt.

Abb. 6.20.3:  
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=1.725)



### Datenqualität

Bei den Angaben zur Virusspezies ist zu berücksichtigen, dass serologisch eine starke Kreuzreaktivität zwischen den einzelnen Spezies besteht. Die hier präsentierten Daten können nur einen ungefähren Anhalt für die Verteilung der Virustypen unter den übermittelten Fällen geben.

### Fazit

Nach einer ausgeprägten Buchenmast im Jahr 2016 war die Inzidenz der Hantavirus-Erkrankung im Jahr 2017 sehr hoch, erreichte aber nicht das Niveau des bisherigen Rekordjahres 2012. Die Inzidenz war in den südlichen Bundesländern, wo fast ausschließlich das Puumala-Virus auftritt, am höchsten. Dagegen überwiegt in den nördlichen Bundesländern bei sehr niedriger Gesamtinzidenz das deutlich seltenere Dobrava-Virus.

### Literaturhinweise

- Cunze S, Kochmann J, Kuhn T, Frank R, Dörge DD, Klimpel S: *Spatial and temporal patterns of human Puumala virus (PUUV) infections in Germany*. Peer J 2018; 6: 10.7717/peerj.4255
- Witkowski PT, Perley CC, Brocato RL, et al.: *Gastrointestinal tract as entry route for hantavirus infection*. Front Microbiol 2017; 8. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01721>
- Roda G, Schumann B, Seidler A: *Climate Variability and the Occurrence of Human Puumala Hantavirus Infections in Europe: A Systematic Review*. Zoonoses Public Health 2015; 62:465–478.
- Latus J, Schwab M, Tacconelli E, et al.: *Clinical course and long-term outcome of hantavirus-associated nephropathia epidemica, Germany*. Emerg Infect Dis 2015; 21:76–83.
- Krüger DH, Ulrich RG, Hofmann J: *Hantaviruses as zoonotic pathogens in Germany*. Dtsch Arztebl Int 2013; 110.
- Hofmann J, Krüger DH, Loyer M: *Hantavirus-Infektionen in Deutschland – ein Rückblick auf das Ausbruchsjahr 2017*. Epid Bull 2018; 15:143–146.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.21 Hepatitis A



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 1.232
- ▶ Deutlicher Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenz bei Männern im Alter von 20–59 Jahren
- ▶ Großer Ausbruch unter Männern, die Sex mit Männern haben
- ▶ Eine wirksame Schutzimpfung steht zur Verfügung

### Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-A-Virus verursacht eine akute Leberentzündung mit den klinischen Zeichen einer Gelbsucht. Das Virus wird mit dem Stuhl ausgeschieden und durch direkten Kontakt, verunreinigte Nahrungsmittel oder verunreinigtes Trinkwasser übertragen. In Ländern mit niedrigem Hygienestandard ist die Durchseuchung schon im Kindesalter sehr hoch. Nach einer Infektion verbleibt eine lebenslange Immunität. In Europa und Nordamerika kam es in den letzten Jahrzehnten zu einem kontinuierlichen Rückgang der Infektionshäufigkeit, so dass hier immer weniger Jugendliche und Erwachsene eine Immunität besitzen. Eine Schutzimpfung steht zur Verfügung.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.21.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 1.232 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 495 (67%) mehr als im Vorjahr und die höchste Anzahl seit 2006. Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A ist somit im Vergleich zum Vorjahr deutlich von 0,9 auf 1,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner angestiegen.

Die Erkrankungszahlen zeigten im Jahr 2017 im Vergleich zu den Vorjahren einen weniger ausgeprägten saisonalen Verlauf mit einem Anstieg in den Monaten September bis November. Dieser Anstieg spiegelt - verzögert durch die bis zu 50 Tage lange Inkubationszeit - die vermehrte Reiseaktivität und das damit verbundene erhöhte Infek-

Tab. 6.21.1:  
Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	8	1%	7	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	729	68%	1.225	74%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	146	14%	157	10%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	187	17%	256	16%
alle	1.070	100%	1.645	100%
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>737</b>	<b>69%</b>	<b>1.232</b>	<b>75%</b>

tionsrisiko in den Sommer- und Herbstmonaten wider (s. Abb. 6.21.1), wurde jedoch im Jahr 2017 durch Hepatitis-A-Infektionen unter Männern, die Sex mit Männern haben, überlagert.

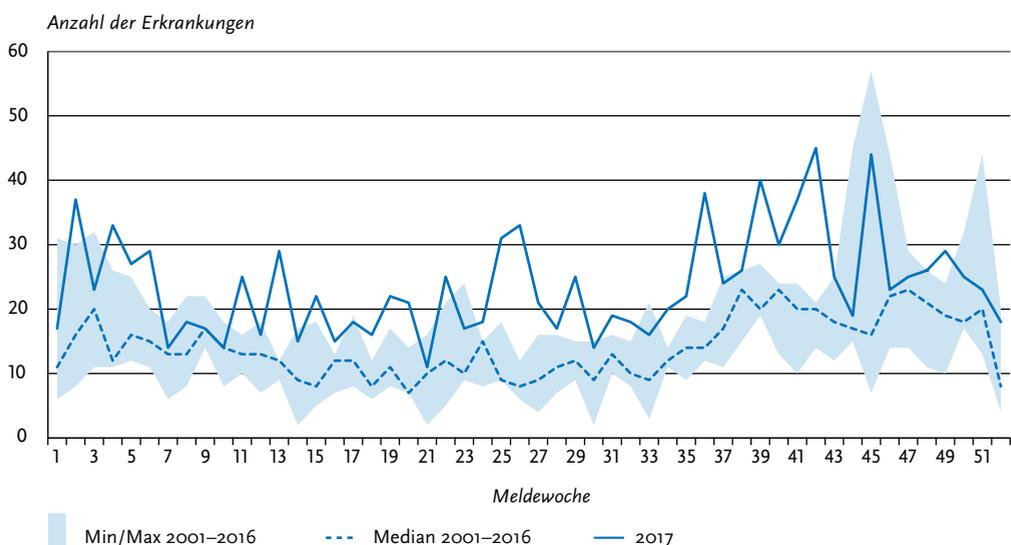
### Geografische Verteilung

Die Inzidenz lag in den Bundesländern Berlin, dem Saarland, Hamburg, Nordrhein-Westfalen und Hessen über dem bundesweiten Durchschnitt. Ein Rückgang der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahreswerten war lediglich in Nieder-

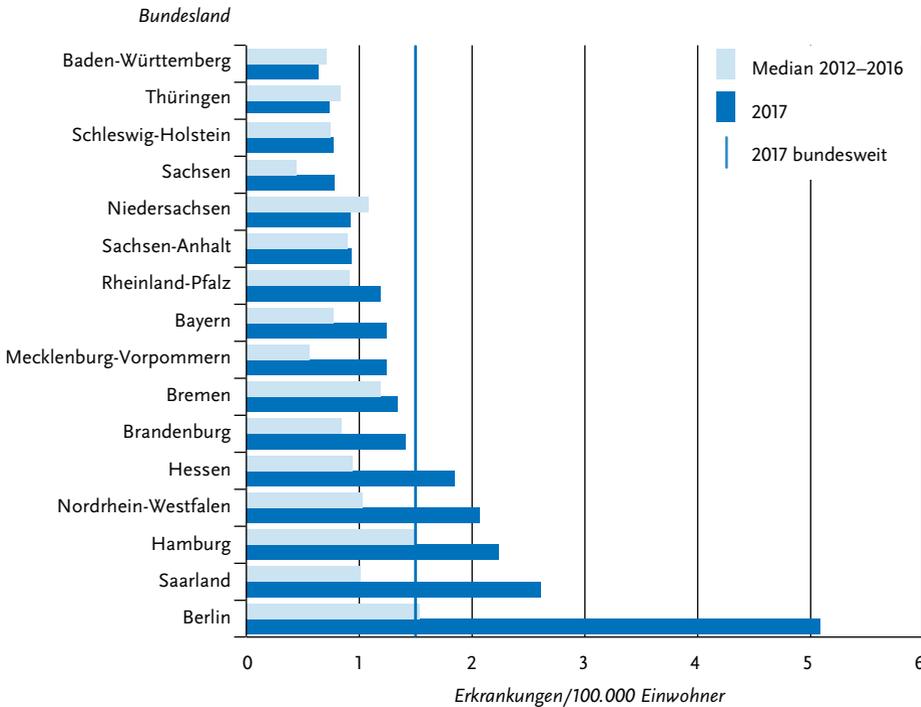
sachsen (Rückgang um 15%), Thüringen (12%) und Baden-Württemberg (10%) zu beobachten. Größere Anstiege im Vergleich zu den Vorjahren wurden in Berlin (Anstieg um 231%), dem Saarland (160%), Mecklenburg-Vorpommern (121%), Nordrhein-Westfalen (101%), Hessen (97%), Sachsen (76%), Brandenburg (67%), Bayern (61%) und Hamburg (48%) beobachtet (s. Abb. 6.21.2).

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden bei 880 Erkrankungen (71%) über-

Abb. 6.21.1:  
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2017 (n=1.232) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.21.2:**  
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=1.232) im Vergleich mit den Vorjahren



mittelt. Von den 951 Nennungen zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen waren möglich) entfielen 637 (67%) auf Deutschland (s. Tab. 6.21.2). Die am häufigsten genannten nicht-deutschen Infektionsländer waren Spanien (46 Nennungen) und Italien (20), gefolgt von Marokko und der Türkei (je 13) sowie Kroatien (12), Griechenland (11), den Niederlanden (10), Rumänien und Ägypten (je 9).

### Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war bei Männern im Alter von 20- bis 59 Jahren sowie bei den über 79-jährigen erhöht; ein zweiter Gipfel fand sich bei Jungen im Alter von 5 bis 9 Jahren. Bei den Mädchen lag der Gipfel bei den 5- bis 14-jährigen (s. Abb. 6.21.3). Dabei ist zu bedenken, dass die Inzidenz der Hepatitis-A-Virus-Infektionen im Kindesalter eher unterschätzt wird, da insbesondere

Kleinkinder in der Regel gar nicht oder weniger schwer erkranken. Insgesamt ergab sich zwischen den Geschlechtern ein merklicher Unterschied in der Inzidenz (weibliche Personen 1,0 und männliche Personen 2,0 Erkr./100.000 Einw.), besonders deutlich war dieser Unterschied in der Altersgruppe der 20–59-jährigen.

### Klinische Aspekte

Im Jahr 2017 wurden 4 Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren 2 Frauen und 2 Männer im Alter von 55 bis 86 Jahren.

### Impfstatus

Es stehen sowohl monovalente Hepatitis-A-Impfstoffe als auch Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und Hepatitis B bzw. Hepatitis A und Typhus zur Verfügung. In Abhängigkeit vom

Tab. 6.21.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2017 (Mehrfachnennungen möglich, 880 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	637	67%
Spanien	46	5%
Italien	20	2%
Marokko	13	1%
Türkei	13	1%
Kroatien	12	1%
Griechenland	11	1%
Niederlande	10	1%
Rumänien	9	1%
Ägypten	9	1%
Anderer	171	18%
<b>Summe</b>	<b>951</b>	<b>100%</b>

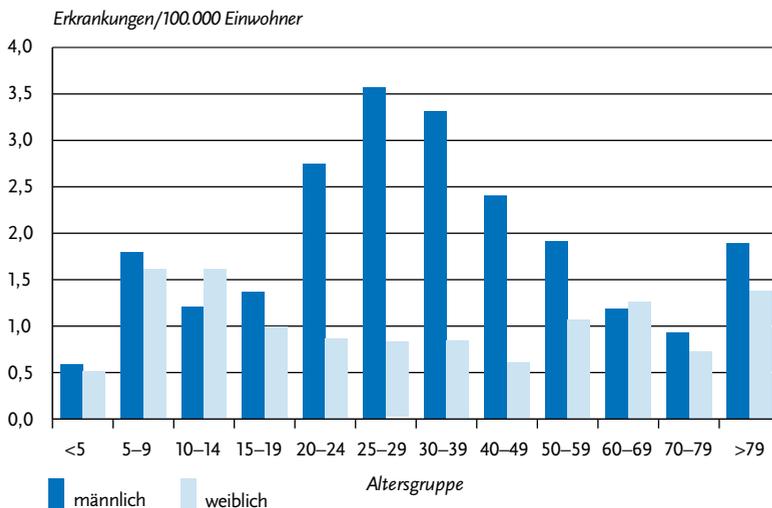
verwendeten Impfstoff gehören eine bzw. 2 oder 3 Dosen zu einer vollständigen Grundimmunisierung. Nach der ersten Impfdosis mit monovalentem Impfstoff sind bei mindestens 95% der Geimpften entsprechende Antikörper nachweis-

bar. Schützende Antikörper entstehen bei den meisten Geimpften 12 bis 15 Tage nach der ersten Impfdosis. In Anbetracht der langen Inkubationszeit kann die Impfung daher auch noch kurz vor einer Reise in ein Endemiegebiet und sogar kurz nach einer Exposition sinnvoll sein.

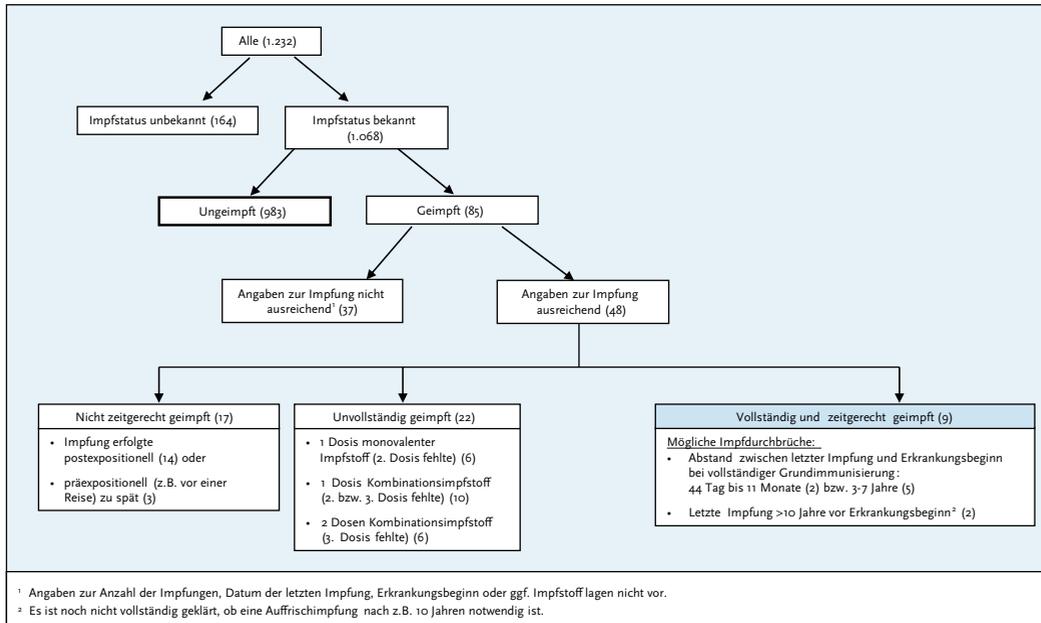
Bei 1.068 (87%) der 1.232 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.21.4). Von diesen wurden 983 (92%) als ungeimpft übermittelt. Bei 85 Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben, für 48 dieser Erkrankten lagen für eine Bewertung des Impfstatus ausreichende Angaben zu Impf- und Erkrankungszeitpunkten sowie Art und Anzahl der Impfstoffdosen vor. Demnach waren insgesamt 37 Erkrankte unvollständig oder nicht zeitgerecht geimpft. Sieben Patienten, die eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten zwischen 44 Tage bis 7 Jahre nach ihrer letzten Impfung an Hepatitis A. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen 7 Erkrankungen für einen möglichen Impfdurchbruch. Zwei weitere Erkrankte erhielten ihre letzte Impfdosis mehr als 10 Jahre vor Erkrankungsbeginn. Es ist noch nicht vollständig geklärt, ob eine Auffrischimpfung nach z. B. 10 Jahren notwendig ist. Aufgrund mathematischer Modellierung ist aber davon auszu-

Abb. 6.21.3:

Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=1.230)



**Abb. 6.21.4:**  
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=1.232)



<sup>1</sup> Angaben zur Anzahl der Impfungen, Datum der letzten Impfung, Erkrankungsbeginn oder ggf. Impfstoff lagen nicht vor.

<sup>2</sup> Es ist noch nicht vollständig geklärt, ob eine Auffrischimpfung nach z.B. 10 Jahren notwendig ist.

gehen, dass schützende Antikörper für mindestens 25 Jahre nach erfolgter Grundimmunisierung persistieren.

### Ausbrüche

Es wurden 57 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 39 % mehr als im Vorjahr; 8 davon betrafen 5 oder mehr Erkrankte. Die Gesamtzahl der Erkrankungen, die Ausbrüchen zugeordnet wurden, betrug 180; dies entspricht 15 % aller übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen (2016: 16 %). Zur Erhöhung der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr hat ein europaweiter Hepatitis-A-Ausbruch unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM) beigetragen, der in Deutschland insbesondere Berlin betraf. Diesem Ausbruch, der bereits Ende 2016 begann (17 Erkrankungen), sind für 2017 122 Hepatitis-A-Erkrankungen zuzuordnen.

### Datenqualität

Die Informationen zur Anzahl der Impfungen sowie Art und Datum der letzten Impfung sind

häufig unvollständig. Die Qualität der erhobenen Impfangaben wurde bisher nicht systematisch überprüft.

### Fazit

Die Mehrzahl der an Hepatitis A Erkrankten war ungeimpft. Ein nicht geringer Anteil der Infektionen wurde im Ausland erworben und hätte mit hoher Wahrscheinlichkeit bei geplantem Auslandsaufenthalt durch einen zeitgerechten vollständigen Impfschutz vermieden werden können. Zudem sollten insbesondere Männer, die Sex mit Männern haben, auf ihren Impfschutz achten.

### Literaturhinweise

- Carrillo-Santistevé P, Tavoschi L, Severi E, et al.: *Seroprevalence and susceptibility to hepatitis A in the European Union and European Economic Area: a systematic review*. *Lancet Infect Dis*; 17. doi: 10.1016/S1473-3099(17)30392-4
- Jacob L, Kostec K: *Compliance with vaccination against hepatitis A virus in Germany: A retrospective analysis*. *Int J Clin Pharmacol Ther* 2017; 55:740-745.

- Werber D, Michaelis K, Hausner M, et al.: *Ongoing outbreaks of hepatitis A among men who have sex with men (MSM), Berlin, November 2016 to January 2017 – linked to other German cities and European countries.* Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.5.30457
- Theeten H, Van Herck K, Van der Meeren O, Crasta P, Van Damme P, Hens N: *Long-term antibody persistence after vaccination with a 2-dose Havrix™ (inactivated hepatitis A vaccine): 20 years of observed data, and long-term model-based predictions.* Vaccine 2015; 33:5723–5727.
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Ergänzung der Impfempfehlungen gegen Hepatitis A und B.* Epid Bull 2017; 35:386–387.
- STIKO: *Neuerungen in den Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2017/2018.* Epid Bull 2017; 35:381–384.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018.* Epid Bull 2017; 34:333–380.
- RKI: *Gehäuftes Auftreten von Hepatitis-A-Erkrankungen bei Männern, die Sex mit Männern haben.* Epid Bull 2017; 2:28.
- RKI: *Impfschutz bei Erwachsenen in Schleswig-Holstein 2011 – ein Update nach acht Jahren.* Epid Bull 2013; 22:137-2013.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.22 Hepatitis B



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **3,582**
- ▶ Seit 2015 deutliche Zunahme der Fallzahlen, die durch Änderung der Referenzdefinition und die vermehrte Testung von Asylsuchenden erklärbar ist
- ▶ Männer häufiger betroffen, höchste Inzidenz bei 25–29-Jährigen
- ▶ Es gibt eine wirksame Schutzimpfung.

### Kurzbeschreibung

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

### Falldefinition und IfSG

Die Falldefinition wurde im Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Hepatitis-B-Virus-Nachweis die Kriterien für einen labordiagnostischen Nachweis erfüllt. Als Bestätigungstest für einen HBs-Antigennachweis ist der HBe-Antigennachweis hinzugekommen. Der Anti-HBc-IgM-Antikörpernachweis, der nach den Falldefinitionen bis einschließlich 2014 als alleiniger serologischer Marker ausreichte, um die labordiagnostischen Kriterien der Falldefinition zu erfüllen, ist dagegen entfallen und wird nur noch als Zusatzinformation erhoben. Unter den Fällen, die nach der neuen Falldefinition erfasst wurden, erfüllen seit 2015 nicht nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Fälle (C), sondern auch labordiagnostisch nachgewiesene Infektionen, bei denen das klinische Bild nicht erfüllt (D) oder unbekannt ist (E), die Referenzdefinition (Tab. 6.22.1). Die beschriebenen Änderungen dienen nicht nur der Anpassung an die europäischen Falldefinitionen, sondern zielen auch darauf ab, allen aktiven, d. h. infektiösen und damit übertragbaren Hepatitis-B-Virus-Infektionen nachzugehen, unabhängig von der Ausprägung ihrer Symptomatik. Mit Einführung der neuen Falldefinition stieg die Zahl der veröffentlichten Hepatitis-B-Virus-Infektionen seit 2015.

Im Jahr 2017 wurden fast alle Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (3,570/3,582), gemäß der neuen Falldefinition übermittelt. Dies ist ein deutlicher Anstieg im Vergleich zum Vorjahr (2016: 82 %). Im Jahr 2017 entfielen nach der neuen Falldefinition 2.900 (81 %) übermittelte Fälle auf die Falldefinitions-kategorien D und E. Der Anteil der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fälle (C) an allen übermittelten Fällen blieb im Vergleich zum Vorjahr weitgehend unverändert (19 %; 2016: 20 %) (s. Tab. 6.22.1).

Von den 12 Hepatitis-B-Fällen, die nach der alten Falldefinition erfasst wurden und die alte Referenzdefinition erfüllen, wurden 11 Fälle mit näheren Angaben zum Labornachweis übermittelt, davon waren 2 (18 %) ausschließlich durch einen anti-HBc-IgM-Nachweis laborbestätigt; diese würden nach der neuen Falldefinition nicht mehr die Referenzdefinition erfüllen. Unter den 3,570 Hepatitis-B-Fällen, die nach der neuen Falldefinition erfasst wurden, erfolgte der Bestätigungstest in 182 (0,5 %) Fällen mittels HBe-Antigennachweis;

Tab. 6.22.1:

Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition\*, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	688	20 %	682	19 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	649	19 %	623	17 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.152	62 %	2.317	64 %
alle	3.489	100 %	3.622	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>3.031</b>	<b>87 %</b>	<b>3.582</b>	<b>99 %</b>

\* Seit 2015 geänderte Falldefinition: alle 3 Übermittlungskategorien (C, D und E) erfüllen die Referenzdefinition, zudem wurden die Kriterien zum labordiagnostischen Nachweis geändert.

diese Fälle hätten nach der alten Falldefinition nicht die Referenzdefinition erfüllt.

Im Juli 2017 trat die Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis einer Hepatitis B meldepflichtig ist, somit werden alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst.

#### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden insgesamt 3.622 Hepatitis-B-Virus-Infektionen übermittelt, 133 mehr als im Vorjahr. Von den übermittelten Fällen entsprechen 3.582 Fälle (99 %) der Referenzdefinition.

Dies sind 551 mehr als im Vorjahr (s. Tab. 6.22.1). Die nachfolgenden Auswertungen beziehen sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Inzidenz der Hepatitis B in Deutschland betrug 4,4 Infektionen pro 100.000 Einwohner (2016: 3,7). Während die Fallzahlen im Vorjahr über das Jahr gesehen weitgehend konstant waren, stiegen sie im zweiten Halbjahr 2017 stark an. Zwischen 2001 und 2009 wurde ein Rückgang der übermittelten Hepatitis-B-Infektionen beobachtet. Dieser Trend stagnierte mit geringen Schwankungen zwischen 2009 und 2014. Seit 2015 haben die Fallzahlen deutlich zugenommen (s. Abb. 6.22.1).

Abb. 6.22.1:

Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017

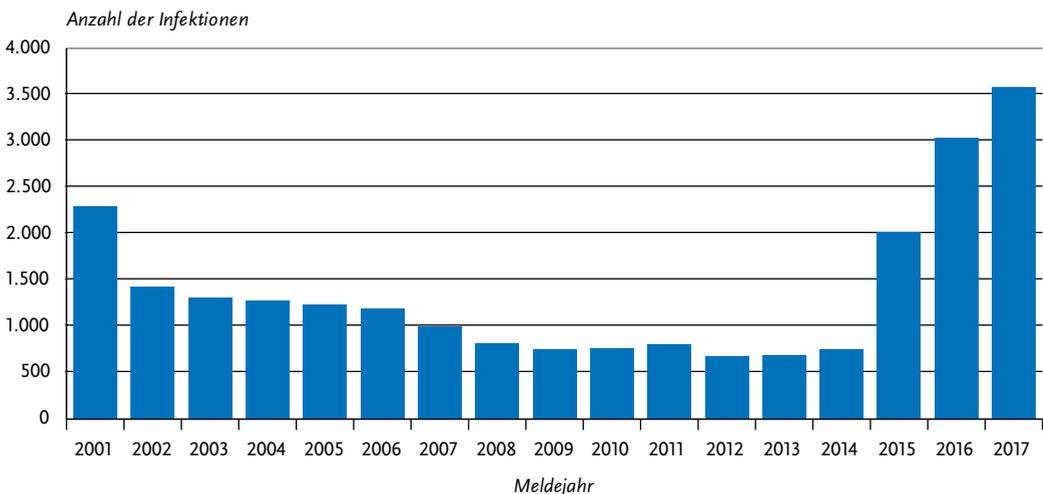
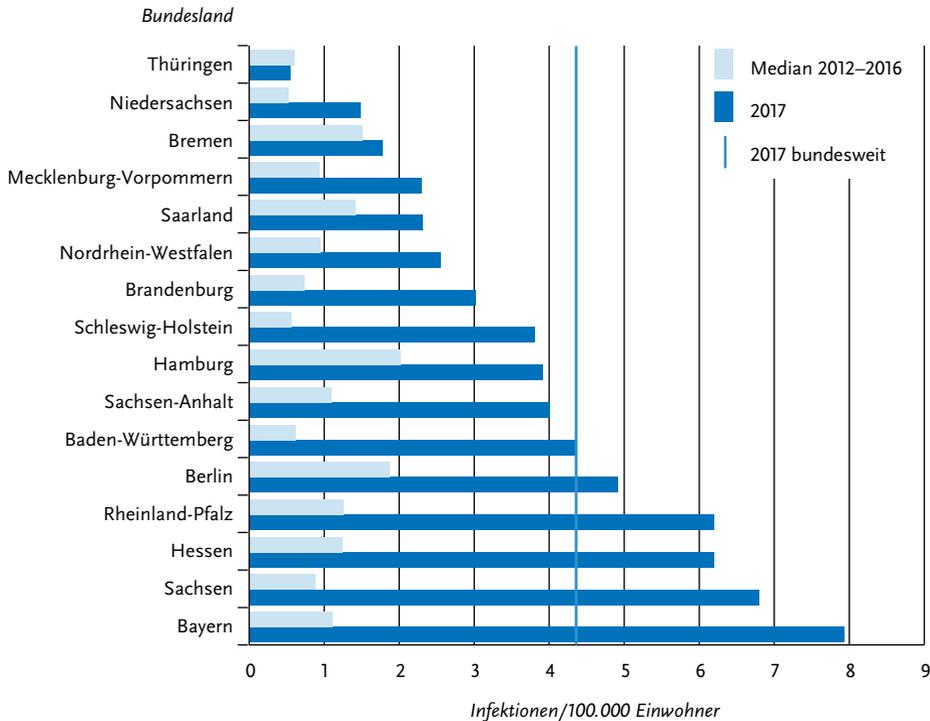


Abb. 6.22.2:  
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=3.581)  
im Vergleich mit den Vorjahren



### Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betragen zwischen 0,6 Infektionen pro 100.000 Einwohner in Thüringen und 7,9 in Bayern. Verglichen mit dem Median der Vorjahre war die Inzidenz in einem Bundesland gleich (Thüringen), während in allen übrigen 15 Bundesländern ein Anstieg zu verzeichnen war (s. Abb. 6.22.2). Besonders stark war der Anstieg in Bayern (von 0,9 auf 7,9), Sachsen (von 0,9 auf 6,8), Hessen (von 1,2 auf 6,2), Rheinland-Pfalz (von 1,3 auf 6,2) und Baden-Württemberg (von 0,6 auf 4,3).

Bei 933 (26 %) der insgesamt 3.582 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben, wobei unter Berücksichtigung von Mehrfachnennungen 942 Angaben gemacht wurden. Am häufigsten wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland genannt: 496 Nennungen (53 %), gefolgt von Sierra Leone (n=70;

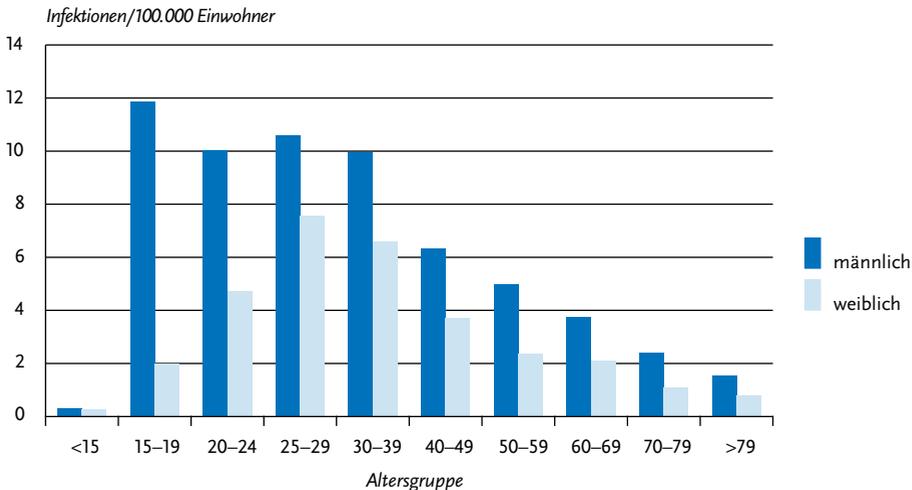
7 %), Rumänien (n=43; 5 %) und Syrien (n=33; 4 %).

### Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 5,7 Infektionen/100.000 Einw. 2-mal so hoch wie bei Mädchen und Frauen (2,9). Bei Frauen war die Altersgruppe der 25- bis 29-Jährigen am stärksten betroffen (7,6). Dagegen lag das Maximum bei Männern in der Gruppe der 15- bis 19-Jährigen (11,9; s. Abb. 6.22.3). Auch im Jahr 2016 war die Inzidenz für Hepatitis B bei Männern mit 4,9 Infektionen/100.000 Einw. insgesamt deutlich höher als bei Frauen (2,4) und die 15- bis 19-jährigen männlichen Jugendlichen und die 25- bis 29-jährigen Frauen wiesen die jeweils höchste Inzidenz auf.

Die Inzidenz im Kindesalter (< 15 Jahre) ist niedrig: Insgesamt wurden 31 Infektionen über-

**Abb. 6.22.3:**  
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=3.566)



mittelt (2016: 46), davon 3 bei Kindern im ersten Lebensjahr (2016: 8).

### Infektionsrisiken

Nur bei 163 (4,6%) der 3.582 übermittelten Infektionen wurden für die Auswertung ausreichende Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden bei der Auswertung auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Sexuelle Transmission wurde am häufigsten (62-mal; 38%) genannt, darunter in 22 Fällen durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern. Als zweithäufigster Übertragungsweg wurde bei 49 Fällen (30%) die Wohngemeinschaft mit einem Hepatitis-B-Virusträger angegeben, gefolgt von i.v.-Drogenkonsum (37 Fälle, 23%). Des Weiteren wurde bei 13 Fällen der Erhalt von Blutprodukten (mit zeitlicher Angabe) und bei 2 Fällen eine Dialyse als wahrscheinlichster Übertragungsweg genannt. Eine perinatale Übertragung wurde bei keinem Fall unter 2 Jahren angegeben.

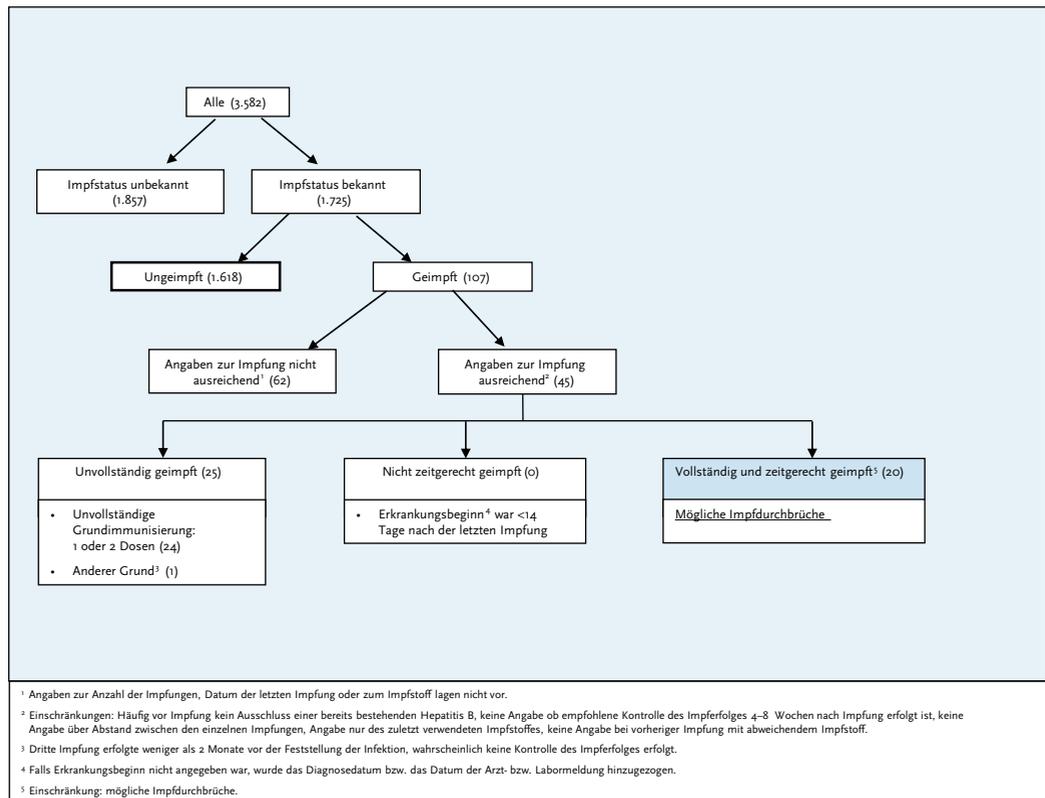
### Impfstatus

Die STIKO empfiehlt die Hepatitis-B-Impfung für alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie für definierte Indikationsgruppen (unter anderem i.v.-Drogengebrauchende, Gefängnisinsassen,

Personen mit Sexualverhalten mit hohem Infektionsrisiko und expositionsgefährdetes Personal in medizinischen Einrichtungen). In Deutschland stehen monovalente Hepatitis-B-Impfstoffe, bivalente Kombinationsimpfstoffe gegen Hepatitis A und B und hexavalente Kombinationsimpfstoffe mit Hepatitis-B-Komponente für Kinder zur Verfügung. In Abhängigkeit vom verwendeten Impfstoff und Impfschema besteht eine vollständige Grundimmunisierung aus 3 bzw. 4 Impfdosen. Nach vollständiger Grundimmunisierung im Kindes- bis jungen Erwachsenenalter lassen sich bei über 95% der Geimpften schützende Antikörper nachweisen. Nach internationalen Studien kann von einem langjährigen, möglicherweise sogar lebenslangen Schutz gegen eine Hepatitis-B-Virus-Infektion ausgegangen werden.

Bei 1.725 (48%) der 3.582 übermittelten Hepatitis-B-Virus-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.22.4). Von diesen 1.725 Infektionen wurden 1.618 (94%) als ungeimpft übermittelt. In 107 Fällen wurde eine Hepatitis-B-Virus-Infektion trotz Impfung angegeben. Von diesen 107 Fällen lagen bei 62 Fällen keine ausreichenden Angaben zur Bewertung des Impfstatus vor: bei 38 Fällen fehlte eine Angabe zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen, bei 53 zum Abstand der letzten Impfung zum Erkrankungsbeginn

Abb. 6.22.4:  
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=3.582)



und bei 4 Fällen zum verabreichten Impfstoff bei 3-maliger Impfungen (Mehrfachnennungen möglich).

Daher lagen ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen, zum Datum der letzten Impfung sowie zum verabreichten Impfstoff für eine Bewertung für 45 (42 %) Infektionen vor. Bei 24 dieser Infektionen waren lediglich ein oder 2 Impfdosen angegeben, so dass angenommen werden muss, dass keine vollständige Grundimmunisierung erfolgt ist. Bei einer Infektion erfolgte die dritte Impfung weniger als 2 Monate vor der Feststellung der Infektion, so dass angenommen werden muss, dass zu diesem Zeitpunkt noch kein Impfschutz vorlag. Zwanzig Erkrankte hatten eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung mit mindestens 3 Impfungen

erhalten. Darunter infizierten sich 16 Personen zwischen 2 Monaten und 15 Jahren nach der letzten Impfung. Für 4 Personen lagen mehr als 15 Jahre zwischen der letzten Impfung und der Infektion. In den letztgenannten 20 Fällen könnten die vorliegenden Informationen für einen Impfdurchbruch sprechen, wobei beachtet werden muss, dass die übermittelten Angaben für eine solche Einschätzung nur unzureichend sind: so werden in der Regel keine Angaben zu einem Ausschluss einer bereits bestehenden Hepatitis-B-Virus-Infektion vor Impfung, keine Angaben zur Kontrolle des Impferfolges nach 4 bis 8 Wochen und keine Angaben zum Abstand zwischen den einzelnen Impfungen übermittelt. Des Weiteren werden nur Angaben zum zuletzt verwendeten Impfstoff übermittelt, vorherige Impfungen

fungen mit einem abweichenden Impfstoff werden nicht erhoben.

### **Ausbrüche**

Im Jahr 2017 wurden 4 Häufungen mit insgesamt 9 Fällen (2 bis 3 Fälle pro Ausbruch) übermittelt. Bei 2 der Häufungen war der wahrscheinlichste Übertragungsweg heterosexueller Kontakt bei bekannt Hepatitis-B-infiziertem Partner und bei einer Häufung der Haushaltskontakt bzw. die Wohngemeinschaft mit einem Virusträger.

### **Datenqualität**

Fälle von akuter Hepatitis B, bei denen Kriterien des klinischen Bildes nicht erfüllt oder nicht ermittelbar waren, wurden durch die bis einschließlich 2014 geltende Referenzdefinition, welche die Kriterien des klinischen Bildes zusätzlich zu einem labor diagnostischen Nachweis forderte, nicht in die Auswertung einbezogen. Dies gilt auch teilweise für 2015, 2016 und zu einem sehr geringen Anteil für 2017, da nicht in allen Gesundheitsämtern die neuen Falldefinitionen implementiert waren. Im Jahr 2017 machte dies jedoch weniger als 1% aller übermittelten Fälle aus (siehe auch Abschnitt *Falldefinition*). Der Anteil der übermittelten Fälle nach alter Falldefinition ist im Vergleich zum Vorjahr deutlich zurückgegangen.

### **Fazit**

Zwischen 2001 und 2009 wurde ein Rückgang der übermittelten akuten Hepatitis-B-Erkrankungen beobachtet, der vermutlich vorwiegend auf einen verbesserten Impfschutz durch die Einführung der generellen Impfpflicht für Säuglinge im Jahr 1995 zurückzuführen ist. Dieser Trend stagnierte mit geringen Schwankungen von 2009 bis 2014. Seit 2015 war eine starke Zunahme der Fallzahlen zu verzeichnen. Diese Zunahme ist zum Teil durch die Erweiterung der Referenzdefinition auf Fälle ohne, mit unklarer oder unbekannter Symptomatik zu erklären, jedoch sollten auch weitere Einflussgrößen berücksichtigt werden. Die Zunahme der Fälle, die in die Falldefinitionskategorie E fallen, könnte auf ein vermehrtes Testen hinweisen. Gerade in Bundesländern mit besonders hohen Inzidenzen bzw. starkem Anstieg wie z. B. Bayern und Sachsen ist das vermehrte Testen von Asylsuchenden zu berücksichtigen, welche häufig aus Regionen mit hoher Hepati-

tis-B-Prävalenz stammen. Der Häufigkeitsgipfel bei den 15- bis 19-jährigen männlichen Jugendlichen könnte ein weiterer Hinweis dafür sein, dass ein Teil der Zunahme der Hepatitis-B-Fälle auf die vermehrte Testung von Asylsuchenden zurückgeführt werden kann. Nicht genau quantifizierbar ist, in welchem Umfang der Anstieg der Änderung der Falldefinition, dem vermehrten Testen von z. B. Asylsuchenden oder einem tatsächlichen Anstieg zuzuschreiben ist. Dies bedarf weiterer Untersuchungen. Da Asylsuchende nach Einreise auf die Bundesländer verteilt werden, kann es bei mehrfachen Meldungen zur Doppelerfassung von Fällen kommen. Es kann nicht beurteilt werden, ob es sich ausschließlich um akute Fälle handelt, da die Labordiagnostik eine solche Differenzierung nicht immer zulässt. So kann es sein, dass die Erfassung chronischer Fälle auch in Anbetracht des geänderten Infektionsschutzgesetzes im Juli 2017 sowie begrenzter Recherchemöglichkeiten die übermittelten Zahlen ansteigen lässt. Der zeitliche Verlauf der nächsten Jahre wird die Interpretierbarkeit der Meldedaten erhöhen, da die Vergleichbarkeit bei einheitlichen Kriterien von Fall- und Referenzdefinitionen dann wieder hergestellt ist.

Ähnlich wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen, mit jeweiligem Inzidenzgipfel im jüngeren Erwachsenenalter. Seit 2015 hat sich die Altersverteilung der Männer zu jüngeren Erwachsenen und Jugendlichen verschoben. Demgegenüber blieb die Altersverteilung der Frauen ähnlich. Die Inzidenzgipfel und angegebenen Expositionen deuten an, dass die sexuelle Übertragung wie in den Vorjahren den bedeutsamsten Transmissionsweg darstellt.

Angaben zum Geburtsland werden nur bei Asylsuchenden erhoben und können seit Ende 2015 übermittelt werden. Vermutlich stellt diese Gruppe einen erheblichen Anteil der Betroffenen in Deutschland dar, sodass hier Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und Behandlung besteht. Es wird dringend empfohlen, alle Säuglinge, Kinder und Jugendliche sowie weitere definierte Risikogruppen konsequent zu impfen, insbesondere bei Sexualverhalten mit hoher Infektionsgefährdung oder injizierendem Drogengebrauch.

## Literaturhinweise

- Haussig JM, Nielsen S, Gassowski M, et al.: *A large proportion of people who inject drugs are susceptible to hepatitis B: Results from a bio-behavioural study in eight German cities*. Int J Infect Dis 2018; 66:5–13.
- WHO: *Global Hepatitis Report 2017*. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- WHO (2016): *Global health sector strategy on viral hepatitis 2016–2021. Towards ending viral hepatitis*. www.who.int/hepatitis/strategy2016-2021/ghss-hep/en
- WHO (2017): *Hepatitis B. Fact sheet Nr. 204t*. www.who.int/mediacentre/factsheets/fs204/en
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. Epid Bull 2018; 16: 151–156.
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Ergänzung der Impfempfehlungen gegen Hepatitis A und B*. Epid Bull 2017; 35:386–387.
- STIKO: *Neuerungen in den Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2017/2018*. Epid Bull 2017; 35:381–384.
- von Laer A, Simeonova Y, Harder T, Zimmermann R, Duda-  
reva-Vizule S: *Virushepatitis B und D im Jahr 2016*. Epid Bull 2017; 31:297–308.
- Diercke M: *Änderungen des Infektionsschutzgesetzes, Juli 2017*. Epid Bull 2017; 31:309–310.
- RKI: *Auswirkungen der Falldefinitionsänderung auf die Fallzahlen von Hepatitis B und C im Jahr 2015*. Epid Bull 2015; 49:528.
- RKI (2018): *Infektionsschutzgesetz und Meldewesen: Antworten auf häufig gestellte Fragen*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq\_node.html
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

ausgelöste Leberentzündung, die parenteral übertragen wird. Ohne Therapie nimmt die Infektion in 50 bis 85% der Fälle einen chronischen Verlauf, der nach Jahrzehnten eine Leberzirrhose oder ein Leberzellkarzinom verursachen kann. Es existiert kein Impfstoff gegen Hepatitis C. Aufgrund des meist unbekanntenen Infektionszeitpunktes ist die Identifizierung von Übertragungswegen oft schwierig.

### Falldefinition

Da es sowohl labordiagnostisch als auch klinisch kaum möglich ist, akute und chronische HCV-Infektionen zu unterscheiden, werden alle neu diagnostizierten Infektionen erfasst. Im Juli 2017 trat die Änderung des Infektionsschutzgesetzes in Kraft, nach der jeder labordiagnostische Nachweis von HCV meldepflichtig ist, so dass alle aktiven (akuten oder chronischen) Infektionen erfasst werden. Fälle, bei denen ein früherer HCV-Labornachweis bekannt ist, werden ausgeschlossen.

Da die Mehrzahl der Neuinfektionen der Hepatitis C (ca. 75%) asymptomatisch verläuft, umfasst die Referenzdefinition alle Fälle mit erstmaligem Labornachweis einer HCV-Infektion, unabhängig vom klinischen Bild. Daher beinhaltet die Gesamtheit der Fälle einen erheblichen Anteil bereits chronischer Hepatitis-C-Fälle (im Sinne einer Virusreplikation von mehr als 6 Monaten) (s. Tab. 6.23.1).

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 erfüllen nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Damit werden nur noch aktive Hepatitis-C-Infektionen berücksichtigt. Die neue Falldefinition wurde mit Verzögerung in den Gesundheitsämtern implementiert. Im Jahr 2017 wurden nur noch 2,2% aller Fälle nach alter Falldefinition erfasst. Dieser Anteil lag im Vorjahr noch bei 21%.

Für 4.766 von insgesamt 4.798 Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, wurden nähere Angaben zum Labornachweis übermittelt. Darunter waren 32 Fälle, die nach der alten Falldefinition erfasst und nur durch einen Antikörperrnachweis laborbestätigt wurden. 857 Fälle wurden nur durch den HCV-core-Antigennachweis labordiagnostisch bestätigt, der neu in die Falldefinition aufgenommen worden ist. Diese wären nach alter Falldefinition nicht übermittelt worden. Inse-

## 6.23 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **4.798**
- ▶ Leichter Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Wichtigster Übertragungsweg: intravenöser Drogengebrauch
- ▶ Großteil der Infektionen vermutlich in Deutschland erworben
- ▶ Deutlich höhere Inzidenz bei Männern als bei Frauen, Häufigkeitsgipfel in der Altersgruppe 30 bis 39 Jahre

### Kurzbeschreibung

Die Hepatitis C ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-C-Viren (HCV)

**Tab. 6.23.1:**  
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.223	28 %	1.256	26 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.428	32 %	1.602	33 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.778	40 %	1.940	40 %
alle	4.429	100 %	4.798	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>4.429</b>	<b>100 %</b>	<b>4.798</b>	<b>100 %</b>

samt 3.877 der übermittelten Fälle waren durch einen direkten Erregernachweis mittels PCR bestätigt, der sowohl die alte, als auch die neue Falldefinition erfüllt.

#### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2017 wurden insgesamt 4.798 Fälle von Hepatitis C übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 5,8 Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner. Damit war die Inzidenz um 8 % höher als die des Jahres 2016 (5,4).

Ab dem Jahr 2005 war ein abnehmender Trend der Inzidenz und der absoluten Fallzahlen

von erstdiagnostizierter Hepatitis C zu verzeichnen, der sich seit dem Jahr 2009 verlangsamt hatte. Ab 2011 war die Inzidenz relativ stabil mit leichten Schwankungen. Nach einem Anstieg der Erstdiagnosen im Jahr 2014 fiel die Inzidenz 2015 – nach Änderung der Falldefinition – wieder auf das Niveau der fünf Vorjahre zurück und ging im Jahr 2016 weiter zurück (s. Abb. 6.23.1). Die gering erhöhte Inzidenz für das aktuelle Berichtsjahr wurde hauptsächlich durch einen Anstieg im zweiten Halbjahr 2017 verursacht. Dies ist vermutlich zum einen auf die Änderung der Meldepflicht gemäß IfSG zurückzuführen. Zum anderen sind in diesem Zeitraum weitere direkt

**Abb. 6.23.1:**  
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017

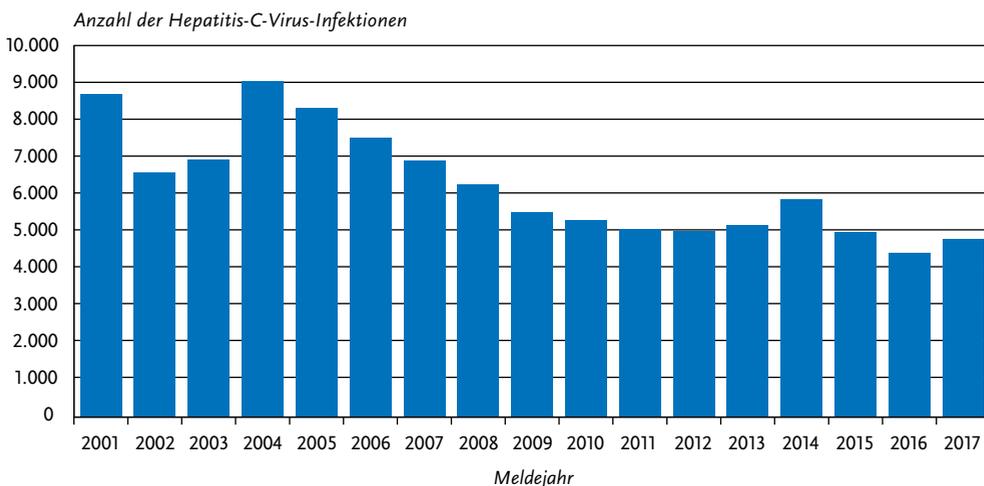
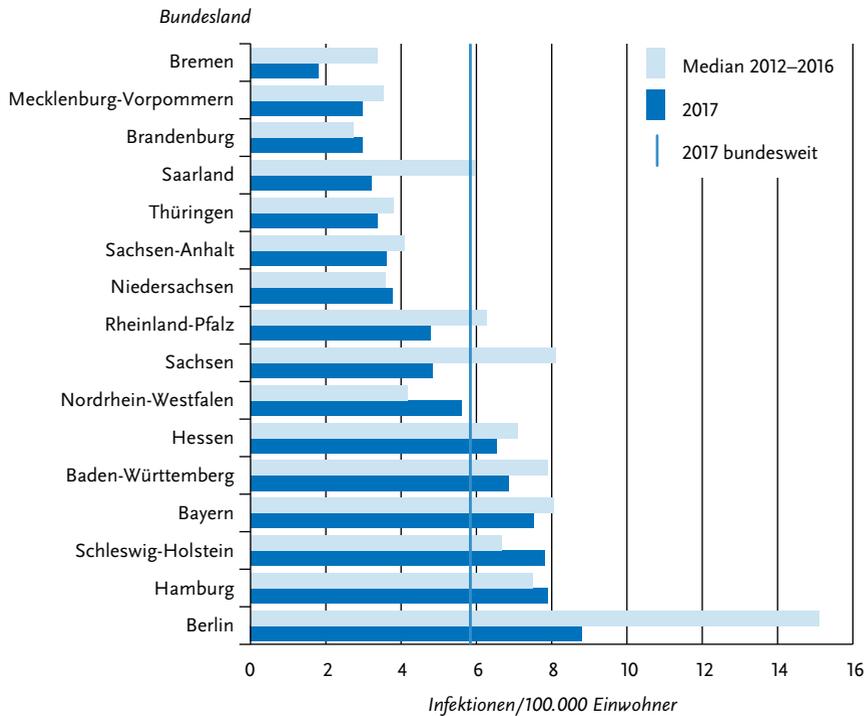


Abb. 6.23.2:  
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=4.797)  
im Vergleich mit den Vorjahren



antiviral wirkende Medikamente in Deutschland zugelassen worden, die zu einer verstärkten Testung und Fallfindung geführt haben könnten.

### Geografische Verteilung

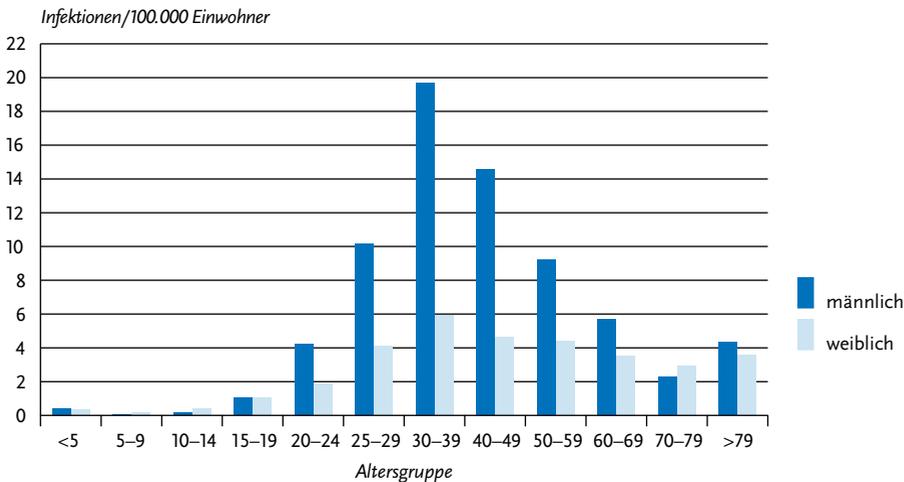
Der Vergleich der Inzidenzen der einzelnen Bundesländer ergab eine weite Inzidenzspanne: Die Inzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 1,8 Infektionen/100.000 Einw. in Bremen und 8,8 in Berlin (s. Abb. 6.23.2).

Über der bundesweiten Inzidenz von 5,8 lagen neben Berlin auch Hessen (6,5), Baden-Württemberg (6,9), Bayern (7,5), Schleswig-Holstein (7,8) und Hamburg (7,9). Vergleichsweise niedrige Inzidenzen fanden sich außer in Bremen auch in Mecklenburg-Vorpommern (3,0), Brandenburg (3,0), dem Saarland (3,2), Thüringen (3,4), Sachsen-Anhalt (3,6), Niedersachsen (3,8) sowie Rheinland-Pfalz und Sachsen (je 4,8).

Rückläufige Inzidenzen im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre des jeweiligen Bundeslandes zeigten sich in den meisten Bundesländern, vor allem in Berlin, Sachsen, dem Saarland und Bremen. Ein Inzidenzanstieg im Jahr 2017 – verglichen mit dem Median der Jahre 2012 bis 2016 des jeweiligen Bundeslands – war in Schleswig-Holstein und Nordrhein-Westfalen und in geringem Maß auch in Hamburg, Niedersachsen und Brandenburg zu verzeichnen.

Bei 1.291 (27%) der gemäß Referenzdefinition übermittelten Hepatitis-C-Virus-Infektionen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 1.051-mal angegeben (80% der 1.311 Nennungen). Die meisten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen auf die Russische Föderation (n=35; 3%), gefolgt von Weißrussland (n=23), der Ukraine (n=19), Kasach-

**Abb. 6.23.3:**  
Übermittelte Hepatitis-C-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=4.755)



stan (n=17), Georgien (n=14), Rumänien (n=13), Italien (n=9), Pakistan (n=8) und Polen (n=8).

### Demografische Verteilung

Die Inzidenz der Hepatitis-C-Virus-Infektionen in der männlichen Bevölkerung war mit 8,2/100.000 Einw. mehr als doppelt so hoch wie in der weiblichen (3,5). Wie in den vorangegangenen Jahren lag der Häufigkeitsgipfel bei den Männern in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (20). Auch bei den Frauen war die Inzidenz in dieser Altersgruppe am höchsten, betrug mit 5,9 jedoch nur ein Drittel der Inzidenz bei Männern in dieser Altersgruppe (s. Abb. 6.23.3).

Die Inzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahren) war mit 0,3 Infektionen/100.000 Einw. (entsprechend 29 übermittelten Infektionen) gering.

### Todesfälle

Mit zunehmenden Alter von Personen mit chronischer Hepatitis-C-Infektion und zunehmender Infektionsdauer nehmen Spätfolgen der Infektion wie Leberzirrhose und Leberzellkarzinom zu und steigt auch die Möglichkeit, an den Folgen der Erkrankung zu versterben.

Im Jahr 2017 wurden 4 (0,1%) von insgesamt 4.798 Infektionen als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt. Im Vorjahr waren es

12 (0,3%) Todesfälle von insgesamt 4.429 Infektionen.

### Infektionsrisiken

Bei 1.129 (24%) Infektionen wurden auswertbare Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg gemacht. Mehrfachnennungen wurden auf den wahrscheinlichsten Übertragungsweg reduziert.

Intravenöser Drogengebrauch, der mit großer Wahrscheinlichkeit in kausalem Zusammenhang zur festgestellten Hepatitis C steht, wurde für 879 Infektionen (78% der insgesamt 1129 Infektionen mit Angaben zum Übertragungsweg) übermittelt (2016: 74%, n=791). Von diesen lag bei 52 Infektionen die nähere Spezifizierung »i. v.-Drogenkonsum in Haft« vor.

An zweiter Stelle der Risiken steht der Erhalt von Blutprodukten vor der Einführung der diagnostischen Testung von Blut und Blutprodukten im Jahr 1991 (n=105; 9,3% aller Infektionen mit belastbaren Angaben zum Übertragungsweg). Bei Frauen lag die entsprechende Angabe bei 21% der Infektionen (n=53) vor, bei Männern bei lediglich 6,0% (n=52). Bei Männern war bei 80 Infektionen die Übertragung durch sexuelle Kontakte mit Männern als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben, darunter waren 8 mit einem bekannt

HCV-positiven Partner und 72 mit unbekanntem Infektionsstatus des Partners.

Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner wurde bei 52 Infektionen (4,6%) angegeben. Infektionen mit der Angabe eines heterosexuellen Übertragungsweges ohne Kenntnis des Infektionsstatus des Partners wurden wegen des vergleichsweise ineffektiven heterosexuellen Übertragungsweges nicht ausgewertet.

Eine perinatale Übertragung wurde bei 9 Infektionen (0,8%) als wahrscheinlicher Transmissionsweg angegeben und bei 4 Infektionen (0,4%) eine Übertragung durch Dialyse.

### **Ausbrüche**

Im Jahr 2017 wurden insgesamt 7-mal jeweils 2 epidemiologisch zusammenhängende Fälle übermittelt (4-mal jeweils 2 zusammenhängende Fälle im Vorjahr). Diese wurden alle zwischen Personen in privaten Haushalten oder Wohnstätten berichtet, 4 mit möglicher heterosexueller Transmission, eine mit Transmission durch sexuellen Kontakt zwischen Männern, eine mit perinataler Transmission, und eine Verknüpfung ohne nähere Angaben zum Übertragungsweg.

### **Datenqualität**

Die Bestimmung der Hepatitis-C-Inzidenz (im Sinne der Anzahl von HCV-Neuinfektionen pro Zeiteinheit) ist methodisch schwierig. Hepatitis-C-Virus-Infektionen verlaufen häufig un bemerkt oder werden erst viele Jahre nach der Infektion im Stadium der Spätfolgen diagnostiziert. Die übermittelten Hepatitis-C-Virus-Infektionen erlauben keinen direkten Rückschluss auf den Infektionszeitpunkt, da Infektion und Diagnose zeitlich weit auseinander liegen können. Beides kann zu einer Unterschätzung von Neuinfektionen führen. Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 werden nur noch Fälle mit Laborparametern, die für eine aktive HCV-Infektion sprechen, übermittelt. Dies ermöglicht eine Annäherung an die wahre Inzidenz von Neudiagnosen. Allerdings werden damit mögliche Fälle, die nach einem positiven Antikörper-Screening nicht der weiteren Diagnostik mittels direktem Erregernachweis zugeführt wurden, nicht erfasst. Da sich die Therapieoptionen in den letzten Jahren sehr stark verbessert haben, ist jedoch davon auszugehen, dass in Deutschland die Diagnostik in den

meisten Fällen vollständig durchgeführt wird. Derzeit bieten die übermittelten Hepatitis-C-Virus-Infektionen – ohne bessere Datenquellen zur Inzidenz – die bestmögliche Einschätzung des aktuellen Infektionsgeschehens. Allerdings sind die nach neuer Falldefinition übermittelten Fallzahlen nur bedingt mit den Fallzahlen der Vorjahre vergleichbar, so dass Trendauswertungen nur mit Einschränkungen möglich sind.

Wegen des generell sehr langen Krankheitsverlaufs einer chronischen Hepatitis-C-Virus-Infektion können gemeldete Fälle nicht in Bezug auf den Ausgang der Erkrankung nachverfolgt werden. Dadurch bedingt sind auch die Angaben zu HCV-bedingten Todesfällen nicht mit der Letalität gleichzusetzen.

Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lagen bei knapp einem Viertel der Infektionen vor. Diese Angaben stammen in der Regel von behandelnden Ärzten oder den Betroffenen selbst. Es ist anzunehmen, dass gesellschaftlich stigmatisiertes Verhalten wie i.v.-Drogenkonsum und auch sexuelle Kontakte zwischen Männern untererfasst werden.

### **Fazit**

Die Inzidenz übermittelter Hepatitis-C-Virus-Infektionen ist im Jahr 2017 im Vergleich zum Vorjahr wieder leicht angestiegen, nachdem in den beiden Vorjahren die Inzidenz deutlich niedriger lag als in den Jahren vor 2015. Diese war vermutlich bedingt durch die Einengung der Falldefinition, die Zulassung weiterer direkt antiviral wirkender Medikamente in Deutschland, Kampagnen und Projekte zur Erhöhung der Aufmerksamkeit sowie ein damit verbundenes häufigeres Testen.

Wie auch in den Vorjahren lag die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen. Die Tatsache, dass Männer häufiger Drogen konsumieren als Frauen und dies der am häufigsten berichtete Übertragungsweg ist, erklärt unter anderem die erheblich höhere Inzidenz von Hepatitis C bei Männern. Unter den Fällen mit Angaben zum Übertragungsweg war i.v.-Drogenkonsum mit knapp 80% der am häufigsten genannte. Seit 2003 ist Berlin das Bundesland mit der höchsten Inzidenz, wobei diese in den letzten Jahren deutlich gegenüber dem Median der Vorjahre zurückgegangen ist. Mögliche Ursache ist der in groß-

städtischen Ballungszentren überdurchschnittlich hohe Anteil von Personen, die Risikogruppen wie i. v.-Drogenkonsumierenden und Männern, die Sex mit Männern haben, angehören.

Zwar können die Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland als Annäherung an die Schätzung von Hepatitis-C-Virus-Infektionen bei Personen aus Ländern mit einer höheren Hepatitis-C-Prävalenz dienen, jedoch besteht eine wesentliche Einschränkung bei der Interpretation der gemeldeten Hepatitis-C-Fälle darin, dass erst seit der IfSG-Novellierung im Juli 2017 bei allen Hepatitis-C-Meldungen Angaben zum Geburtsstaat und der Staatsangehörigkeit gemeldet und übermittelt werden können. Die Erfassung wird derzeit in SurvNet umgesetzt, so dass in diesem Berichtsjahr noch keine Informationen auszuwerten sind. Es ist anzunehmen, dass Personen aus Hochprävalenzländern einen größeren Anteil der an Hepatitis C Erkrankten in Deutschland stellen. Deutschland hat sich den Eliminationszielen viraler Hepatitis der WHO bis 2030 verschrieben. Um diese zu erreichen, besteht Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und Behandlung insbesondere bei Drogengebrauchenden und anderen Gruppen mit erhöhter Prävalenz und Inzidenz.

## Literaturhinweise

- Preußel K, Offergeld R: *Which infectious blood donors could be identified by the donor history questionnaire? – Comparison of blood donors infected with HIV or HCV with notified cases from general population in Germany*. *Transfus Med Hemother* 2018. doi: 10.1159/000481829
- Hofstraat SHI, Falla AM, Duffell EF, et al.: *Current prevalence of chronic hepatitis B and C virus infection in the general population, blood donors and pregnant women in the EU/EEA: a systematic review*. *Epidemiol Infect* 2017. doi: 10.1017/S0950268817001947
- WHO (2018): *Guidelines for the care and treatment of persons diagnosed with chronic hepatitis C virus infection*. [www.who.int/hepatitis/publications/hepatitis-c-guidelines-2018/en](http://www.who.int/hepatitis/publications/hepatitis-c-guidelines-2018/en)
- WHO: *Global Hepatitis Report 2017*. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.
- WHO (2017): *Guidelines on hepatitis B and C testing*. [www.who.int/hepatitis/publications/guidelines-hepatitis-c-b-testing/en](http://www.who.int/hepatitis/publications/guidelines-hepatitis-c-b-testing/en)
- Beermann S, Zimmermann R, Seeling S. *Hepatitis C – GBE-Themenheft* 2016. doi: 10.17886/RKI-GBE-2016-016
- RKI (2016): *Abschlussbericht der Studie »Drogen und chronische Infektionskrankheiten in Deutschland« (DRUCK-Studie)*. [www.rki.de/druck-studie](http://www.rki.de/druck-studie)
- Ingiliz P, Martin TC, Rodger A, et al.: *HCV reinfection incidence and spontaneous clearance rates in HIV-positive men who have sex with men in Western Europe*. *J Hepatol* 2017; 66:282–287.
- Falla AM, Hofstraat SHI, Duffell E, Hahné SJM, Tavoschi L, Veldhuijzen IK: *Hepatitis B/C in the countries of the EU/EEA: a systematic review of the prevalence among at-risk groups*. *BMC Infect Dis* 2018. doi: 10.1186/s12879-018-2988-x
- Jordan AE, Perlman DC, Neurer J, Smith DJ, Des Jarlais DC, Hagan H: *Prevalence of hepatitis C virus infection among HIV+ men who have sex with men: a systematic review and meta-analysis*. *Int J STD AIDS* 2017. doi:10.1177/0956462416630910
- Zimmermann R, Kollan C, Ingiliz P, et al.: *Real-world treatment for chronic hepatitis C infection in Germany: Analyses from drug prescription data, 2010–2015*. *J Hepatol* 2017; 67:15–22. doi: 10.1016/j.jhep.2017.01.024
- Zimmermann R, Meurs L, Schmidt D, Kollan C, Dudareva S, Bremer V: *Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten in Deutschland: Hepatitis C im Jahr 2017*. *Epid Bull* 2018; 29:271–281.
- RKI (2018): *Infektionsschutzgesetz und Meldewesen: Antworten auf häufig gestellte Fragen*. [www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html)
- RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.24 Hepatitis D

### Kurzbeschreibung

Das Hepatitis-D-Virus benötigt für die Infektion die Hülle des Hepatitis-B-Virus. Hepatitis D tritt somit stets zusammen mit Hepatitis B auf und führt in 70 bis 90 % der Fälle zu schweren chronischen Verläufen.

### Falldefinition

Die Falldefinition wurde beginnend mit dem Jahr 2015 dahingehend geändert, dass nur noch der direkte Erregernachweis die Kriterien für den labordiagnostischen Nachweis erfüllt. Eine weitere Änderung betrifft die Referenzdefinition. Fälle, bei denen das klinische Bild unbekannt oder nicht erfüllt ist (Falldefinitions-kategorien D und E), entsprachen nach der alten Falldefinition nicht der Referenzdefinition und wurden daher in diesen Statistiken nicht veröffentlicht. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der neuen Falldefinition die Referenzdefinition um die Fälle der Falldefinitions-kategorien D und E erweitert (siehe Tab. 6.24.1). Im Jahr 2017 wurden von den

Tab. 6.24.1:

## Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	21	51 %	17	50 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	12	29 %	11	32 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	8	20 %	6	18 %
alle	41	100 %	34	100 %
<b>Referenzdefinition (C+D+E)</b>	<b>35</b>	<b>85 %</b>	<b>33*</b>	<b>97 %</b>

\* Ein Fall wurde gemäß einer Falldefinitionsversion übermittelt, die vor 2015 gültig war, und erfüllt daher nicht die Referenzdefinition.

übermittelten Hepatitis-D-Fällen nur noch einer von 34 Fällen nach der alten Falldefinition erfasst. Dieser erfüllte nicht die Referenzdefinition.

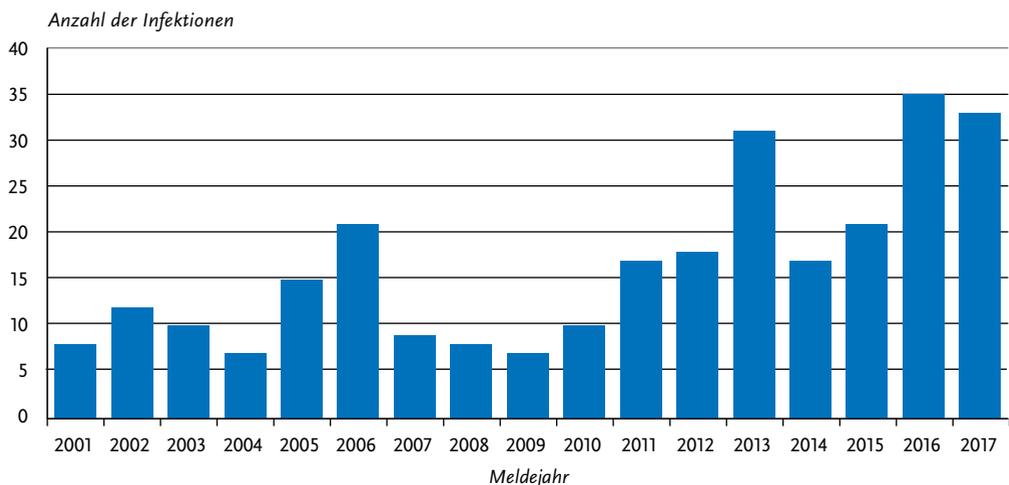
### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden 33 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen (s. Abb. 6.24.1). Die 33 Infektionen wurden aus 9 Bundesländern (je ein bis 14 Infektionen) übermittelt. Bei 12 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, davon war bei 3 Fällen Deutschland, bei 3 Fällen wurde das Ausland (unbekannt) und in

jeweils einem Fall Bulgarien, Kasachstan, Kroatien, Rumänien, die Russische Föderation und die Ukraine angegeben. Von den 33 Hepatitis-D-Virus-Infektionen waren 23 (70 %) Männer und 10 (30 %) Frauen. Die meisten Infektionen (61 %) wurden bei den 30- bis 49-Jährigen übermittelt. Im Jahr 2017 war der Anteil der übermittelten Fälle, welche die Referenzdefinition erfüllen, höher als im Vorjahr (2017: 97 %; 2016: 85 %). Dies kann darauf zurückgeführt werden, dass die Änderung der Referenzdefinition mittlerweile vollständiger in der Software der Gesundheitsämter umgesetzt ist. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen

Abb. 6.24.1:

## Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken.

## Literaturhinweise

- WHO: *Hepatitis D. Fact sheet 2017*. [www.who.int/mediacentre/factsheets/hepatitis-d/en](http://www.who.int/mediacentre/factsheets/hepatitis-d/en)
- Heidrich B, Manns MP, Wedemeyer H: *Treatment options for hepatitis delta virus infection*. *Curr Infect Dis Rep* 2013; 15:31–38.
- Bissinger AL, Berg CP: *Is the HDV seroprevalence in patients admitted to a university hospital representative for all HBV carriers in Germany?* *Infection* 2013; 41:1031–1032.
- Reinheimer C, Doerr HW, Berger A: *Hepatitis delta: on soft paws across Germany*. *Infection* 2012; 40:621–625.
- von Laer A, Simeonova Y, Harder T, Zimmermann R, Duda-  
reva-Vizule S: *Virushepatitis B und D im Jahr 2016*. *Epid Bull* 2017; 31:297–308.
- RKI (2018): *Infektionsschutzgesetz und Meldewesen: Antworten auf häufig gestellte Fragen*. [www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/FAQ/faq_node.html)
- RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.25 Hepatitis E



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **2.943**
- ▶ Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Die meisten Infektionen (82 %) wurden in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern zwischen 40 und 79 Jahren

### Kurzbeschreibung

Hepatitis E wird durch das Hepatitis-E-Virus verursacht und tritt als akut verlaufende Leberentzündung weltweit auf. In Europa und anderen westlichen Industriestaaten stellt die Übertragung vom Tier (z. B. Wild- und Hausschwein) über tierische Lebensmittel auf den Menschen den wahrscheinlich wichtigsten Infektionsweg dar. In den Ländern Südost- und Zentralasiens, im Nahen Osten, in Nord- und Westafrika sowie in Mittelamerika (z. B. Mexiko) spielt mit menschlichen Fäkalien verunreinigtes Trinkwasser eine bedeutende Rolle.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.25.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden dem RKI insgesamt 2.943 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (1.995 Erkrankungen) entspricht dies einer Zunahme um 48 %. Damit hat sich der steigende Trend der letzten Jahre fortgesetzt (s. Abb. 6.25.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 3,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Eine ausgeprägte Saisonalität war nicht erkennbar.

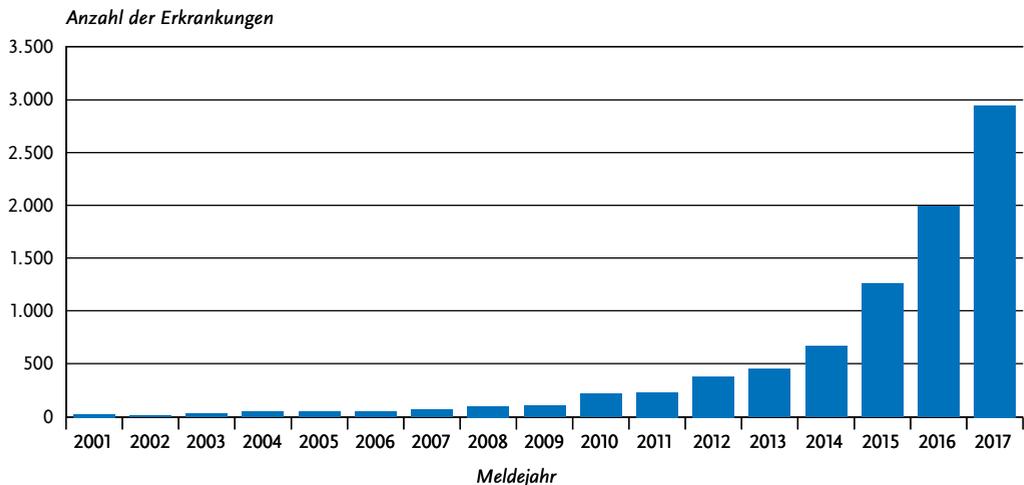
### Geografische Verteilung

Es wurden aus allen Bundesländern akute Hepatitis-E-Erkrankungen übermittelt. Inzidenzen über dem bundesweiten Mittelwert wurden in den Bundesländern Sachsen-Anhalt (8,6 Erkr./100.000

Tab. 6.25.1:  
Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	1	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.995	70 %	2.942	67 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	393	14 %	627	14 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	456	16 %	833	19 %
alle	2.844	100 %	4.403	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>1.995</b>	<b>70 %</b>	<b>2.943</b>	<b>67 %</b>

Abb. 6.25.1:  
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



Einw.), Sachsen (7,1), Thüringen (6,1), Brandenburg (5,8), Mecklenburg-Vorpommern (5,6), Rheinland-Pfalz (4,6) und Berlin (3,8) erfasst.

Bei 1.567 Erkrankten (53 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht

Tab. 6.25.2:  
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2017 (Mehrfachnennungen möglich, 1.567 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.350	82 %
Spanien	47	3 %
Italien	28	2 %
Ägypten	16	1 %
Frankreich	13	1 %
Griechenland	13	1 %
Österreich	11	1 %
Türkei	11	1 %
Kroatien	10	1 %
Indien	8	0 %
Andere	132	8 %
<b>Summe</b>	<b>1.639</b>	<b>100 %</b>

(Mehrfachnennungen möglich) (s. Tab. 6.25.2). Von den 1.639 Nennungen entfielen 82 % auf Deutschland. Dieser Anteil ist ähnlich hoch wie im Vorjahr (84 %).

#### Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 2.218 der übermittelten Erkrankungen (75 %) auf die Altersgruppe der 40- bis 79-Jährigen. Mit 1.673 Erkrankungen waren Männer (57 %) häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (7,6 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.25.2).

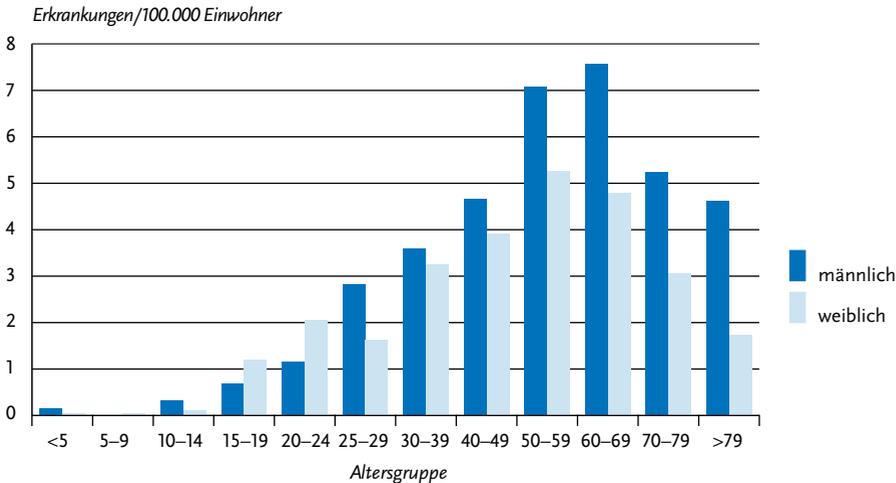
#### Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 880 (30 %) der Erkrankungen angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 9 Todesfälle übermittelt. Betroffen waren 6 Männer und 3 Frauen im Alter von 54 bis 88 Jahren.

#### Ausbrüche

Im Jahr 2017 wurden 10 Hepatitis-E-Ausbrüche mit insgesamt 20 Erkrankungen übermittelt.

**Abb. 6.25.2:**  
Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2017 (n=2.939)



### Datenqualität

Die Hepatitis E wurde in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzte und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen ist.

Szabo K, Trojnar E, Anheyer-Behmenburg H, et al.: *Detection of hepatitis E virus RNA in raw sausages and liver sausages from retail in Germany using an optimized method.* Int J Food Microbiol 2015;215:149–56.

RKI: *Hepatitis-E-Virus-Infektion aus virologischer Sicht.* Epid Bull 2015; 15:119–127.

RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

### Literaturhinweise

Faber M, Askar M, Stark K: *Case-control study on risk factors for acute hepatitis E in Germany, 2012 to 2014.* Euro Surveill 2018. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.19.17-00469

Faber M, Willrich N, Schemmerer M, et al.: *Hepatitis E virus seroprevalence, seroincidence and seroreversion in the German adult population.* J Viral Hepat 2018; 18:1654–1657.

Aspinall EJ, Couturier E, Faber M, et al.: *Hepatitis E virus infection in Europe: surveillance and descriptive epidemiology of confirmed cases, 2005 to 2015.* Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.26.30561

Adlhoch C, Avellon A, Baylis SA, et al.: *Hepatitis E virus: assessment of the epidemiological situation in humans in Europe, 2014/15.* J Clin Virol 2016; 82:9–16.

Schielke A, Ibrahim V, Czogiel I, et al.: *Hepatitis E virus antibody prevalence in hunters from a district in Central Germany, 2013: a cross-sectional study providing evidence for the benefit of protective gloves during disembowelling of wild boars.* BMC Infect Dis 2015; 15:440.

## 6.26 HIV-Infektion

Aufgrund der Umstellung der Datenbank standen die Daten zu HIV-Neuinfektionen in Deutschland nicht bis zum Redaktionsschluss zur Verfügung. Das Kapitel wird auf der RKI-Internetseite [www.rki.de/jahrbuch](http://www.rki.de/jahrbuch) veröffentlicht, sobald die Daten verfügbar sind.

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



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 95
- ▶ Höchste Fallzahl seit dem großen HUS-Ausbruch im Jahr 2011
- ▶ 83 % der Erkrankungen wurden in Deutschland erworben.
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Nicht-Bestimmung oder Nicht-Meldung von Erreger-Serogruppen erschwert die Ausbruchserkennung.

### Kurzbeschreibung

Das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) umfasst schwere, unter Umständen tödliche Komplikationen, die bei bakteriellen Darminfektionen mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC; s. Kap. 6.14) auftreten können. In sehr seltenen Fällen kommt enteropathisches HUS auch bei Infektionen mit Shigellen (s. Kap. 6.51) oder anderen Erregern vor. Das Vollbild des HUS ist durch eine akute Nierenfunktionsstörung, Blutarmut durch den Zerfall roter Blutkörperchen und einen Mangel an Blutplättchen charakterisiert. Bei schätzungsweise 5 bis 10 % der kindlichen HUS-Erkrankungen handelt es sich um ein komplement vermitteltes HUS, das in ers-

ter Linie auf genetischen Störungen der Komplementregulation beruht und vom enteropathischen HUS abzugrenzen ist.

### Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung des enteropathischen HUS geändert (s. auch Kap. 6.14 – EHEC).

Die Referenzdefinition für enteropathisches HUS umfasst alle klinisch begründeten Kategorien der Falldefinition (klinisch diagnostizierte, klinisch-epidemiologisch bestätigte und klinisch-laboridiagnostisch bestätigte Erkrankungen) außer den Erkrankungen, bei denen lediglich das unspezifische klinische Bild erfüllt ist. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.27.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 95 HUS-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Dies liegt deutlich über der Fallzahl des Vorjahres ( $n=71$ ) und auch über dem Median für die Jahre 2012–2016 ( $n=71$ ). Wie in den Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen im III. Quartal übermittelt. Im I. Quartal 2017 war die Fallzahl ausbruchsbedingt deutlich höher als im I. Quartal der Vorjahre (s. Abb. 6.27.1).

### Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,12 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2016: 0,09). Mehr

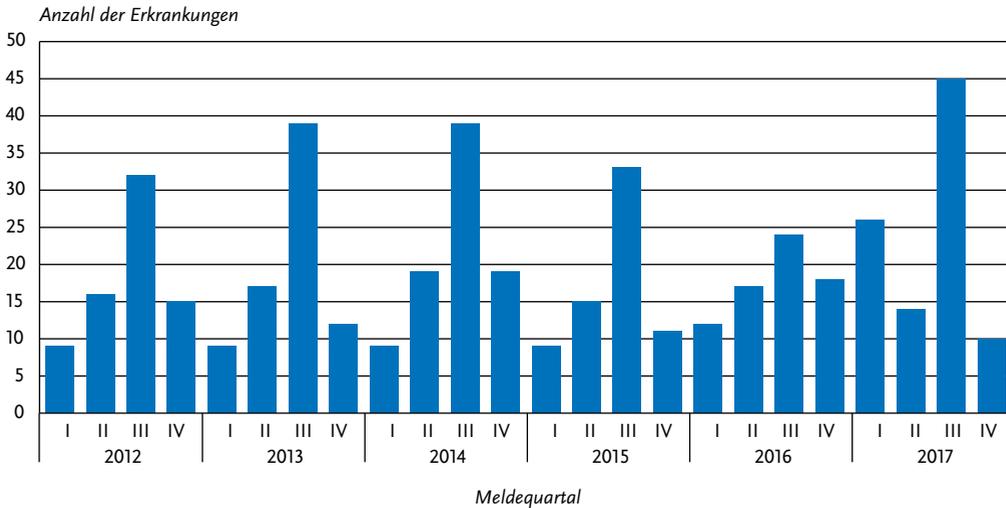
Tab. 6.27.1:

Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	17	24 %	19	20 %
– davon spezifisch (A1)	15		18	
klinisch-epidemiologisch (B)	2	3 %	5	5 %
klinisch-laboridiagnostisch (C)	53	74 %	72	75 %
alle	72	100 %	96	100 %
Referenzdefinition*	71	99 %	95	99 %

\* Referenzdefinition: bis Falldefinitionsänderung 2015: A+B+C, ab Falldefinitionsänderung 2015: A1+B+C. Ein Fall aus 2016 ist gemäß alter Falldefinition (Version vor 2015) erfasst worden und erfüllt die Referenzdefinition, obwohl nur das unspezifische klinische Bild vorliegt.

**Abb. 6.27-1:**  
Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017



als 5 Fälle wurden aus Berlin (8 Fälle; Inzidenz 0,23 Erkr./100.000 Einw.), Bayern (12; 0,09), Baden-Württemberg (14; 0,13), Niedersachsen (16; 0,20) und Nordrhein-Westfalen (23; 0,13) übermittelt.

Für 69 Erkrankungen wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 58-mal (83 %) genannt. Je 2-mal wurden Italien, Ungarn und die Türkei, je einmal Frankreich, Spanien, die Schweiz, der Kosovo, Tansania und Ägypten genannt.

#### Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren am höchsten; 46 (48 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe (29 Jungen und 17 Mädchen). Zusätzlich wurden 26 HUS-Erkrankungen (27 %) bei älteren Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 22 HUS-Erkrankungen (23 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. Im Gegensatz zu den <5-Jährigen waren bei älteren Kindern, Jugendlichen und Erwachsenen weibliche Personen (31 Erkrankungen) stärker betroffen als männliche (17 Erkrankungen).

#### Nachgewiesene Erreger

Bei 72 Fällen (76 %; 2016: 64 %) wurde der labor diagnostische Nachweis einer EHEC-Infektion angegeben. Bei 38 dieser Fälle (53 %) wurden spezifische Angaben zur Serogruppe übermittelt. Am häufigsten wurden die Serogruppen O157 (31-mal) und O26 (4-mal) angegeben. Einmal wurde die Serogruppe O103 genannt; zweimal wurde Ont (nicht typisierbar) angegeben.

#### Klinische Aspekte

Es wurden 8 HUS-bedingte Todesfälle (8 %) übermittelt. Bei den Betroffenen handelte es sich um 4 Kinder unter 5 Jahren (3 Mädchen, ein Junge), eine Jugendliche und 3 Frauen im Alter von 76 bis 88 Jahren. EHEC wurde bei 6 Todesfällen nachgewiesen, 4-mal die Serogruppe O157, zweimal ohne Angabe einer Serogruppe.

#### Ausbrüche

Im Berichtsjahr wurden 7 Ausbrüche mit insgesamt 15 Erkrankungen (8 HUS-Erkrankungen und 7 EHEC-Enteritiden) übermittelt. Zusätzlich ereignete sich 2017 ein großer Ausbruch mit 12 HUS-Erkrankungen (davon 1 Todesfall) und 4 EHEC-Enteritiden vorwiegend bei Kindern, der wegen des Erkrankungsbeginns des ersten Falls

im Dezember 2016 nachträglich dem Berichtsjahr 2016 zugerechnet wurde. Die Mehrzahl der Betroffenen in diesem Ausbruch erkrankte im Januar und Februar 2017. Der Ausbruchsstamm war ein sorbitol-fermentierender Shigatoxin-2-bildender EHEC O157. Es handelte sich um einen protrahierten, geografisch diffusen Ausbruch mit Schwerpunkt in Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen, Bremen und Berlin. Mittels einer Fall-Kontroll-Studie wurde abgepacktes Hackfleisch als wahrscheinliche Infektionsquelle ermittelt. Ob weitere vermeintlich sporadische HUS-Erkrankungen im selben Zeitraum ebenfalls zum Ausbruch gehören, ist wegen fehlender bzw. unzureichender Erregercharakterisierung nicht beurteilbar.

Die 7 Ausbrüche, die 2017 übermittelt wurden, umfassten jeweils 2 oder 3 Fälle, davon ein oder 2 HUS-Fälle. Sie ereigneten sich in privaten Haushalten (5 Ausbrüche) oder Kinderbetreuungseinrichtungen (2 Ausbrüche, beide durch EHEC der Serogruppe O157). Infektionsquellen konnten nicht ermittelt werden.

### Datenqualität

Seit 2003 werden Erkrankungen an enteropathischem HUS getrennt von EHEC übermittelt und ausgewertet. Seit dem Jahr 2006 werden übermittelte Häufungen, die mindestens eine HUS-Erkrankung enthalten, in dieser Übermittlungskategorie aufgeführt. Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC oder anderen HUS-assoziierten Erregern in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Untersuchungen abhängig. Die Diagnostik von EHEC ist aufwendig und wird in der klinischen Routine häufig nicht bis zur kulturellen Isolierung und Bestimmung der Serogruppe durchgeführt, die jedoch für die epidemiologische Beurteilung erforderlich ist.

Seit Mai 2008 führt das Robert Koch-Institut, unterstützt durch die Gesellschaft für Pädiatrische Nephrologie (GPN), zusätzlich eine aktive Surveillance von pädiatrischen HUS-Erkrankungen unter den pädiatrisch-nephrologischen Zentren in Deutschland durch. Es ist davon auszugehen, dass es seitdem zu einer vollständigeren Erfassung pädiatrischer HUS-Erkrankungen im Meldesystem kommt.

Bei der Betrachtung von Inzidenzunterschieden zwischen den Bundesländern sollte beachtet werden, dass sich in den bevölkerungsarmen Bundesländern bereits einzelne Fälle vergleichsweise stark auf die Inzidenz auswirken.

### Fazit

Die Zahl übermittelter HUS-Erkrankungen hat im Vergleich zu den Vorjahren deutlich zugenommen, was zumindest teilweise auf einen größeren Ausbruch im I. Quartal 2017 zurückzuführen ist. Der Anteil der HUS-Erkrankungen mit labordiagnostischem Nachweis einer EHEC-Infektion ist erfreulicherweise gestiegen, allerdings wurde nur bei etwa der Hälfte der EHEC-Nachweise eine Serogruppen-Informationen übermittelt. Das Fehlen von Serogruppen-Angaben wirkt sich erschwerend auf die Ausbruchserkennung aus.

### Literaturhinweise

- Vygen-Bonnet S, Rosner B, Wilking H, et al.: *Ongoing haemolytic uraemic syndrome (HUS) outbreak caused by sorbitol-fermenting (SF) Shiga toxin-producing Escherichia coli (STEC) O157, Germany, December 2016 to May 2017*. Euro Surveill 2017. doi: [www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22805](http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22805)
- Kuehne A, Bouwknegt M, Havelaar A, et al.: *Estimating true incidence of O157 and non-O157 Shiga toxin-producing Escherichia coli illness in Germany based on notification data of haemolytic uraemic syndrome*. Epidemiol Infect 2016; 144:3305–3315.
- S2k-Leitlinie Hämolytisch-urämisches Syndrom im Kindesalter. 2016. [www.awmf.org/uploads/tx\\_szleitlinien/166-002L\\_S2k\\_Haemolytisch-Uraemisches-Syndrom\\_2016-11\\_1.pdf](http://www.awmf.org/uploads/tx_szleitlinien/166-002L_S2k_Haemolytisch-Uraemisches-Syndrom_2016-11_1.pdf)
- Buchholz U, Bernard H, Werber D, et al.: *German outbreak of Escherichia coli O104:H4 associated with sprouts*. N Engl J Med 2011; 365:1763–1770.
- Preußel K, Höhle M, Stark K, Werber D: *Shigatoxin-producing Escherichia coli O157 is more likely to lead to hospitalization and death than non-O157 serogroups – except O104*. PLoS One 2013; 8:e78180.
- Scheutz F.: *Taxonomy Meets Public Health: The Case of Shiga Toxin-Producing Escherichia coli*. Microbiol Spectr 2014. doi: <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.EHEC-0019-2013>
- Werber D, Krause G, Frank C, et al.: *Outbreaks of virulent diarrhoeagenic Escherichia coli – are we in control?* BMC Med 2012; 10:11.

## 6.28 Influenza

### Saisonale Influenza



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **95.943**
- ▶ Starke Grippewelle, im Vergleich zum Vorjahr mit saisonal hohen Fallzahlen im I. Quartal
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter von 2 Jahren und Erwachsenen ab 80 Jahren
- ▶ Impfpräventabel (Impfung empfohlen für bestimmte Personengruppen)
- ▶ **2.166** Ausbrüche mit 9.364 Erkrankungen

#### Kurzbeschreibung

Die Influenza ist eine durch das Influenzavirus hervorgerufene, vorwiegend durch respiratorische Sekrete in Tröpfchenform übertragene Erkrankung, die sich typischerweise durch einen plötzlichen Beginn mit Fieber, Husten und Muskel- oder Kopfschmerzen auszeichnet. Weitere Symptome können allgemeine Schwäche, Schweißausbrüche, Schnupfen, aber auch Übelkeit, Erbrechen und Durchfall sein. Zu beachten ist jedoch, dass bei weitem nicht alle mit dem Influenzavirus Infizierten mit typischer Symptomatik erkranken. Schwere Verlaufsformen und Komplikationen können in jedem Lebensalter auftreten, betreffen jedoch vorwiegend ältere Menschen (> 60 Jahre) und solche mit chronischen Grunderkrankungen. Die Influenza tritt saisonal in sogenannten Grippewellen auf, die in Deutschland meist im Januar

oder Februar beginnen und innerhalb von 8 bis 12 Wochen ablaufen, sie können in einzelnen Jahren aber auch deutlich länger dauern. Die Stärke der Grippewellen schwankt von Jahr zu Jahr erheblich.

#### Falldefinition

Von den Gesundheitsämtern wurden 119.587 Influenza-Fälle übermittelt, davon entsprachen 95.943 (80 %) der Referenzdefinition (s. Tab. 6.28.1). Bei den 23.644 Fällen, die nicht der Referenzdefinition entsprachen, war entweder das klinische Bild nicht erfüllt oder nicht bekannt. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich nur auf humane saisonale Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen.

#### Zeitlicher Verlauf

Die Influenza-Erkrankungen der Grippewelle der Saison 2016/17 fielen fast vollständig in das Jahr 2017. Bundesweit erreichten die übermittelten Erkrankungen 2017 in der 6. Meldewoche (MW) ihren Höhepunkt (s. Abb. 6.28.1). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2017 betrug 117 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner, eine im Vergleich zum Vorjahr (80) deutlich höhere Inzidenz. Von der 40. MW 2017 an wurden 1.958 Influenza-Erkrankungen an das RKI übermittelt, die zur Grippewelle 2017/18 gerechnet werden.

#### Demografische Verteilung

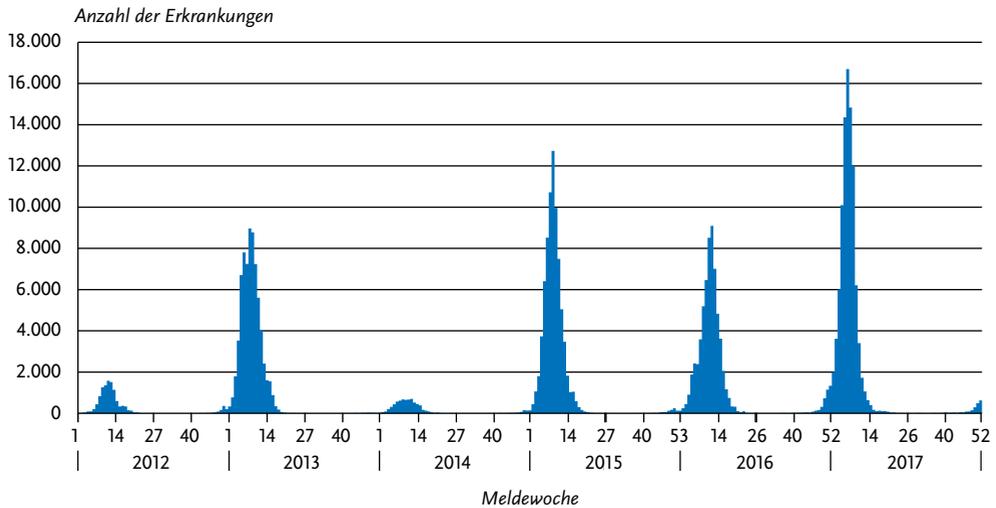
Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2017 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Kindergartenalter (insgesamt 286 Erkrankungen pro 100.000 Kinder im Alter

Tab. 6.28.1

Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4.504	6 %	4.296	4 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	61.206	76 %	91.647	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5.142	6 %	3.992	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10.066	12 %	19.652	16 %
alle	80.918	100 %	119.587	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>65.710</b>	<b>81 %</b>	<b>95.943</b>	<b>80 %</b>

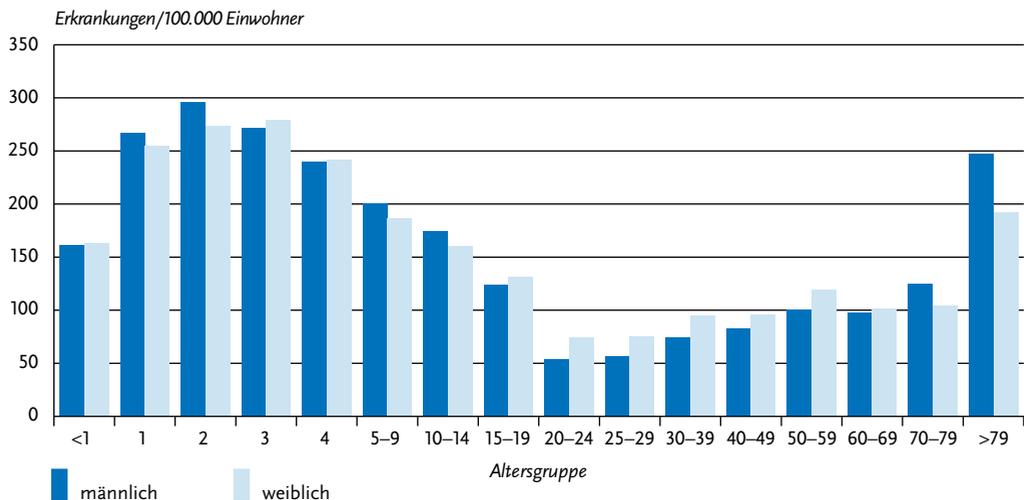
**Abb. 6.28.1:**  
Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2012 bis 2017



von 2 Jahren). Geschlechtsspezifisch lag der Gipfel bei Jungen im Alter von 2 Jahren (maximal 296 Erkr./100.000 Kinder) und bei Mädchen im Alter von 3 Jahren (maximal 279 Erkr./100.000 Kinder) (s. Abb. 6.28.2). Kinder sind durch die fehlende

bzw. geringere Grundimmunität und hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit, z. B. durch den Besuch von Gemeinschaftseinrichtungen, häufig von Influenza-Erkrankungen während einer saisonalen Grippewelle betroffen. Während die al-

**Abb. 6.28.2:**  
Übermittelte Influenza-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=95.637)



tersspezifische Inzidenz bei Jungen größer als bei Mädchen war, war bei Erwachsenen jüngeren und mittleren Alters die Inzidenz bei Frauen höher. Ursächlich könnte der engere Kontakt von Frauen dieser Altersgruppen zu erkrankten Kindern sein. Ab der Altersgruppe 70 bis 79 Jahre kehrte sich dieser Trend um. In der Folge war erneut die Inzidenz der Influenza-Erkrankungen bei Männern (125) höher als bei Frauen (104). Im Vergleich zum Vorjahr wurde zudem ein zweiter Altersgipfel in der Gruppe der >79-Jährigen verzeichnet. Auch hier lag die Inzidenz unter Männern mit 248 Erkr./100.000 Einw. höher als bei Frauen (192).

Insgesamt liegt der Altersmedian aller Influenza-Erkrankten der Saison 2016/17 in Folge des sehr hohen Anteils an erkrankten älteren Menschen mit 46 Jahren höher als im Vorjahr (20 Jahre).

### **Nachgewiesene Erreger**

Die beim Menschen relevanten Virustypen werden mit den Buchstaben A und B bezeichnet. Hierbei wird der Typ A in Subtypen unterteilt, die nach den Oberflächenproteinen Hämagglutinin (H) und Neuraminidase (N) benannt werden, wie zum Beispiel A(H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>). Influenza-B-Viren werden dagegen in 2 sogenannte Linien aufgegliedert (Yamagata- und Victoria-Linie). Die saisonalen Viren verändern ihre antigenen Eigenschaften über Jahre hinweg durch Punktmutationen ihres Genoms (Antigendrift), weshalb eine jährliche Überprüfung und gegebenenfalls eine Anpassung der Impfstoffkomponenten notwendig sind. Es wird jeweils ein Influenzaimpfstoff mit A(H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>)-, A(H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>)- und B-Komponente verwendet (trivalenter Influenzaimpfstoff). Seit der Saison 2013/14 sind auch quadrivalente Impfstoffe mit einer zusätzlichen B-Virus-Variante in Deutschland verfügbar, sodass jeweils eine Komponente für die Yamagata- und eine Komponente für die Victoria-Linie enthalten sind.

Unter den 90.351 als Influenza A oder Influenza B charakterisierten, übermittelten Influenza-Erkrankungen aus der 1. bis 22. MW 2017 waren Infektionen mit Influenza A dominant und damit deutlich häufiger (n=81.645; 90%) als Infektionen mit Influenza B (n=5.252; 5,8%). Insgesamt 3,8% (n=3.454) der Erreger wurden nicht nach Influenza A oder B differenziert. Bei den 76.749 Influenza-A-Erkrankungen mit bekanntem Subtyp wurde in der Grippewelle 2016/17 fast ausschließlich der Subtyp A(H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>) mit 94% nachgewiesen. Auch aus den Daten des Influenza-Sentinel der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) ergab sich eine Zirkulation mit einem deutlich höheren Anteil von Influenza-A(H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>)-Viren verglichen mit Influenza-A(H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>)pdm09-Viren.

Der Altersmedian der Patienten mit Influenza A (ohne Subtypisierung) lag bei 46 Jahren, der Altersmedian bei Patienten mit Influenza-A (H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>)- sowie Influenza-A(H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>)pdm09-Erkrankungen lag bei 29 Jahren. Unter den Influenza-B-Erkrankungen war der Altersmedian mit 40 Jahren höher. Im Vergleich zur Vorjahressaison waren hier die Altersunterschiede jedoch geringer ausgeprägt, meist aber deutlich höher als in der Saison 2015/16 (Influenza A: 35 Jahre, H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>: 22 Jahre, H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>pdm09: 33 Jahre, Influenza B: 12 Jahre).

**Klinische Aspekte**

Im Jahr 2017 wurde mit 27% ein leicht höherer Anteil an hospitalisierten Patienten im Vergleich zum Vorjahr (22%) übermittelt. Von den 22.316 hospitalisierten Influenzapatienten mit Altersangabe waren 14.753 (66%) 60 Jahre oder älter. Insbesondere bei Kleinkindern unter 5 Jahren und Erwachsenen ab 60 Jahren war der Anteil höher als bei älteren Kindern und Erwachsenen jüngeren und mittleren Alters. So wurde bei 24% der erkrankten Kinder unter 5 Jahren eine Hospitalisierung angegeben, dagegen nur bei rund 11% der 5- bis 14-Jährigen. Bei Erkrankten, die älter als 69 Jahre waren, wurde sogar ein Hospitalisierungsanteil von 69% übermittelt. Diese Angaben überschätzen die tatsächlichen Anteile der Krankenhausweisungen unter allen Influenza-Fällen, da es sich bei den übermittelten Fällen einerseits um laborbestätigte oder epidemiologisch bestätigte Erkrankungen handelt, die eher »typisch« bzw. schwer verliefen. Andererseits gehen ältere Menschen häufig nicht wegen einer akuten Atemwegserkrankung zum Hausarzt und werden dann erst bei schwerem Krankheitsverlauf mit Krankenhausweisung auf Influenza getestet.

Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenza-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Im Jahr 2017 wurden 441 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, bei denen die Influenzainfektion ursächlich zum Tod beigetragen hat.

Davon entfielen 89% auf die Altersgruppe der über 70-Jährigen und nur ein Prozent auf die unter 18-Jährigen. Der Altersmedian der Verstorbenen lag bei 84 Jahren und damit deutlich höher als im Vorjahr (63 Jahre).

### **Impfstatus**

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für schwere Krankheitsverläufe oder berufsbedingt ein erhöhtes Infektionsrisiko haben, wird die jährliche Influenzaimpfung im Herbst/Frühwinter durch die Ständige Impfkommission (STIKO) empfohlen.

Für die saisonale Influenza betrifft dies alle Personen ab 60 Jahre, Personen jeden Alters mit chronischen Vorerkrankungen, Schwangere ab dem 2. Trimenon sowie Personen mit erhöhter Gefährdung, z. B. medizinisches Personal. Die Dauer bis zum Aufbau des Immunschutzes nach Impfung beträgt etwa 10 bis 14 Tage. Adjuvantierte Impfstoffe gegen die saisonale Influenza sind nur für Personen zugelassen, die 65 Jahre oder älter sind. Bei Kindern mit erhöhter gesundheitlicher Gefährdung infolge eines Grundleidens, die das erste Mal gegen Influenza geimpft werden, wird laut Herstellerangaben bis zu einem gewissen Alter (meist 9 Jahre) eine 2-fache Impfung im Abstand von 4 Wochen empfohlen. Seit der Saison 2013/14 hat die STIKO ihre Empfehlung zur Impfung für Kinder mit einem Grundleiden ergänzt:

»Kinder und Jugendliche im Alter von 2 bis einschließlich 17 Jahren können mit inaktiviertem Impfstoff oder mit einem attenuierten Influenza-Lebendimpfstoff (LAIV) geimpft werden, sofern keine Kontraindikation besteht. Bei Hindernissen für eine Injektion (z. B. Spritzenphobie, Gerinnungsstörungen) sollte präferenziell LAIV verwendet werden.« Die grundsätzliche Empfehlung einer bevorzugten Anwendung von LAIV bei Kindern im Alter von 2 bis 6 Jahren wurde von der STIKO zurückgezogen.

Für die Saison 2016/2017 wurden folgende Komponenten des Impfstoffs gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen:

- ▶ Influenza-A(H1N1)-Komponente: ein A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09-ähnliches Virus
- ▶ Influenza-A(H3N2)-Komponente: ein A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)-ähnliches Virus
- ▶ Influenza-B-Komponente: ein B/Brisbane/60/2008-ähnliches Virus (Victoria-Linie)

Für quadrivalente Impfstoffe wurden die Antigene der oben genannten Viren sowie ein B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus (Yamagata-Linie) empfohlen.

Von den 95.943 für 2017 übermittelten Influenza-Erkrankungen waren 75.566 klinisch-labor-diagnostisch bestätigte Fälle mit einem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. KW 2017. Bei 58.667 Fällen (78%) lag eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 90% (53.020) als nicht geimpft und 10% (5.647) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.28.3). Im Vergleich dazu waren im vorangegangenen Jahr 5% der an Influenza erkrankten geimpft gewesen (2.027 geimpft).

Die folgende Auswertung beschränkt sich auf die Fälle, die eine saisonale Impfung in der Saison 2016/2017 mit einem Impfdatum zwischen dem 01.07.2016 und 30.06.2017 erhalten haben. Für 4.282 dieser Fälle lagen bewertbare Angaben zur Impfung vor. Insgesamt 4.206 Personen waren mehr als 14 Tage vor Erkrankungsbeginn geimpft worden. Davon waren 4.081 Fälle 9 Jahre und älter und 125 Fälle jünger als 9 Jahre. Fast zwei Drittel der Influenza-Fälle betraf Personen ab einem Alter von 60 Jahren (2.562, 61%).

Für Kinder unter 9 Jahren, die zum ersten Mal eine Influenza-Impfung erhalten, ist in den Fachinformationen der Impfstoffe eine 2-malige Grippeimpfung für die bevorstehende Saison empfohlen. Seit Januar 2016 wird die Anzahl der Impfungen nicht mehr erfasst. Daher kann nicht festgestellt werden, wie viele der 125 Kinder unter 9 Jahren 2-mal geimpft wurden. Wie viele der Kinder bereits in der vorherigen Saison gegen Influenza geimpft worden sind, ist ebenfalls unbekannt. Daher ist in dieser Altersgruppe (Kinder unter 9 Jahren) die Aussagekraft zu Impfdurchbrüchen weniger gut belegbar als bei den Erwachsenen. Bei Erwachsenen ist nach den Fachinformationen der Impfstoffhersteller eine einmalige Grippeimpfung pro Saison auch bei erstmaliger Impfung gegen Influenza ausreichend. Die 4.081 übermittelten Influenza-Fälle zwischen der 1. und der 22. Meldeweche mit einem Alter von mindestens 9 Jahren sind somit als mögliche Impfdurchbrüche zu werten.

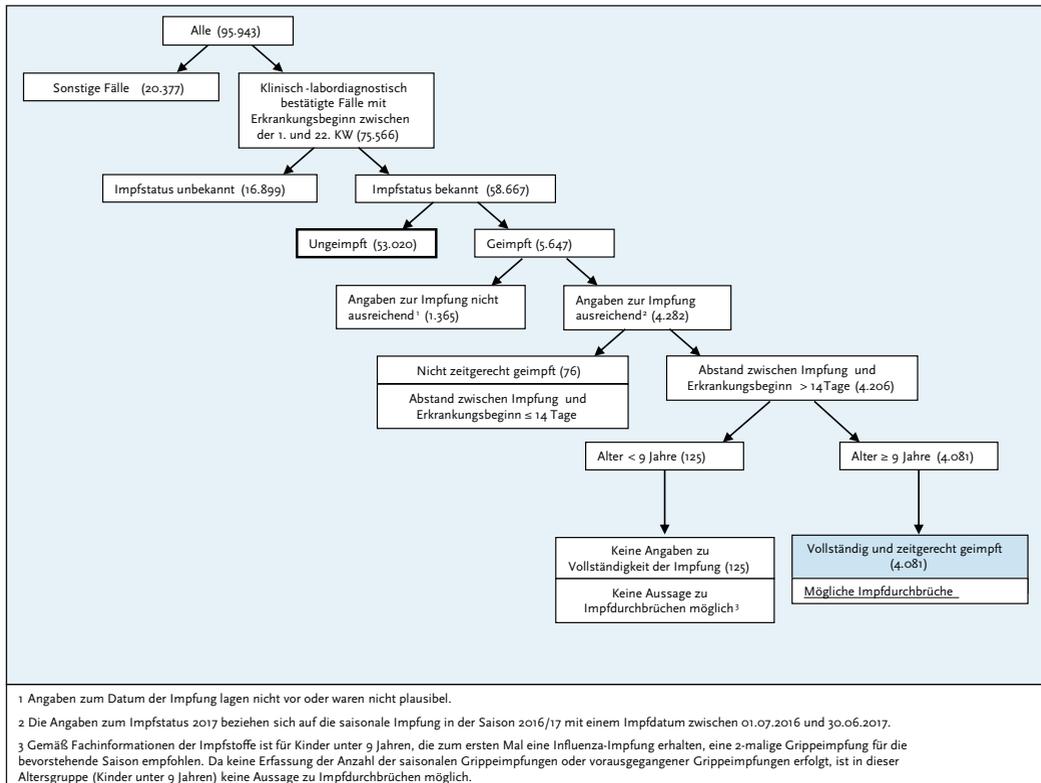
Obwohl die Influenza-Impfung bei älteren Menschen im Vergleich zu jungen Erwachsenen weniger wirksam ist, rät die STIKO allen Menschen ab 60 Jahren aufgrund des höheren Risikos

für einen schweren Krankheitsverlauf zu einer jährlichen Influenzaimpfung. In der Saison 2016/17 waren jedoch deutschlandweit nur 35% der Menschen ab 60 Jahren geimpft. Zusätzlich zur Impfung ist infektionshygienisches Verhalten wie die Vermeidung des engen Kontakts zu Erkrankten und häufiges Händewaschen insbesondere während der Grippewelle unabhängig vom Impfstatus empfehlenswert. Die für Geschlecht, Altersgruppe, Vorliegen einer Grunderkrankung und Erkrankungswoche adjustierte Wirksamkeit der Impfung in der Saison 2016/17 gegen eine laborbestätigte Influenza A(H3N2) wurde basierend auf den Daten aus der virologischen Surveillance der AGI als niedrig eingeschätzt und lag bei 21% (95%-Vertrauensbereich -12 bis 44%).

**Ausbrüche**

Im Jahr 2017 wurden 2.166 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 9.364 Erkrankungen im Alter zwischen 0 und 111 Jahren übermittelt. Durchschnittlich waren pro Ausbruch 4 Fälle beteiligt. Etwa die Hälfte (53%) der Ausbrüchefälle gehörten zu 324 größeren Ausbrüchen mit jeweils 5 oder mehr Fällen. Der Altersmedian der im Rahmen von Ausbrüchen erkrankten Fälle mit bekanntem Alter (n=9.284) lag mit 43 Jahren leicht unter dem Altersmedian aller Fälle (46 Jahre, s. o.). Fast ein Drittel (36%) aller Ausbruchsfälle waren 0 bis 17 Jahre alt, und damit im Kindergarten- oder Schulalter. Diese Fälle bilden die häufige Meldung und Übermittlung von Ausbrüchen in Kindergärten und Schulen ab. Ursächlich ist die große Anzahl von Infektionen von Kindern, die erstmals mit Influenzaviren in Kontakt kommen und ohne

**Abb. 6.28.3:** Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=95.943)



vorbestehende Immunität leicht erkranken. Aber auch in Einrichtungen für ältere Menschen wurden Influenza-Ausbrüche identifiziert. Hier wurden im Vergleich zum Vorjahr wieder mehr Fälle übermittelt. Insgesamt waren 27% der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt (2.467 Fälle; Vorjahr: 363 Fälle, 4%). Von ihnen wurde etwas mehr als die Hälfte hospitalisiert (55%) und rund 3% verstarben (65 Fälle). Das waren 0,7% der Todesfälle, die 2017 als influenzabedingt verstorben übermittelt wurden (insgesamt 441, s. o.).

### Datenqualität

Da die Meldung von Influenza an den laboridiagnostischen Nachweis gekoppelt ist, die meisten Erkrankungen im Verlauf einer Grippewelle aber rein klinisch diagnostiziert werden, liegt eine erhebliche Untererfassung von Influenza-Erkrankungen vor. Außerdem steigt der Anteil der Fälle, die die Referenzdefinition nicht erfüllen, weiter an, sobald keine Angaben zum klinischen Bild vorliegen. Diese Fälle werden jedoch in der regelmäßigen Influenzaberichterstattung des RKI zusätzlich ausgewertet. Die dargestellten Daten werden aber auch davon beeinflusst, wie viele Ärzte sich im Rahmen ihrer Mitarbeit entweder in der AGI oder bei Initiativen der Bundesländer an laboridiagnostisch unterstützten Surveillance-Aktivitäten sowie z. B. an Studien zu Influenza von Universitäten oder pharmazeutischen Unternehmen beteiligen. Für geografische Vergleiche auf Bundesland- oder Landkreisebene eignet sich die Inzidenz der gemäß IfSG gemeldeten Fälle aus diesem Grund nicht.

Auch der Vergleich der Inzidenzen über mehrere Jahre würde bei Influenza zu Fehlinterpretationen führen, da die oben geschilderten Initiativen teilweise nur für eine Saison durchgeführt oder neue diagnostische Netzwerke etabliert werden, die die Zahl der Fälle dann ab einer bestimmten Saison steigen lassen.

Inbesondere seit der Pandemie 2009, aber auch in den folgenden Jahren haben Krankenhäuser die laboridiagnostische Absicherung einer Influenza-Erkrankung verstärkt in die Routineuntersuchungen integriert (auch im Rahmen sogenannter Multiplex-Nachweismethoden), sodass mehr hospitalisierte, an Influenza erkrankte Fälle zur Meldung gelangten und übermittelt wurden.

Die Anteile der Hospitalisierten und der Todesfälle unter den übermittelten Fällen spiegeln daher nicht die realen Anteile in der Bevölkerung wider, sondern werden überschätzt.

Für die Bewertung der Krankheitslast und eine geografische Auswertung sind die Daten, die im Rahmen der Sentinelsurveillance der AGI erhoben werden, besser geeignet. Das Meldesystem gibt hingegen den zeitlichen Verlauf der jeweiligen Erkrankungswellen und die Betroffenheit der einzelnen Altersgruppen durch Influenza gut wieder. Vor dem Hintergrund stark erhöhter Aktivität und der hohen Anzahl schwerer Verläufe wurde die Grippewelle in der Saison 2016/17 nach Auswertungen der AGI als schwer eingestuft.

### Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Erkrankungen sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2016/17 spiegeln eine deutlich stärkere Grippewelle im Vergleich zum Vorjahr wider. Die Altersgruppe der Kleinkinder war am häufigsten betroffen, ein zweiter Altersgipfel zeichnete sich bei Erwachsenen ab 80 Jahren ab. In letzterer Altersgruppe waren zudem Hospitalisierungen weitaus häufiger zu verzeichnen. Mit 84 Jahren lag der Altersmedian der Todesfälle mit Influenza deutlich höher im Vergleich zum Vorjahr. Der Anteil der Hospitalisierten unter den übermittelten Influenza-Fällen insgesamt ist jedoch im Vergleich zum Vorjahr nur leicht höher. Mit den übermittelten Influenza-Fällen wird die wirkliche Zahl der Influenza-Erkrankungen stark unterschätzt, der Anteil der Todesfälle und Hospitalisierungen an den übermittelten Fällen aber überschätzt.

Im Vergleich zum Vorjahr wurde eine niedrige Wirksamkeit des Impfstoffes gegen das dominant zirkulierende Influenza-A(H3N2)-Virus berechnet. Impfdurchbrüche wurden mehrheitlich in der Altersgruppe der ab 60-jährigen verzeichnet.

### Literaturhinweise

- Buda S, Prahm K, Preuß U, et al.: *Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland – Saison 2016/17*. <https://influenza.rki.de/Saisonbericht.aspx>
- Reuß A, Preuß U, Wedde M, Schweiger B. *Wirksamkeit der Impfung gegen saisonale Influenza (Impfeffektivität)*. In:

Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland – Saison 2016/17: 90–92. <https://influenza.rki.de/Saisonbericht.aspx>

- Weidemann F, Remschmidt C, Buda S, Buchholz U, Ultsch B, Wichmann O: *Is the impact of childhood influenza vaccination less than expected: a transmission modelling study*. BMC Infect Dis 2017; 17. doi: 10.1186/s12879-017-2344-6
- Lehnert R, Pletz M, Reuss A, Schaberg T: *Antiviral medications in seasonal and pandemic influenza – a systematic review*. Dtsch Arztebl Int 2016; 113:799–807. 10.3238/arztebl.2016.0799
- Buda S, Tolksdorf K, Schuler E, Kuhlen R, Haas W: *Establishing an ICD-10 code based SARI-surveillance in Germany – description of the system and first results from five recent influenza seasons*. BMC Public Health 2017; 17. doi: 10.1186/s12889-017-4515-1
- Vestergaard LS, Nielsen J, Krause TG, et al.: *Excess all-cause and influenza-attributable mortality in Europe, December 2016 to February 2017*. Euro Surveill 2017; 22. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.14.30506
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die Empfehlung des quadrivalenten saisonalen Influenzaimpfstoffs*. Epid Bull 2018; 2:19–28.
- Rieck T, Feig M, Siedler A, Wichmann O: *Impfquoten ausgewählter Schutzimpfungen in Deutschland*. Epid Bull 2018; 1:11–14.
- STIKO: *Neuerungen in den Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2017/2018*. Epid Bull 2017; 35:381–384.
- STIKO: *Wissenschaftliche Begründung für die geänderte Empfehlung zur Anwendung von Influenza-Impfstoffen bei Kindern und Jugendlichen im Alter von 2–17 Jahren*. Epid Bull 2017; 35:384–385.
- RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## Zoonotische Influenza A

### Kurzbeschreibung

Für zoonotische Erkrankungen kommen nur Influenza-A-Viren in Frage. In Tieren zirkulieren Spezies-spezifische Influenza-A-Viren weltweit in Populationen von Vögeln, Schweinen und Pferden, wobei Vögel das Hauptreservoir bilden. In bestimmten Regionen sind auch Hunde (Südostasien, USA) und Katzen (Südostasien) von endemischen Influenza-A-Virusinfektionen betroffen. Weltweit sind bisher humane symptomatische Infektionen durch Virusübertragungen von Vögeln und Schweinen auf den Menschen bekannt geworden. Das Nationale Referenzzentrum für Influenza hat zwischen 2007 und 2011 bei 5 Patienten in Deutschland eine Infektion mit Schweineinfluenzaviren bestätigt. Diese Fälle sind im Epidemiologischen Bulletin 39/2011 näher beschrieben.

Neben den nachfolgend ausführlicher beschriebenen humanen Erkrankungen durch aviäre Influenzaviren der Subtypen A(H<sub>5</sub>N<sub>1</sub>), A(H<sub>5</sub>N<sub>6</sub>) und A(H<sub>7</sub>N<sub>9</sub>) sind seit 2013 in China auch einzelne humane Erkrankungen durch die aviären Influenza-Subtypen A(H<sub>9</sub>N<sub>2</sub>) und A(H<sub>10</sub>N<sub>8</sub>) aufgetreten. In Ostasien zirkulieren seit 2013 insbesondere Reassortanten einer H<sub>5</sub>N<sub>1</sub>-Variante in Geflügelbeständen (H<sub>5</sub>N<sub>2</sub>, H<sub>5</sub>N<sub>3</sub>, H<sub>5</sub>N<sub>5</sub>, H<sub>5</sub>N<sub>8</sub>, H<sub>5</sub>N<sub>6</sub>), die sich inzwischen wahrscheinlich durch den Vogelzug von Wildvögeln auch nach Europa und Nordamerika weiterverbreitet und Geflügelbestände infiziert haben.

### Aviäre Influenza A(H<sub>5</sub>N<sub>1</sub>)

Das Reservoir der Erreger der aviären Influenza sind Wasservögel. Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel hoch pathogenen) aviären Influenza A(H<sub>5</sub>N<sub>1</sub>) bei Wildvögeln und Hausgeflügel in mehr als 60 Ländern auf 3 Kontinenten ausgebreitet. Zu Erkrankungen von Menschen kam es bisher vorwiegend durch engen, direkten Kontakt mit erkranktem oder totem Geflügel. In mehreren außereuropäischen Ländern gab es Cluster mit mindestens 2 epidemiologisch verbundenen menschlichen Fällen, die größtenteils auf eine gemeinsame Exposition zu Geflügel zurückgeführt wurden. Es ist allerdings wahrscheinlich, dass vereinzelt Übertragungen von Mensch zu Mensch stattgefunden haben.

Insgesamt bestätigte die WHO von 2003 bis Januar 2018 (Datenstand: 25.01.2017) bei 860 Personen aus 16 Ländern Erkrankungen an aviärer Influenza A(H<sub>5</sub>N<sub>1</sub>), von denen 454 (53 %) verstarben. Die höchsten Fallzahlen wurden dabei von 2004 bis 2005 in Vietnam, von 2006 bis 2008 in Indonesien und von 2009 bis 2016 in Ägypten verzeichnet. In 2017 wurden 3 humane Erkrankungen mit der aviären Influenza A(H<sub>5</sub>N<sub>1</sub>) aus Ägypten und eine aus Indonesien gemeldet. Der letzte Fall wurde am 27. September 2017 gemeldet (Datenstand: 10. März 2018) Bisher war die Letalität der in Ägypten identifizierten Fälle niedriger als in anderen Ländern. Die von Jahr zu Jahr schwankende Letalität kann teilweise durch eine jeweils unterschiedliche geografische Verteilung der verschiedenen zirkulierenden Influenza-A(H<sub>5</sub>N<sub>1</sub>)-Virusstämme (Clades) sowie der je nach Gesundheitssystem der Länder unterschiedlich

schnellen Identifikation und nachfolgenden Behandlung der Fälle bedingt sein.

### **Aviäre Influenza A(H7N9)**

Im April 2013 wurde in China bei Hühnern, Enten und zum Verzehr bestimmten Tauben sowie in Umgebungsproben von Geflügelmärkten ein neues aviäres (für Geflügel niedrig pathogenes) Influenza-A(H7N9)-Virus identifiziert, nachdem dieses Virus zunächst erstmals bei 3 schwer erkrankten Menschen in Shanghai und der Provinz Anhui nachgewiesen worden war. Seither wurden jährlich im Winterhalbjahr Erkrankungshäufungen mit humanen Infektionen durch Influenza-A(H7N9)-Viren in China gemeldet. Seit 2013 wurden der WHO insgesamt 1.567 laborbestätigte Fälle von Infektionen mit aviären Influenza-A(H7N9)-Viren gemeldet (Datenstand: 10. März 2018), darunter mindestens 613 (39%) Todesfälle. China erlebt derzeit seine sechste Erkrankungshäufung von A(H7N9)-Infektionen beim Menschen. Während der fünften Welle, die vom 1. Oktober 2016 bis zum 30. September 2017 gedauert hatte, berichtete die WHO von 766 menschlichen Infektionen mit dem asiatischen H7N9-Virus und ist damit die bisher größte H7N9-Epidemie. Im Februar 2017 wurde erstmals von Nachweisen eines neuen Influenza-A(H7N9)-Virus in China berichtet, das für Geflügel hochpathogen ist. Während der fünften Erkrankungswelle in der Saison 2016/17 wurden 25 humane Fälle identifiziert, die mit dem hoch pathogenen Influenza-A(H7N9)-Virus infiziert waren. Unterschiede in der Krankheitsschwere der humanen Fälle zwischen niedrig und hoch pathogenen Influenza-A(H7N9)-Viren wurden bisher nicht gezeigt. Die Letalität nach einer Influenza-A(H7N9)-Infektion hat sich nicht wesentlich verändert, sie lag bisher je nach Erkrankungswelle zwischen 32 % und 44 %

Eine begrenzte Mensch-zu-Mensch-Übertragung wurde nur in Einzelfällen beobachtet, zu einer fortgesetzten Übertragung zwischen Menschen ist es bisher aber nicht gekommen. Ein Großteil der Fälle geht auf Kontakt mit infiziertem Geflügel oder verunreinigter Umgebung wie z. B. Geflügelmärkte zurück. Um die Ausbreitung von Infektionen zu begrenzen, hat die chinesische Regierung Ende 2017 landesweit ein Impfprogramm für Geflügel gestartet.

Das Risiko einer fortgesetzten Übertragung zwischen Menschen wird weiterhin als gering bewertet.

Bis 2017 wurde das Influenza-A(H7N9)-Virus nicht in Geflügelbeständen außerhalb Chinas nachgewiesen. Im März 2017 berichteten die USA über einen anderen Stamm von hochpathogener aviärer Influenza A(H7N9) in einem Hühnerbestand. Basierend auf der Genomsequenzanalyse war dieses Virus nicht das gleiche wie das A(H7N9)-Virus, das Geflügel und Menschen in Asien infiziert hat.

Am 14. Februar 2018 hat die Nationale Gesundheits- und Familienplanungskommission (NHFPC) Chinas der WHO einen Fall einer humanen Infektion mit dem Vogelgrippevirus A(H7N4) gemeldet. Dies ist der erste Bericht über einen menschlichen Fall einer Infektion mit dem Vogelgrippevirus A(H7N4) weltweit. Die Patientin hatte von einer Exposition gegenüber lebendem Geflügel vor Beginn der Symptome berichtet. Am 1. Januar 2018 wurde sie in ein Krankenhaus zur Behandlung einer schweren Lungenentzündung eingeliefert und nach 21 Tagen geheilt entlassen. Die genetische Analyse dieses Influenza-A(H7N4)-Virus weist darauf hin, dass es ebenfalls aviären Ursprungs ist.

### **Aviäre Influenza A(H5N6)**

Möglicherweise bedingt durch die intensiviertere Influenzasurveillance in China wegen des Auftretens von humanen Fällen mit Influenza A(H7N9), wurden insgesamt 19 labordiagnostisch bestätigte humane Fälle mit (für Geflügel hoch pathogener) aviärer Influenza A(H5N6) von 2014 bis zum 10.03.2018 in China identifiziert und an die WHO berichtet, darunter 6 Todesfälle.

### **Aviäre Influenza A(H9N2)**

Influenza-A(H9N2)-Viren und ihre Reassortanten stellen eine zunehmende Bedrohung für Vögel und Menschen in China dar. In den Jahren 2009 bis 2013 sind in China mehrere neuartige Influenza-A-Subtypen mit ursprünglich aus Influenza-A(H9N2)-Viren stammenden Genen entstanden. Aviäre Influenzaviren des Subtyps A(H9N2) selbst haben ebenfalls in den letzten Jahren vereinzelt zu humanen Erkrankungen in Asien geführt. Jedoch waren die Symptome in den bisher beschrie-

benen Fällen eher mild und ähnelten denen einer saisonalen Influenza.

### Situation in Deutschland

In Deutschland müssen seit dem 01.05.2016 Verdachts-, Erkrankungs- und Todesfälle von zoonotischer Influenza beim Menschen gemäß der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung gemeldet werden. Beim Eingang einer Verdachtsmeldung von zoonotischer Influenza am Gesundheitsamt sollte unverzüglich eine Übermittlung gemäß § 12 IfSG erfolgen. Das RKI hat für humane Fälle mit Influenza-A(H5N1)- und Influenza-A(H7N9)-Infektion jeweils eine Falldefinition zur Fallfindung, Meldung und Übermittlung veröffentlicht. Bei einigen wenigen humanen Verdachtsfällen von Influenza A(H7N9), die gemeldet und gemäß § 12 Abs. 1 IfSG an das RKI übermittelt wurden, konnte das Nationale Referenzzentrum für Influenza den Verdacht auf aviäre Influenzavirus-Infektion nach Analyse der Patientenproben in allen Fällen ausschließen. In Deutschland wurden bislang keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza übermittelt.

Nach 2009 wurde im November 2014 erstmals wieder hochpathogene aviäre Influenza (HPAI) in einer Geflügelhaltung in Deutschland festgestellt. Das bis dahin in Europa noch nicht identifizierte HPAI-A(H5N8)-Virus wurde nachfolgend auch in Geflügelbeständen in den Niederlanden und im Vereinigten Königreich sowie im Januar 2015 in weiteren Geflügelbeständen in Deutschland nachgewiesen. Seit November 2016 ist das HPAI-A(H5N8)-Virus erneut bei Wildvögeln und Geflügel in fast allen Teilen Deutschlands und in zahlreichen Ländern Europas nachgewiesen worden. Im Frühsommer 2017 ist diese A(H5N8)-Epidemie allerdings wieder zurückgegangen. Seit Dezember 2016 zirkulierte zudem der ebenfalls hochpathogene Subtyp A(H5N5) unter Wildvögeln in Deutschland. Anfang Januar 2018 berichtete Bayern über einen Fall von HPAI A(H5N6) in einem Wildvogel und Schleswig-Holstein im März über einen Eintrag in einen kleinen Geflügelbestand, aber nach bisherigen Ergebnissen handelt es sich nicht um das A(H5N6)-Virus in Südostasien, das Infektionen beim Menschen verursacht hat (Stand: 09.01.2018).

### Literaturhinweise

- Widdowson MA, Bresee JS, Jernigan DB: *The Global Threat of Animal Influenza Viruses of Zoonotic Concern: Then and Now*. J Infect Dis 2017; 216:S493-S498. doi: 10.1093/infdis/jix331
- Belay ED, Kile JC, Hall AJ: *Zoonotic Disease Programs for Enhancing Global Health Security*. Emerg Infect Dis 2017; 23 (Suppl.). doi: 10.3201/eid2313.170544
- WHO: *Monthly Risk Assessment Summary: Influenza at the Human-Animal Interface*. www.who.int/influenza/human\_animal\_interface/HAI\_Risk\_Assessment/en
- Friedrich-Loeffler-Institut: *Ungekürzte Risikobewertung zu Einschleppung und Auftreten von HPAIV H5 vom 08.11.2017* [https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar\\_derivate\\_00006669/HPAI\\_Risikobewertung\\_2017-11-08.pdf](https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00006669/HPAI_Risikobewertung_2017-11-08.pdf)
- WHO (2017): *Weekly epidemiological record: Human cases of influenza at the human-animal interface, January 2015–April 2017*. <http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/258731/1/WER9233.pdf>
- Harder TC, Buda S, Hengel H, Beer M, Mettenleiter TC: *Poultry food products—a source of avian influenza virus transmission to humans?* Clin Microbiol Infect 2016; 22:141–146.
- RKI: *Aviäre Influenza (Geflügelpest, Vogelgrippe)*. www.rki.de/DE/Content/InfAZ/A/AviaereInfluenza/AviaereInfluenza.html
- RKI-Ratgeber (2018). www.rki.de/ratgeber

## 6.29 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **16.834**
- ▶ Zunahme der Erkrankungszahl um 22 % gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern und Jugendlichen mit einem Maximum bei Säuglingen
- ▶ Keine Todesfälle aufgrund von Keuchhusten
- ▶ 79 % der übermittelten Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus waren unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ 777 Ausbrüche mit 2.388 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Keuchhusten ist eine hochansteckende respiratorische Infektionskrankheit, die durch das gramnegative Bakterium *Bordetella pertussis*, seltener durch *B. parapertussis* verursacht wird. Nach unspezifischen, erkältungsähnlichen Symptomen

Tab. 6.29.1:

Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	465	2%	451	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	13.348	60%	16.383	63%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5.755	26%	6.692	26%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.591	12%	2.492	10%
alle	22.159	100%	26.018	100%
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>13.813</b>	<b>62%</b>	<b>16.834</b>	<b>65%</b>

von 1 bis 2 Wochen Dauer entwickelt sich der charakteristische anfallartige Husten, der häufig mit Atemnot und Erbrechen einhergeht und erst über mehrere Wochen bis Monate abklingt. Bei Jugendlichen oder Erwachsenen ist das klinische Bild häufig weniger stark ausgeprägt. Bei Säuglingen können klinisch Apnoen im Vordergrund stehen. Komplikationen wie Lungenentzündungen, Atelektasen, Mittelohrentzündungen, seltener zerebrale Krampfanfälle oder Enzephalopathien treten vor allem bei Säuglingen auf. Gegen *B. pertussis* stehen verschiedene Totimpfstoffe zur Verfügung. Während Keuchhusten in den östlichen Bundesländern bereits gemäß Landesverordnungen meldepflichtig war, besteht erst seit dem 29.03.2013 gemäß IfSG eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore.

#### Falldefinition

Von 26.018 im Jahr 2017 übermittelten Keuchhusten-Fällen erfüllten 9.184 (35%) nicht die Referenzdefinition, da Angaben zum klinischen Bild fehlten oder unzureichend waren. Dieser Anteil ist im Vergleich zum Vorjahr (38%) leicht zurückgegangen und ist mit 40% (8.181 von 20.402 Erkrankungen) in den westlichen Bundesländern deutlich höher als in Berlin und den 5 östlichen Bundesländern mit 18% (1.003 von 5.611 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 16.834 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.29.1).

#### Zeitlicher Verlauf

Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 22% zu. Die Keuch-

husten-Erkrankungen traten im gesamten Jahresverlauf auf, jedoch etwas häufiger im I. Quartal mit 29% aller Erkrankungen (s. Abb. 6.29.1).

#### Geografische Verteilung

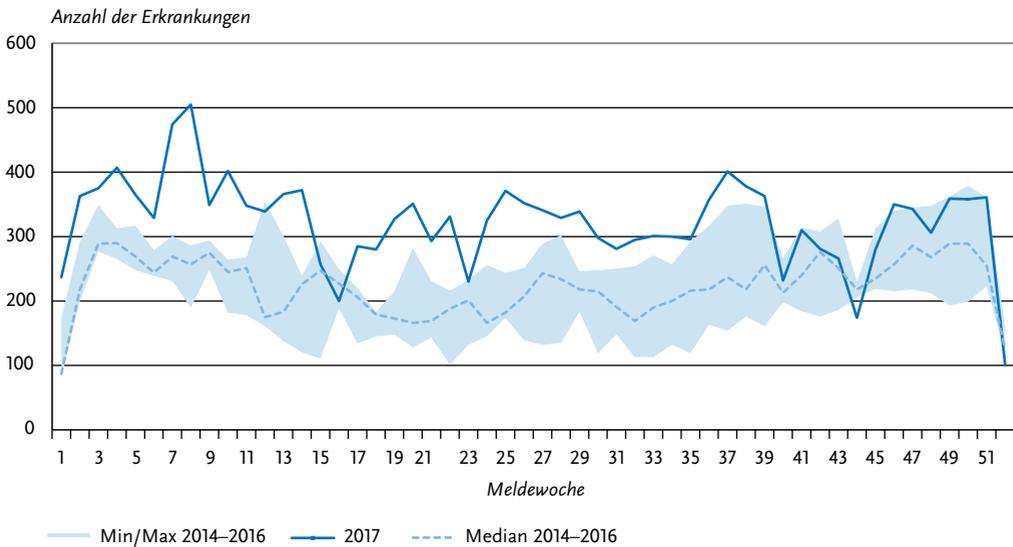
Die bundesweite Inzidenz lag bei 20 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 17 Erkr./100.000 Einw.). Dabei lag die Inzidenz in den 5 östlichen Bundesländern sowie in Berlin (nur geringfügig), Bayern und Hamburg über diesem Wert und in den übrigen Bundesländern darunter (s. Abb. 6.29.2). Die Inzidenz stieg mit Ausnahme von Baden-Württemberg und Berlin in allen Bundesländern im Vergleich zu den Vorjahren an. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 10.048 Erkrankungen (60%) vor (10.072 Nennungen; Mehrfachnennungen möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (98% der Nennungen).

#### Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten mit 77 Erkr./100.000 Einw. bei Säuglingen auf. Die zweithöchste Inzidenz fand sich bei den 10- bis 14-jährigen Kindern mit 53 Erkr./100.000 Einw. Die restlichen Altersgruppen unter den Kindern und Jugendlichen wiesen zwar niedrigere, aber durchweg Inzidenzen von über 30 Erkr./100.000 Einw. auf, während diese bei den Erwachsenen im Alter ab 20 Jahren zwischen 7 (bei den über 79-jährigen) und 19 Erkr./100.000 Einw. (40- bis 49-jährige) lag.

Insgesamt lag die Inzidenz bei weiblichen Personen mit 23 Erkr./100.000 Einw. höher als

**Abb. 6.29.1:**  
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2017 (n=52.077) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.29.2:**  
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=16.829)

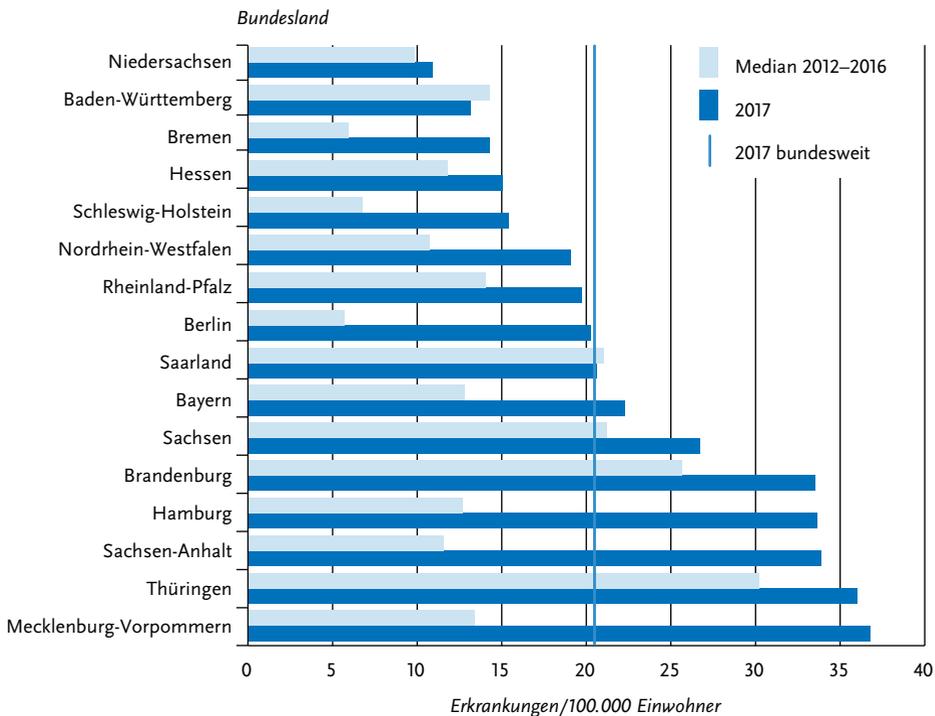
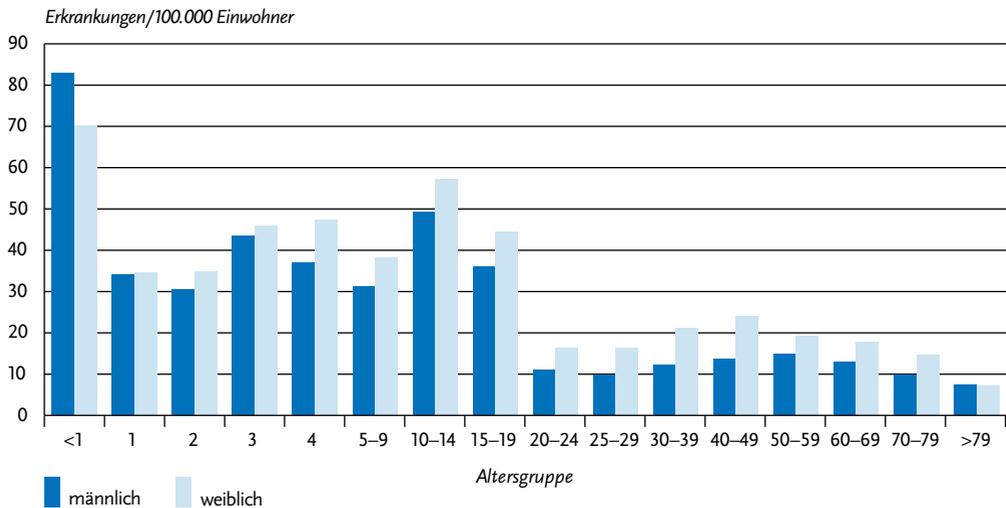


Abb. 6.29.3:  
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=16.790)



bei männlichen (18). Nur bei Säuglingen sowie (geringfügig) bei den über 79-Jährigen waren männliche Personen stärker betroffen (s. Abb. 6.29.3).

#### Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen für 15.087 (90 %) der 16.834 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor (Vorjahr: 77 %). Davon waren ähnlich wie im Vorjahr 96 % *B. pertussis* und 4 % *B. parapertussis*.

#### Klinische Aspekte

Für 15.190 der Fälle (90 %) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 872 (6 %) aufgrund ihrer Erkrankung im Krankenhaus behandelt. Dieser Anteil war bei erkrankten Säuglingen mit 53 % (294 von 554) deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen: Bei einjährigen Kindern lag er noch bei 11 %, bei 2- bis 69-Jährigen zwischen 2 und 5 %, bei 70- bis 79-Jährigen bei 10 % und ab dem Alter von 80 Jahren bei 22 %. Apnoen wurden bei 90 (16 %) der 571 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Für 16.643 der übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen (99 %) lag eine Angabe zum Vitalstatus vor. Kein Fall wurde als verstorben übermittelt.

#### Impfstatus

Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 4 Impfdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten. Zudem empfiehlt sie Auffrischimpfungen im Vorschul- und Jugendalter sowie für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung mit einem niedrigdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoff (ap). Die Entscheidung, ob bei einem beobachteten Impfstatus ein Immunschutz zu erwarten ist, basiert auf diesen Empfehlungen, die wiederum auf Studien zur Immunogenität und Impfeffektivität beruhen. Tabelle 6.29.2 zeigt für verschiedene Altersgruppen die Mindestanzahl erforderlicher Impfdosen und die erwartete Dauer des Immunschutzes ab dem Zeitpunkt der letzten Impfung, wobei der Immunschutz erst 3 Wochen nach der letzten Impfung als zuverlässig gilt. Dementsprechend werden Erkrankungen, die bei einer altersentsprechenden Anzahl von Impfungen und im Zeitfenster mit anzunehmendem Immunschutz auftreten, als wahrscheinliche Impfdurchbrüche gewertet.

In die Bewertung der Impfdurchbrüche wurden nur Erkrankungen eingeschlossen, für die

eine Erregerangabe »*B. pertussis*« vorlag, oder solche mit fehlender Erregerangabe, für die ein serologischer Nachweis von Pertussistoxin-Antikörpern vorlag (insges. 15.481 Erkrankungen) (s. Abb. 6.29.4). Dieser Nachweis ist spezifisch für *B. pertussis*. Da *B. parapertussis* nicht impfpräventabel ist, wurden Fälle mit der Erregerangabe »*B. parapertussis*« sowie mit fehlender Erregerangabe, die nicht serologisch nachgewiesen wurden, ausgeschlossen. Von den eingeschlossenen Fällen lag für 12.868 (83 %) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 6.909 (54 %) nicht geimpft und 5.959 (46 %) geimpft. Von den als geimpft übermittelten Fällen waren die Angaben zur Bewertung des Impfstatus, nämlich die Anzahl der Impfdosen oder das Datum der letzten Impfung bzw. das Alter bei der letzten Impfung bei 2.221 (37 %) unvollständig oder nicht plausibel, so dass der Impfstatus nur für 3.738 (63 %) dieser Fälle bewertet werden konnte. Somit war der Impfstatus bei 10.647 Fällen bewertbar (6.909 Fälle mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 3.738 Fälle mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen); dies waren 69 % der 15.481 Pertussis-Erkrankungen, die in die Bewertung des Impfstatus einbezogen wurden. Von den bewertbaren als geimpft übermittelten Fällen wurde bei 2.200 der Impfstatus als vollständig und zeitgerecht bewertet; es handelt sich daher um wahrscheinliche Impfdurchbrüche. Dies waren 59 % der als geimpft übermittelten Fälle und 21 % aller Fälle mit bewertbarem Impfstatus. Somit waren 79 % der übermittelten Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft.

### Ausbrüche

Insgesamt traten 2.388 der 16.834 (14 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen im Rahmen von 777 Häufungen auf. Von diesen Häufungen

umfassten 689 weniger als 5 Erkrankungen (1.659 Erkrankungen) und 88 mindestens 5 Erkrankungen (729 Erkrankungen). Bei den 88 Häufungen mit mindestens 5 Erkrankungen lag für 61 (69 %) eine Angabe zum Umfeld vor. Am häufigsten traten Ausbrüche in Kindertagesstätten, Schulen oder anderen Betreuungseinrichtungen auf (39; 64 %), gefolgt von Wohnstätten (darunter 1 Flüchtlings-/Asylbewerberheim) oder privaten Haushalten (20; 33 %). Die Mehrzahl der Häufungen mit < 5 Erkrankungen trat in Privathaushalten auf (84 % der 528 Häufungen mit Angabe zum Umfeld) gefolgt von Kindertagesstätten, Schulen oder anderen Betreuungsstätten (zusammen 11 %).

### Datenqualität

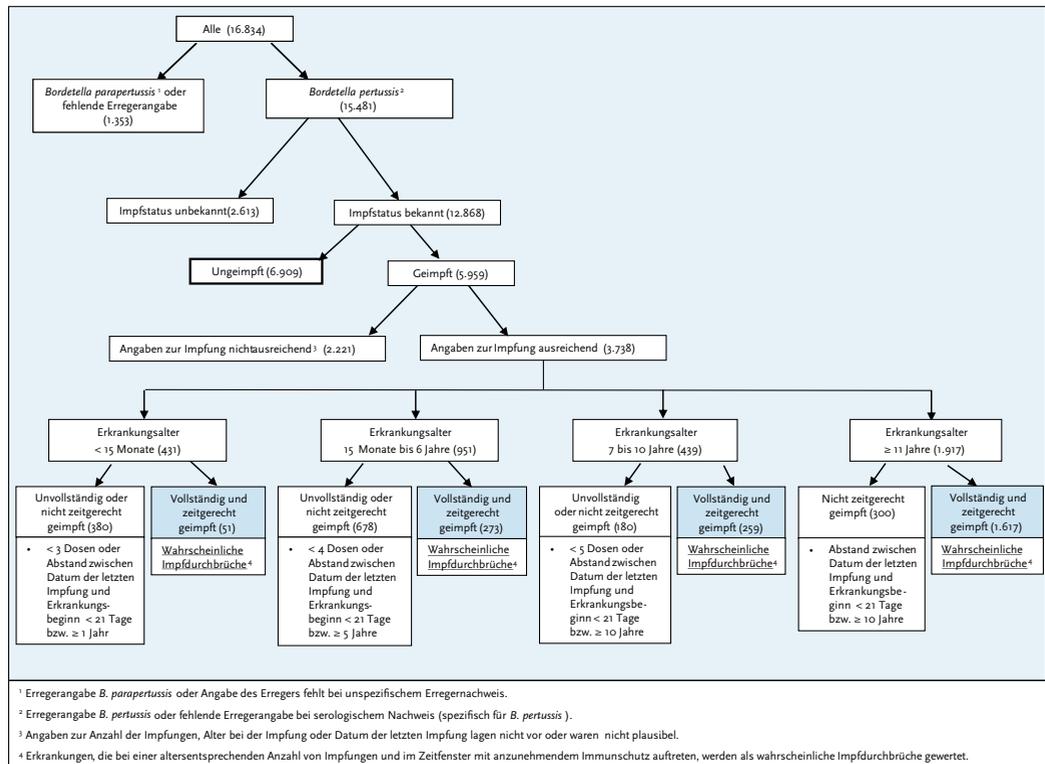
Auch wenn der Anteil von Fällen, der die Kriterien für das klinische Bild und damit die Referenzdefinition nicht erfüllte (s. Tab. 6.29.1), leicht zurückgegangen ist, bleibt er mit 35 % sehr hoch. Mögliche Gründe sind eine vollständigere Meldung durch die Labore als durch die Ärzte aufgrund ihres meist teilautomatisierten Meldeverfahrens. Zudem ist bei Ärzten vor allem in den westlichen Bundesländern die Meldepflicht möglicherweise immer noch weniger bekannt als in den östlichen Bundesländern, wo Meldepflichten beruhend auf Landesverordnungen schon länger bestanden. Aufgrund des hohen Meldeaufkommens ist die Ermittlung der klinischen Kriterien für die Gesundheitsämter zudem mit hohem Aufwand verbunden. Schließlich könnte es sich bei serologischen Nachweisen ohne Symptomanzeige möglicherweise um Antikörper-Titerkontrollen handeln.

Der Erregernachweis fehlte bei 10 % aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen; im Vorjahr hatte dieser Anteil noch bei 23 % gelegen. Bei Fällen mit Angabe zum Erreger machten Parapertussis-Erkrankungen mit 4 % weiterhin nur

Tab. 6.29.2:  
Anzahl erforderlicher Dosen eines pertussishaltigen Impfstoffs und erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung nach Lebensalter

Alter	< 15 Monate	15 Monate–6 Jahre	7–10 Jahre	≥ 11 Jahre
Anzahl erforderlicher Impfdosen	3	≥ 4	≥ 5	≥ 1
Erwartete Dauer des Immunschutzes ab der letzten Impfung	1 Jahr	5 Jahre	10 Jahre	10 Jahre

Abb. 6.29.4:  
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=16.834)



einen kleinen Teil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus.

Bei einem hohen Anteil (17%) der übermittelten Pertussis-Erkrankungen fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 37% der als geimpft angegebenen Erkrankungen die Angaben zur Anzahl der erhaltenen Impfdosen und zum Datum der letzten Impfung nicht ausreichend, um den Impfstatus zu bewerten. Zur validen Bewertung des Impfstatus müssen diese Angaben möglichst vollständig ermittelt und dokumentiert werden. Ferner wurde bei 255 (12%) der 2.200 Fälle, die als ausreichend geimpft eingestuft wurden, ein einmaliger serologischer Nachweis innerhalb von 12 Monaten nach der Impfung als einziger labordiagnostischer Nachweis angegeben, obwohl ein serologischer Nachweis bei dieser Konstellation entsprechend den Empfehlungen des ECDC nicht aussagekräftig ist. Bei diesen

Fällen handelt es sich möglicherweise um falsch-positive Diagnosen, wodurch die Anzahl der wahrscheinlichen Impfdurchbrüche in dieser Auswertung überschätzt wird. In der seit 2015 gültigen Falldefinition befindet sich ein entsprechender Hinweis zur Bewertung der Diagnostik am Gesundheitsamt.

### Fazit

Die Krankheitslast durch Keuchhusten in Deutschland ist mit 20 Erkr./100.000 Einw. beträchtlich und hat seit dem Vorjahr zugenommen. Besonders stark betroffen sind weiterhin Säuglinge (77 Erkr./100.000 Einw.), die häufig hospitalisiert werden müssen und ein hohes Risiko für Komplikationen tragen. Vermutlich führen Probleme bei der Ermittlung oder Erfassung von klinischen Kriterien dazu, dass die Inzidenz insgesamt unterschätzt wird, da 35% der übermittelten Fälle

zwar labordiagnostisch gesichert waren, jedoch die Kriterien des klinischen Bildes – und daher die Referenzdefinition nicht erfüllten. Während im Jahr 2016 die Inzidenz in den westlichen Bundesländern höher lag als in den östlichen, kehrte sich dies 2017 um.

Der im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten hohe Anteil an Impfdurchbrüchen unter den übermittelten Erkrankungen steht im Einklang mit früheren Beobachtungen aus den neuen Bundesländern und neueren Erkenntnissen zu einer relativ schnellen Abnahme der Impfeffektivität in den Jahren nach der Impfung. Dennoch war die Mehrzahl der an Pertussis Erkrankten – sofern die Angaben ausreichend waren – unzureichend oder gar nicht geimpft (79 %) und hätte daher zu einem großen Teil verhindert werden können.

### Literaturhinweise

- Schielke A, Takla A, von Kries R, Wichmann O, Hellenbrand W: *Marked under-reporting of pertussis requiring hospitalization in infants as estimated by capture-recapture methodology, Germany, 2013–2015*. *Pediatr Infect Dis J* 2018; 37:119–125.
- Furuta M, Sin J, Ng ESW, Wang K: *Efficacy and safety of pertussis vaccination for pregnant women – a systematic review of randomised controlled trials and observational studies*. *BMC Pregnancy Childbirth* 2017. doi: 10.1186/s12884-017-1559-2
- McGirr A, Fisman DN: *Duration of pertussis immunity after DTap immunization: a meta-analysis*. *Pediatrics* 2015; 135:331–343.
- Forsyth K, Plotkin S, Tan T, Wirsing von König CH: *Strategies to decrease pertussis transmission to infants*. *Pediatrics* 2015; 135:e1475–e1482.
- Haller S, Dehnert M, Karagiannis I, et al.: *Effectiveness of routine and booster pertussis vaccination in children and adolescents, federal State of Brandenburg, Germany, 2002–2012*. *Pediatr Infect Dis J* 2015; 34:513–519.
- Bödeker B, Remschmidt C, Müters S, Wichmann O: *Influenza, tetanus, and pertussis vaccination coverage among adults in Germany*. *Bundesgesundheitsbl* 2015; 58:174–181.
- ECDC (2012): *Guidance and Protocol for the serological diagnosis of human infection with Bordetella pertussis*. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/bordetella-pertussis-guidance-protocol-serological-diagnosis.pdf>
- ECDC (2012): *Guidance and protocol for the use of realtime PCR in laboratory diagnosis of human infection with Bordetella pertussis or Bordetella parapertussis*. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/Guidance-protocol-PCR-laboratory-diagnosis-bordetella-pertussis-parapertussis.pdf>
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. *Epid Bull* 2018; 16: 151–156.
- Hellenbrand W, Wichmann O, Liese J, et al.: *Drei Jahre bundesweite Keuchhusten-Meldepflicht. Erfahrungsaustausch zwischen ÖGD, Ärzteschaft und beteiligten Laboren zur Identifizierung von Maßnahmen zur Verbesserung der Surveillance*. *Epid Bull* 2017; 21:187–197.
- Schönfeld V, Hellenbrand W: *Untersuchung eines Keuchhusten-Ausbruchs bei Kindern mit hohen Impfquoten in Kiel*. *Epid Bull* 2017; 6:55–60.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. *Epid Bull* 2017; 34:333–380.
- RKI-Ratgeber (2017). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.30 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 1.707
- ▶ Fallzahlen seit 2014 auf ähnlich hohem Niveau
- ▶ 72% der Fälle in Deutschland erworben
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-jährigen
- ▶ 22 Ausbrüche mit 55 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Die Kryptosporidiose ist eine Darminfektion, die durch Parasiten der Gattung *Cryptosporidium* verursacht wird. *C. parvum* wird von infizierten Menschen und Tieren, z. B. Hunden, Katzen, Rindern und Schafen, mit dem Kot ausgeschieden. *C. hominis* kommt fast ausschließlich beim Menschen vor. Bei der Spezies *C. hominis*, die häufiger Ausbrüche beim Menschen verursacht, handelt es sich um den ehemaligen Genotyp 1 von *C. parvum*. Die Übertragung der Erreger erfolgt fäkal-oral, über verunreinigtes Wasser oder kontaminierte Lebensmittel. Normalerweise heilt die Erkrankung nach oft wochenlang anhaltenden Bauchschmerzen und Durchfällen von selbst aus, allerdings kann es bei abwehrgeschwächten Patienten zu schweren chronischen und unter Umständen tödlichen Verläufen kommen.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.30.1).

Tab. 6.30.1:

Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	23	1%	14	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.839	89%	1.693	90%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	63	3%	32	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	143	7%	134	7%
alle	2.068	100%	1.873	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.862	90%	1.707	91%

Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 gilt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) als labordiagnostischer Nachweis einer Kryptosporidiose.

### Zeitlicher Verlauf

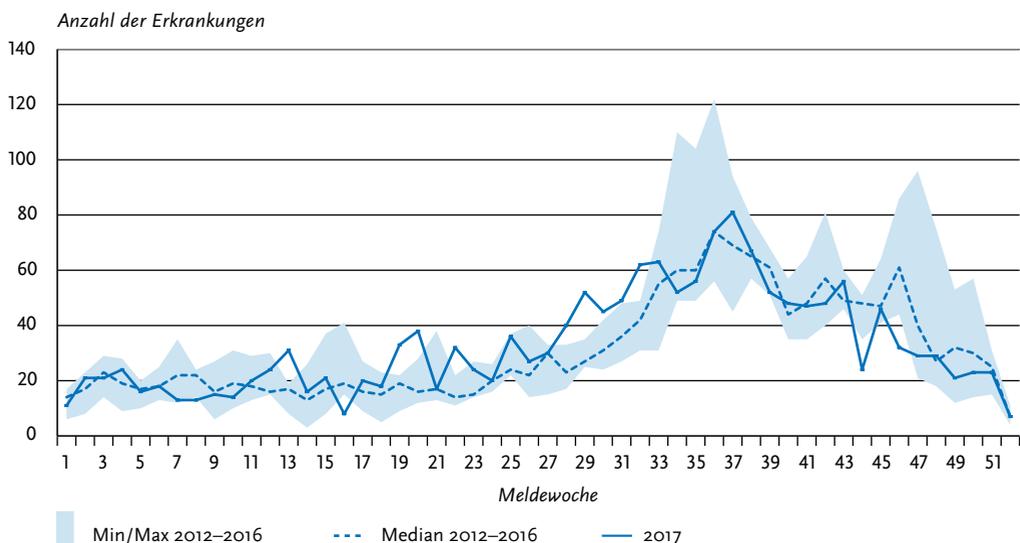
Im Jahr 2017 wurden insgesamt 1.707 Kryptosporidiosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Abnahme gegenüber dem Vorjahr um 8%. Die bundesweite Inzidenz

der Kryptosporidiose lag bei 2,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und entsprach damit dem Median der 5 Vorjahre.

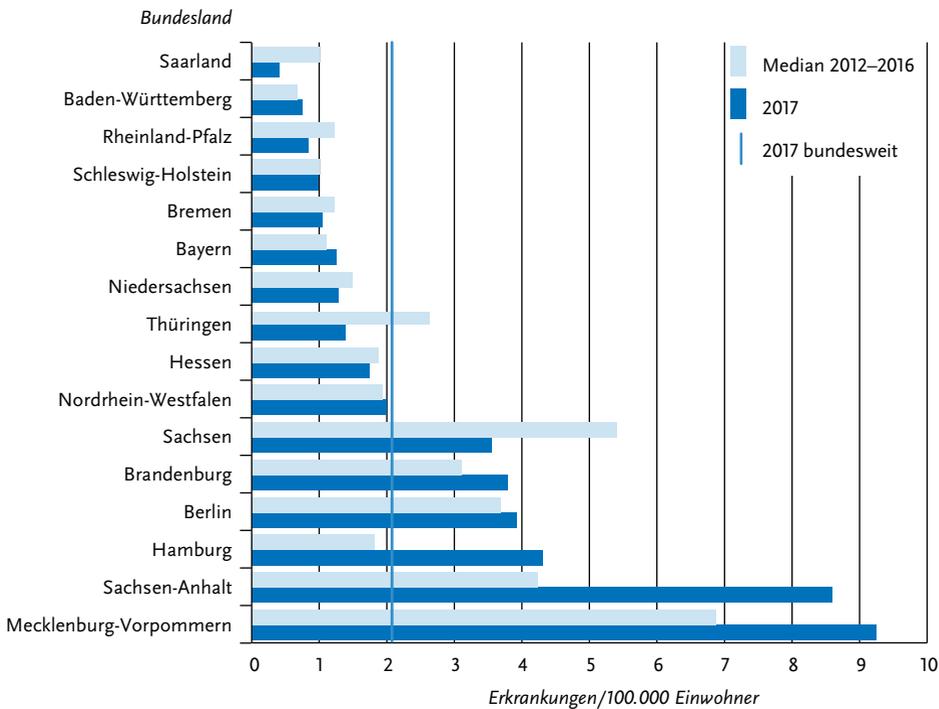
Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2017 zeigte sich diese Saisonalität in einer erhöhten Zahl von Erkrankungen im Zeitraum von Mitte Juli bis Mitte November (s. Abb. 6.30.1).

Abb. 6.30.1:

Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2017 (n=1.707) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.30.2:**  
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=1.705) im Vergleich mit den Vorjahren



### Geografische Verteilung

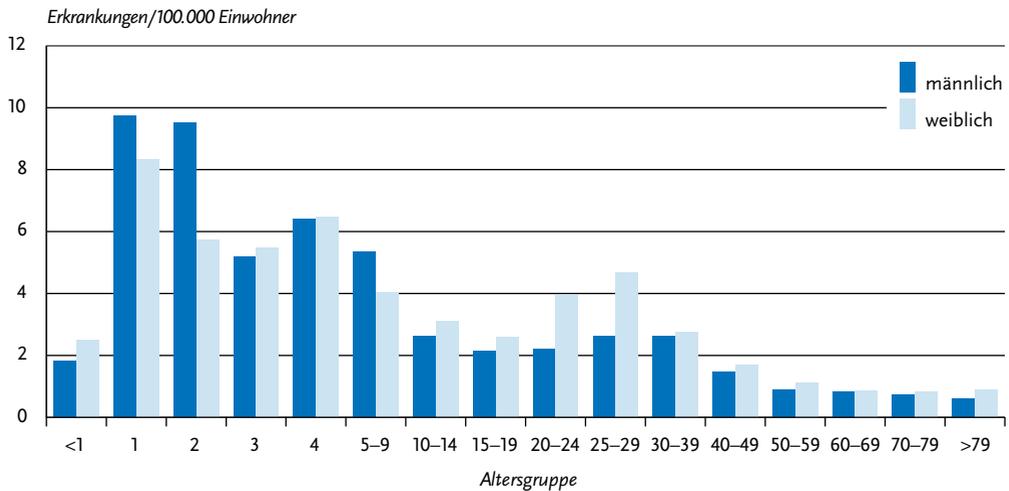
Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während das Saarland, Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz und Schleswig-Holstein (jeweils <math>< 1,0 \text{ Erkr./100.000 Einw.}</math>) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (9,2) und Sachsen-Anhalt (8,6) die höchsten Inzidenzen festgestellt. In 8 Bundesländern lag die Inzidenz im Jahr 2017 über dem Median der 5 Vorjahre. Die stärksten relativen Zunahmen wurden in Hamburg (137%), Sachsen-Anhalt (103%) und Mecklenburg-Vorpommern (34%) verzeichnet. Die relative Abnahme der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahren war im Saarland (60%), in Thüringen (47%) und Sachsen (34%) am größten (s. Abb. 6.30.2). In Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt, Hamburg, Berlin, Brandenburg und Sachsen lag die Inzidenz im Jahr 2017 über der bundesweiten Inzidenz (2,1).

Bei 1.083 Erkrankungen (63%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 1.097 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 72% der Nennungen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten anderen Infektionsländer waren Portugal (21 Nennungen), Spanien (21) und Ägypten (20).

### Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern unter 10 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (9,1 bzw. 7,7 Erkr./100.000 Einw.). Insgesamt 53% der Erkrankten waren weiblich (s. Abb. 6.30.3). Besonders in der Altersgruppe 20 bis 29 Jahre war die Inzidenz bei Frauen (4,4) deutlich höher als bei Männern (2,4).

Abb. 6.30.3:  
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=1.697)



### Klinische Aspekte

Bei 1.704 der übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Bei 96% der Erkrankungen trat Durchfall auf, Bauchschmerzen wurden bei 75% der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2017 wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit einer Kryptosporidiose übermittelt.

### Ausbrüche

Es wurden 22 Ausbrüche mit insgesamt 55 Erkrankungen übermittelt (2016: 36 Ausbrüche mit 86 Erkrankungen), das entspricht 3% der übermittelten Kryptosporidiosen. 21 der 22 Ausbrüche wurden mit 2 (15 Ausbrüche) oder 3 Erkrankungen (6 Ausbrüche) übermittelt. Der größte übermittelte Ausbruch umfasste 7 Erkrankungen, die nach einem Familientreffen auftraten.

### Datenqualität

Man muss davon ausgehen, dass vor allem bei erwachsenen Patienten mit Durchfallssymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet wird und dementsprechend von einer Untererfassung der Kryptosporidiose in dieser Altersgruppe

auszugehen ist. Damit ließe sich die niedrigere Inzidenz bei Erwachsenen im Vergleich zu Kindern teilweise erklären.

Seit dem 29.03.2013 sind alle humanpathogenen *Cryptosporidium*-Spezies meldepflichtig. Die in der Routinediagnostik gängigen Methoden (Antigennachweis, mikroskopischer Nachweis, Nukleinsäurenachweis) erlauben keine Differenzierung der *Cryptosporidium*-Spezies.

### Fazit

In den Jahren von 2012 bis 2014 war eine deutliche Zunahme der übermittelten Kryptosporidiosen zu verzeichnen. Seit 2014 bewegt sich die Zahl der Erkrankungen mit leichten Schwankungen auf einem ähnlich hohen Niveau.

### Literaturhinweise

- Cacciò SM, Chalmers RM: *Human cryptosporidiosis in Europe*. Clin Microbiol Infect 2016; 22:471-480.
- Gertler M, Dürr M, Renner P, et al.: *Outbreak of Cryptosporidium hominis following river flooding in the city of Halle (Saale), Germany, August 2013*. BMC Infect Dis 2015. [www.biomedcentral.com/1471-2334/15/88](http://www.biomedcentral.com/1471-2334/15/88)
- RKI-Ratgeber (2014). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.31 Läuserückfallfieber

### Kurzbeschreibung

Läuserückfallfieber wird durch *Borrelia recurrentis* hervorgerufen. Die Bakterien werden durch Kleiderläuse von Mensch zu Mensch übertragen. Einfache Hygienemaßnahmen, insbesondere Kleiderwechsel und -reinigung, sowie die Vermeidung von zu engen Unterbringungs- und Wohnverhältnissen verhindern die Ausbreitung. Für den Krankheitsverlauf sind wiederholte fiebrige Episoden charakteristisch.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden keine Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt, im Vorjahr waren es 5 Erkrankungen und 45 Erkrankungen im Jahr 2015. Bei den Erkrankten im Jahr 2015/2016 handelte es sich um Asylsuchende vom Horn von Afrika. Davor wurde in den Jahren 2002 und 2004 jeweils eine Erkrankung an Läuserückfallfieber erfasst.

Läuserückfallfieber ist endemisch in Äthiopien, Eritrea, Somalia und im Sudan, tritt jedoch vor allem in Form von saisonalen Ausbrüchen auf. Obwohl auch in den Vorjahren und im Jahr 2017 Asylsuchende aus diesen Ländern nach Deutschland gekommen sind, wurden nur 2015 und 2016 Erkrankungen in Deutschland gemeldet.

### Literaturhinweise

- Hytönen J, Khawaja T, Grönroos JO, Jalava A, Meri S, Oksi J: *Louse-borne relapsing fever in Finland in two asylum seekers from Somalia*. APMIS 2017; 125:59-62. doi: 10.1111/apm.12635
- Fingerle V, Ackermann N, Belting A, et al.: *Zur aktuellen Situation des Läuserückfallfiebers*. Hyg Med 2016; 41:D174-D178.
- Antinori S, Mediannikov O, Corbellino M, et al.: *Louse-Borne Relapsing Fever (Borrelia recurrentis) in a Somali Refugee Arriving in Italy: A Re-emerging Infection in Europe?* PLoS Negl Trop Dis 2016; 10. doi: 10.1371/journal.pntd.0004522
- Hoch M, Wieser A, Löscher T, et al.: *Louse-borne relapsing fever (Borrelia recurrentis) diagnosed in 15 refugees from north-east Africa: epidemiology and preventive control measures, Bavaria, Germany, July to October 2015*. Euro Surveill 2015. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.42.30046

## 6.32 Legionellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 1.281
- ▶ Seit Jahren kontinuierliche Zunahme der gemeldeten Erkrankungszahlen
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Erwachsenen – insbesondere Männern – ab einem Alter von 50 Jahren.
- ▶ Ein nosokomialer Ausbruch mit 15 Erkrankungen sowie 11 kleinere Geschehen mit jeweils 2 bis 4 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Die Legionellose ist eine Atemwegserkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Legionella* hervorgerufen wird. Man unterscheidet das Pontiac-Fieber, das durch Fieber, Husten und Muskelschmerzen charakterisiert ist, und die Legionärskrankheit, die mit einer Lungenentzündung (Pneumonie) einhergeht. Als besondere Risikogruppen gelten Immungeschwächte, Menschen mit chronischen Erkrankungen sowie ältere Menschen und Raucher. Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerhaltiger Aerosole (generiert durch häusliche oder öffentliche Wassersysteme wie z. B. Duschen, Whirlpools oder durch industrielle Anlagen wie z. B. Rückkühlwerke). Ferner kann eine Infektion auch durch die (Mikro-)Aspiration von kontaminiertem Wasser erfolgen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch ist bis auf einen Einzelfall bisher nicht dokumentiert worden.

Epidemiologisch werden im privaten und beruflichen Umfeld erworbene, reiseassoziierte und in Krankenhäusern und Pflegeeinrichtungen erworbene Legionellosen unterschieden.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.32.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit der Referenzdefinition, das Pontiac-Fieber nicht.

Tab. 6.32.1:

Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	3	0%	2	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	990	89%	1.279	87%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	81	7%	132	9%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	42	4%	50	3%
alle	1.116	100%	1.463	100%
Referenzdefinition (B+C)	993	89%	1.281	88%

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden insgesamt 1.281 Legionellose übermitteln. Im Vergleich zum Vorjahr (993 Erkrankungen) wurden somit 288 Erkrankungen mehr erfasst, was einem Anstieg der Fallzahl um 29% entspricht.

Wie in jedem Jahr weist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen einen saisonalen Verlauf mit einem Maximum im III. Quartal auf (s. Abb. 6.32.1). Die generell höheren Fallzahlen in den Sommer- und Herbstmonaten sind sowohl auf im privaten und beruflichen Umfeld erworbe-

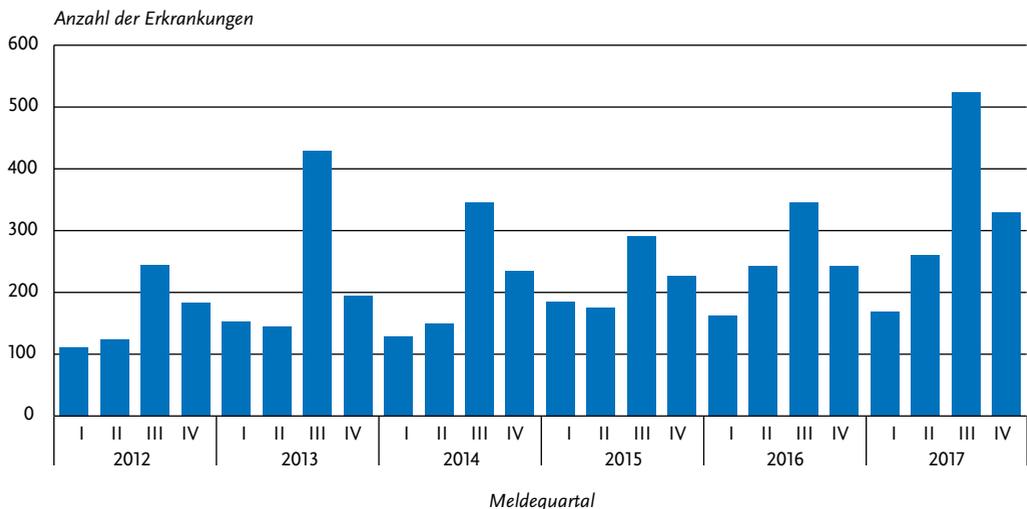
ne als auch auf reiseassoziierte Legionellose zurückzuführen. Bei ersteren spielen vermutlich höhere Wassertemperaturen eine Rolle, die das Wachstum von Legionellen in der Umwelt begünstigen, bei letzteren dagegen eine vermehrte Reiseaktivität in den Sommermonaten und den damit verbundenen Infektionsrisiken (z. B. Hotelaufenthalte).

### Geografische Verteilung

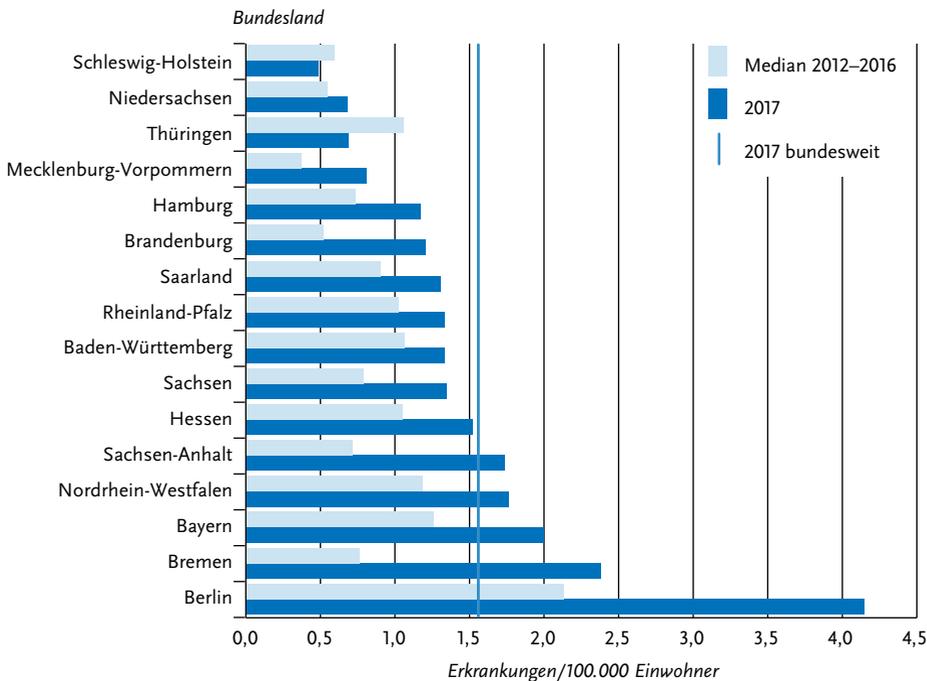
Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,6 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr 1,2).

Abb. 6.32.1:

Übermittelte Legionellose nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017 (n=5.594)



**Abb. 6.32.2:**  
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=1.281) im Vergleich mit den Vorjahren



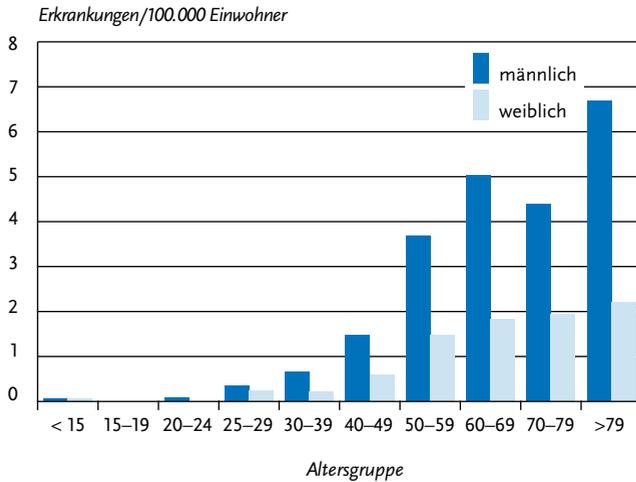
**Tab. 6.32.2:**  
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2017 (Mehrfachnennungen möglich, 837 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	602	70 %
Italien	54	6 %
Spanien	24	3 %
Türkei	23	3 %
Griechenland	21	2 %
Frankreich	12	1 %
Vereinigte Arabische Emirate	10	1 %
Kroatien	9	1 %
Polen	8	1 %
Österreich	7	1 %
Thailand	7	1 %
Andere	83	10 %
<b>Summe</b>	<b>860</b>	<b>100 %</b>

Die mit Abstand höchste Inzidenz wurde mit 4,1 Erkr./100.000 Einw. in Berlin registriert (s. Abb. 6.32.2). Der erhebliche Anstieg im Vergleich zum Median der Jahre 2012–2016 hängt vermutlich mit der höheren Aufmerksamkeit zusammen, die in den Berliner Krankenhäusern im Zusammenhang mit einer in Berlin seit Dezember 2016 laufenden Studie zu Legionellen im Trinkwasser (LeTriWa-Studie) entstanden ist. Mit Ausnahme von Thüringen und Schleswig-Holstein war die Inzidenz 2017 in allen Bundesländern höher als im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre.

Bei 837 (65%) der insgesamt 1.281 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennungen möglich), wobei auf Deutschland 70% (602 von 860) der Nennungen entfielen. Das nach Deutschland am häufigsten angegebene Land war – wie schon im vergangenen Jahr – Italien mit insgesamt 54 Nennungen, gefolgt von Spanien mit 24,

Abb. 6.32.3:  
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=1.279)



der Türkei mit 23 und Griechenland mit 21 Nennungen (s. Tab. 6.32.2).

### Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere in höherem Alter – übermittelt, während Kinder und junge Erwachsene bis zu einem Alter von 24 Jahren nur vereinzelt betroffen waren. Die altersgruppenspezifische Inzidenz stieg mit zunehmendem Alter an. Der Altersmedian der Erkrankten lag bei 63 Jahren. Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern (2,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) rund 2,4-mal so hoch als bei Frauen (0,9). Dieser Unterschied tritt aber erst ab einem Alter von 30 Jahren deutlich hervor (s. Abb. 6.32.3).

### Nachgewiesene Erreger

Für 1.228 (96 %) der 1.281 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 424 (35 %) Erkrankungen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 804 Erkrankungen (65 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 794 Erkrankungen (99 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Drei Erkrankungen (<1 %) wurden von der Spezies *L. longbeachae* verursacht, unter diesen war eine Patientin in einer Gärtnerei tätig und dort im Rah-

men ihrer Arbeit viel mit Gartenerde in Kontakt gekommen. Zu den beiden anderen Erkrankten liegen keine Angaben zu möglichen Expositionen vor. Für 7 weitere Erkrankungen (1 %) wurden andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt.

Von den 794 *L. pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 319 (40 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 283 Erkrankungen (89 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor, die Serogruppen 2, 3, und 5 wurden bei jeweils 2 Erkrankungen übermittelt. Bei 27 Erkrankungen wurde die Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (bei 25 Erkrankungen inklusive Serogruppe 1 und bei 2 Erkrankungen exklusive Serogruppe 1). Für 3 weitere Erkrankungen wurde die Angabe »andere Serogruppe« übermittelt.

### Klinische Aspekte

Von 1.273 übermittelten Erkrankungen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 50 Patienten (29 Männer, 21 Frauen) infolge der Legionellen-Pneumonie. Dies entspricht einer Letalität von 4 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität – bei annähernd gleichen Todeszahlen – geringfü-

gig gesunken (2016: Letalität 5%; 47 Todesfälle unter 969 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

### **Infektionsquellen**

Bei 600 der 1.281 Erkrankungen (47%; Vorjahr: 448 von 993 Fällen, 45%) konnte anhand der übermittelten Angaben eine der 4 möglichen Expositionskategorien (Krankenhaus; Pflegeeinrichtung; reiseassoziiert; privater/beruflicher Bereich), in deren Umfeld die Infektion möglicherweise erfolgt ist, zugeordnet werden.

Mit 295 (49%) der 600 zuordenbaren Erkrankungen steht eine Exposition im privaten und beruflichen Umfeld an erster Stelle. An zweiter Stelle folgten reiseassoziierte Erkrankungen, bei denen die Infektion wahrscheinlich während eines Aufenthaltes in einem Hotel oder ähnlichen Reiseunterkünften erworben wurde (237 Erkrankungen; 40%). Bei 48 Erkrankungen (8%) wurde der Aufenthalt in einem Krankenhaus als Exposition angegeben und bei 20 Erkrankungen (3%) der Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung.

Im Vergleich zum Vorjahr ist der Anteil der Erkrankungen, die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, leicht gesunken (2016: 55%), wengleich sich die absolute Anzahl von 261 auf 295 Erkrankungen erhöht hat. Bei den reiseassoziierten Erkrankungen sind sowohl die absoluten Erkrankungszahlen von 173 auf 237 Erkrankungen als auch der entsprechende Anteil von 36% auf 40% gestiegen. Auch die registrierte Zahl der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr zugenommen und sich von 22 Erkrankungen auf 48 mehr als verdoppelt. Hier fällt eine nosokomiale Häufung in einem Krankenhaus im Kreis Mühlheim an der Ruhr mit 15 Fällen ins Gewicht (siehe weiter unten unter Ausbrüche). Auch die Zahl der Erkrankungen im Zusammenhang mit dem Aufenthalt in einem Pflegeheim hat sich – bei insgesamt geringen Zahlen – von 10 auf 20 Erkrankungen verdoppelt.

### **Ausbrüche**

Im Jahr 2017 wurden dem RKI 12 Häufungen übermittelt: Ein größeres nosokomiales Ausbruchsgeschehen mit insgesamt 15 klinisch-labor-diagnostisch bestätigten Erkrankungen – darunter 4 Todesfälle – ereignete sich im August/Septem-

ber in einem Krankenhaus im Kreis Mühlheim an der Ruhr. Als wahrscheinlichste Infektionsursache gilt das Trinkwassersystem des Krankenhauses. Nach Angaben des zuständigen Gesundheitsamts wurden in einigen Patientenzimmern erhöhte Legionellenwerte im Trinkwasser gemessen und die Typisierung ergab die gleiche Serogruppe, die auch bei verschiedenen Patienten ermittelt wurde.

Bei 11 weiteren Häufungen handelte es sich um vergleichsweise kleine Geschehen mit jeweils 2 bis 4 Erkrankungen, bei denen die Infektionsquelle im häuslichen Umfeld vermutet wurde, oder die im Rahmen einer Reise aufgetreten sind.

### **Datenqualität**

Es ist davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldesystems gemäß IfSG erfassten Erkrankungen – trotz kontinuierlich steigender Fallzahlen – nur einen Bruchteil der tatsächlichen Erkrankungen repräsentieren. Da das klinische Bild allein keine Rückschlüsse auf den ursächlichen Erreger einer Lungenentzündung zulässt, kann dieser nur durch eine spezifische Erregerdiagnostik festgestellt werden. Jedoch ist anzunehmen, dass in der Praxis zu selten eine entsprechende Legionellen-Diagnostik veranlasst wird und daher viele Erkrankungen nicht als solche erkannt werden und es somit zu einer hohen Untererfassung kommt. Nach Schätzungen des deutschen Kompetenznetzwerks für ambulant erworbene Pneumonien (CAPNETZ) geht man jährlich von etwa 15.000 bis 30.000 Fällen von Legionärskrankheit aus.

Obwohl bekannt ist, dass *Legionella pneumophila* der Serogruppe 1 bei Menschen in Europa zu den meisten Legionellosen führt, ist die Häufigkeitsverteilung der Spezies und Serogruppen stark dadurch beeinflusst, dass in der klinischen Praxis vorwiegend Labortests zur Anwendung kommen, die auf diese Serogruppe ausgerichtet sind.

Lückenhaft und daher nur eingeschränkt aussagekräftig sind die Angaben zu Expositionen während der Inkubationszeit, die als mögliche Infektionsursachen in Frage kommen. Hier werden nur bei etwa jeder zweiten Erkrankung entsprechende Informationen übermittelt. Ferner lassen die Meldedaten bislang keine Aussage über gesicherte Infektionsquellen zu, da entsprechende Ergebnisse zum epidemiologischen Abgleich von

Umwelt- und Patientenproben bislang noch nicht standardisiert erfasst und übermittelt werden.

Der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitionskategorie E) ist mit 3 % (50 Fälle) im Jahr 2017 annähernd gleich geblieben (2016: 4 %; 42 Fälle). Im Vergleich zu früheren Jahren ist dieser Anteil aber nach wie vor vergleichsweise hoch (2011: 2 Fälle, < 1 %; 2012: 4 Fälle; < 1 %).

### Fazit

Die Legionärskrankheit kommt vor allem bei Erwachsenen vor. Die Inzidenz steigt mit zunehmendem Alter an und Männer haben ein höheres Erkrankungsrisiko als Frauen. Nach den vorliegenden Daten wird die Legionärskrankheit hauptsächlich ambulant im privaten und beruflichen Umfeld erworben oder im Rahmen einer Reise und den damit verbundenen Hotelaufenthalten. Aber auch der stationäre Aufenthalt in einem Krankenhaus oder einer anderen medizinischen Einrichtung kann – insbesondere für ältere Menschen mit vorhandenen Grunderkrankungen oder einem geschwächten Immunsystem – ein erhöhtes Infektionsrisiko darstellen.

Angesichts der hohen Unterschätzung der Fallzahlen, aber auch mit Blick auf eine adäquate antibiotische Behandlung und insbesondere bei der Möglichkeit einer im Krankenhaus erworbenen Legionärskrankheit, sollte bei einer Lungenentzündung immer auch eine spezifische Labor-diagnostik auf Legionellen veranlasst werden.

Da die Legionärskrankheit nur in der Umwelt erworben und nicht von Mensch zu Mensch übertragen wird, sollte prinzipiell immer versucht werden, die Infektionsquellen zu ermitteln, um durch die Einleitung geeigneter Schutzmaßnahmen weiteren Erkrankungen vorbeugen zu können. Insbesondere in Krankenhäusern und Pflegeheimen sollte angesichts der besonders vulnerablen Population auf mögliche Fälle von Legionärskrankheit geachtet werden und schon beim Auftreten eines einzelnen Falles eine umgehende epidemiologische Untersuchung zur Aufdeckung und Beseitigung der Infektionsquelle eingeleitet werden. Um die klinischen Isolate mit den entsprechenden Umweltproben abgleichen und so den Zusammenhang mit einer Infektionsquelle herstellen zu können, sollten Legionellen aus klinischem Material (tiefe Atemwegsprobe, z. B. Spu-

tum oder Trachealsekret) in Kultur angezüchtet werden. Bei vorliegenden und aussagekräftigen Patientenproben ist es sinnvoll, auch in den in Frage kommenden Wassersystemen vermuteter Infektionsquellen nicht nur die Legionellen-Konzentration zu bestimmen, sondern auch eine Typisierung anzustreben. Die Notwendigkeit eines solchen Abgleichs haben die in den vergangenen Jahren aufgetretenen größeren Ausbrüche von ambulant erworbenen Legionellen-Pneumonien eindrücklich gezeigt: Nur durch den genetischen Vergleich der Umweltproben mit vorliegenden Isolaten aus Patientenmaterial ist es möglich, ursächliche Infektionsquellen zu identifizieren.

### Literaturhinweise

- Beauté J: *Legionnaires' disease in Europe, 2011 to 2015*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.27.30566
- Phin N, Parry-Ford F, Harrison T, et al.: *Epidemiology and clinical management of Legionnaires' disease*. Lancet Infect Dis 2014; 14:1011–1021.
- RKI: *Legionärskrankheit in Deutschland (2001 bis 2013)*. Epid Bull 2015; 13:95–106.
- RKI-Ratgeber (2013). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.33 Lepra

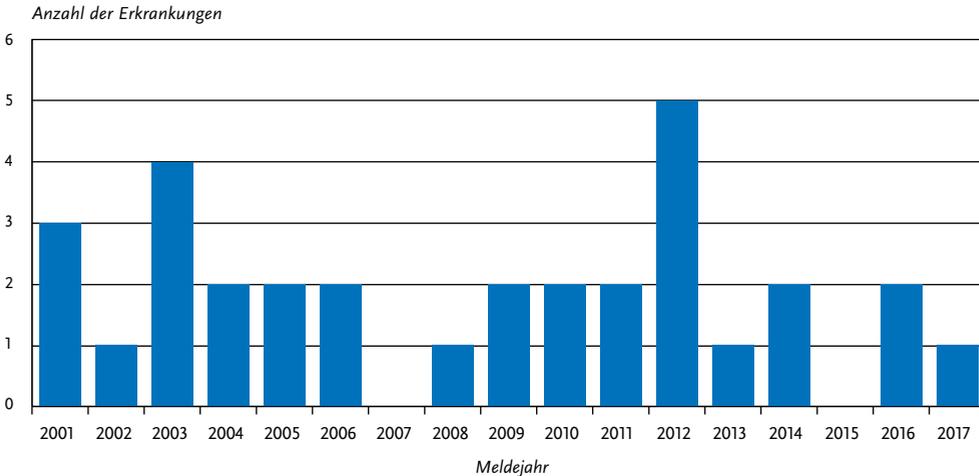
### Kurzbeschreibung

Lepra wird durch *Mycobacterium leprae* hervorgerufen. Nach einer Inkubationszeit von 9 Monaten bis zu 20 Jahren können verschiedenartige klinische Symptome auftreten. Diese umfassen Hauterscheinungen und Nervenschädigungen, die zu Sensibilitätsstörungen und Lähmungen führen können. Das Frühstadium wird als indeterminierte Lepra bezeichnet. Nach Art der Gewebereaktion werden lepromatöse Lepra, tuberkuloide Lepra und Übergangsformen zwischen beiden (sogenannte Borderline-Lepra) unterschieden.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurde eine Erkrankung an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.33.1). Die Erkrankung betraf eine Frau im Alter von 24 Jahren. Bei dem Fall lag das klinische Bild einer lepromatösen Lepra vor, als wahrscheinliches Infektionsland wurde Nigeria genannt.

**Abb. 6.33.1:**  
Übermittelte Lepra-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



### Literaturhinweise

Schwienhorst-Stich EM, Gulati D, Kasang C, Kreibich S, Parisi S, Stich A: *Weltlepratag 2018: Es tut sich viel – doch es ändert sich zu wenig*. *Epid Bull* 2018;4:49-53.

Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten* 2015. *Epid Bull* 2016; 39:431-444.

## 6.34 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 128
- ▶ Anstieg der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr um 38%
- ▶ Saisonaler Verlauf mit Erkrankungsgipfel zwischen Juli und Oktober
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern zwischen 20 und 29 Jahren
- ▶ Ca. 60% der Erkrankungen wurden wahrscheinlich in Deutschland erworben.

### Kurzbeschreibung

Pathogene Bakterien der Gattung *Leptospira* sind die Erreger der weltweit verbreiteten Leptospirose, deren natürliche Wirte neben Ratten und Mäusen auch zahlreiche weitere Haus-, Nutz- und Wild-

tiere sind. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt hauptsächlich durch den direkten oder mittelbaren Kontakt (z. B. durch Kontakt mit verunreinigtem Wasser) mit dem Urin infizierter Tiere, in seltenen Fällen auch durch kontaminiertes Blut oder Gewebe. Häufig verläuft die Infektion beim Menschen als unspezifische, grippeähnliche Erkrankung, jedoch treten regelmäßig auch lebensbedrohliche Formen mit Blutungsneigung (Hämorrhagien), Leber- und Nierenversagen (Morbus Weil) auf.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.34.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 128 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Anzahl der Erkrankungen lag damit über dem Niveau derjenigen Vorjahre, in denen keine größeren Ausbrüche auftraten. Demgegenüber waren die Jahre 2007 und 2014 von je einem größeren Ausbruch mit 33 und 47 Erkrankungen geprägt (s. Abb. 6.34.1).

Die Hälfte der Erkrankungen (53%) wurde im Jahr 2017 zwischen Juli und Oktober mit beson-

Tab. 6.34.1:

Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	2%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	91	89%	128	87%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2	2%	5	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7	7%	14	10%
alle	102	100%	147	100%
Referenzdefinition (B+C)	93	91%	128	87%

ders hohen Fallzahlen im September (19) und Oktober (20) übermittelt.

### Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Brandenburg waren alle Bundesländer betroffen, wobei die höchste Inzidenz in Hamburg verzeichnet wurde (0,4 Erkr./100.000 Einw.). Für 95 Fälle wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 100 Nennungen). Deutschland wurde in 58% (58 Nennungen) als Infektionsland angegeben (2016: 62%). Die meisten Infektionen mit Angabe eines Infektionslands außerhalb von Deutschland

wurden in Ländern in Asien (22) und Mittel- und Südamerika (12) erworben.

### Demografische Verteilung

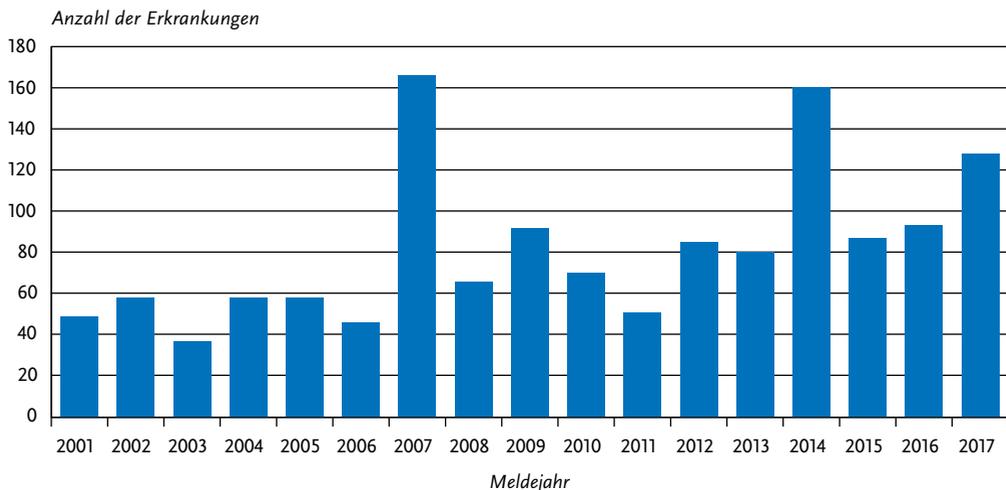
Insgesamt 90 Erkrankte (70%) waren männlich. Bei den Männern war die Altersgruppe der 20- bis 29-Jährigen mit einer Inzidenz von 0,5 Erkr./100.000 Einw. am stärksten betroffen. Vier Erkrankungen traten bei Kindern unter 15 Jahren auf.

### Nachgewiesene Erreger

Bei den 16 Erkrankungen, bei denen Angaben zu einem Serovar vorlagen, wurde in 8 Fällen *Lepto-*

Abb. 6.34.1:

Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



*spira interrogans* Serovar Icterohaemorrhagiae, in je 2 Fällen Serovar Grippytyphosa und Bratislava und in jeweils einem Fall Serovar Australis, Bataviae, Copenhagi und Sejroe angegeben.

### Klinische Aspekte

Für alle Leptospirose-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 361 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (88% der Erkrankungen) und Fieber (80%). Bei 35% der Erkrankungen wurde eine Nierenfunktionsstörung, bei 25% Husten, bei 23% Ikterus und bei 17% Dyspnoe übermittelt. Desweiteren wurden bei 9% der Erkrankungen Meningitiden/Meningoenzephalitiden, bei 4% Hämorrhagien und bei 2% eine Myokarditis übermittelt. Es wurden 2 Todesfälle im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt.

### Ausbrüche

Im Jahr 2017 wurden 3 Leptospirose-Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankungen übermittelt. Bei 2 Ausbrüchen in Hessen und Bayern wurde als vermutliche Exposition Kontakt zu Flusswasser (beim Surfen und Rafting) in Deutschland angegeben. Bei einem weiteren Ausbruch wurde ein gemeinsamer Expositionsort im Ausland angegeben.

### Datenqualität

Bei den meisten Erkrankungen ist keine sichere Identifizierung durch Anzucht der Bakterien erfolgt, daher reichen die Angaben zur Häufigkeit der einzelnen nachgewiesenen Serovare in den Meldedaten nicht aus, um die Verteilung der deutschlandweit zirkulierenden Leptospiren-Serovare zu bewerten. Die Untererfassung für Leptospirose-Erkrankungen ist aufgrund der Variabilität des Krankheitsbildes und der häufig milden Krankheitsverläufe wahrscheinlich erheblich.

### Fazit

Die meisten Erkrankungen traten sporadisch auf, der Anteil, der Ausbrüchen zugeordnet werden kann, ist sehr gering. Leptospirose-Erkrankungen wurden in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, dies ist eventuell auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzte und häufigeres labordiagnostisches Testen zurückzuführen.

### Literaturhinweise

- Brockmann SO, Ulrich L, Piechotowski I, et al.: *Risk factors for human Leptospira seropositivity in South Germany*. Springerplus 2016. [www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5069215/pdf/40064\\_2016\\_Article\\_3483.pdf](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5069215/pdf/40064_2016_Article_3483.pdf)
- Goris M, Boer K, Duarte T, Kliffen S, Hartskeerl R: *Human leptospirosis trends, the Netherlands, 1925–2008*. Emerg Infect Dis 2013; 19:371-378.
- Desai S, van Treeck U, Lierz M, et al.: *Resurgence of field fever in a temperate country: an epidemic of leptospirosis among seasonal strawberry harvesters in Germany in 2007*. Clin Infect Dis 2009; 15:691-697.
- Jansen A, Schöneberg I, Frank C, Alpers K, Schneider T, Stark K: *Leptospirosis in Germany, 1962-2003*. Emerg Infect Dis 2005; 11:1048-1054.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.35 Listeriose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 770
- ▶ Seit Jahren deutlicher Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenzen bei unter Einjährigen und Männern ab 60 Jahren
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassoziierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen
- ▶ 10 von 52 Erkrankungen im Rahmen eines persistierenden Ausbruchs (2013–2018)

### Kurzbeschreibung

Erkrankungen durch das Bakterium *Listeria monocytogenes* treten in verschiedenen Formen auf. Die Listeriose-Gastroenteritis äußert sich durch Durchfall mit unterschiedlichem Schweregrad. Invasive Infektionen während der Schwangerschaft (Schwangerschafts-Listeriose) können sich als Fieber oder grippeähnliche Beschwerden äußern und infolge einer intrauterinen oder perinatalen Übertragung zu Fehl-, Früh-, Totgeburt oder zur Geburt eines erkrankten Kindes (Neugeborenen-Listeriose) führen. Bei anderen invasiven Listeriosen, die nicht mit einer Schwangerschaft im Zusammenhang stehen und die vor allem bei älteren oder abwehrgeschwächten Patienten auftreten, kann es auch zu Blutstrominfektionen (Sepsis) und Entzündungen der Hirnhäute (Meningitis) oder

**Tab. 6.35.1:**  
Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017.

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	10	1%	14	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	597	83%	622	81%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	63	9%	72	9%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	48	7%	63	8%
alle	718	100%	771	100%
<b>Referenzdefinition (B+C+D+E)*</b>	<b>704</b>	<b>98%</b>	<b>770</b>	<b>100%</b>

\* Änderung der Falldefinitionen 2015. Im Jahr 2017 ist ein Fall gemäß alter Falldefinition (Version vor 2015) erfasst worden und erfüllt daher nicht die Referenzdefinition.

des Gehirns (Enzephalitis) kommen. Die Übertragung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Konsum kontaminierter Lebensmittel.

### Falldefinition

Die Referenzdefinition erfüllen labordiagnostisch bestätigte Fälle bei Nachweis des Erregers aus normalerweise sterilen Materialien, aus Abstrichen vom Neugeborenen oder aus Abstrichen von mütterlichem Gewebe. Ebenso erfüllen klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen die Referenzdefinition, auch bei nicht-invasiven Erkrankungen. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.35.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 770 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,9 Fällen pro 100.000 Einwohner. Seit 2011 steigen die Fallzahlen kontinuierlich an. Gegenüber dem Vorjahr (704 Fälle) hat die Zahl der Listeriosen um 9% zugenommen und ist damit die höchste seit 2001. Die meisten Fälle wurden im III. Quartal übermittelt (245; 32%) (s. Abb. 6.35.1).

### Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,5 Fällen/100.000 Einw. im Saarland und die höchste Inzidenz mit 1,9 in Sachsen verzeichnet. Die Inzidenzen in Sachsen, Schleswig-Holstein, Berlin, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt, Thüringen und Hamburg lagen über der bundes-

weiten Inzidenz (s. Abb. 6.35.2). Vierzehn Bundesländer verzeichneten im Vergleich mit den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz. Besonders hoch war der Anstieg in Schleswig-Holstein, Berlin und Mecklenburg-Vorpommern.

Für 377 Erkrankungen (49%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 98% der Nennungen entfielen auf Deutschland.

### Demografische Verteilung

Im Jahr 2017 wurden 691 Fälle von nicht-schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die nicht-schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen betrafen 276 Frauen (40%) und 415 Männer (60%). Die Inzidenz stieg mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,5 Fällen/100.000 Einw. in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen bis auf 4,3 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.35.3). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 39 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 34 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Bei 6 Frauen wurde die Krankheitsform nicht angegeben. Es konnten 25 Mutter-Kind-Paare identifiziert werden. Außerdem wurden 9 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter übermittelt. Von 61 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 15 und 49 Jahren waren 39 Schwangerschafts-Listeriosen (64%).

Abb. 6.35.1:  
Übermittelte Listeriosen nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017

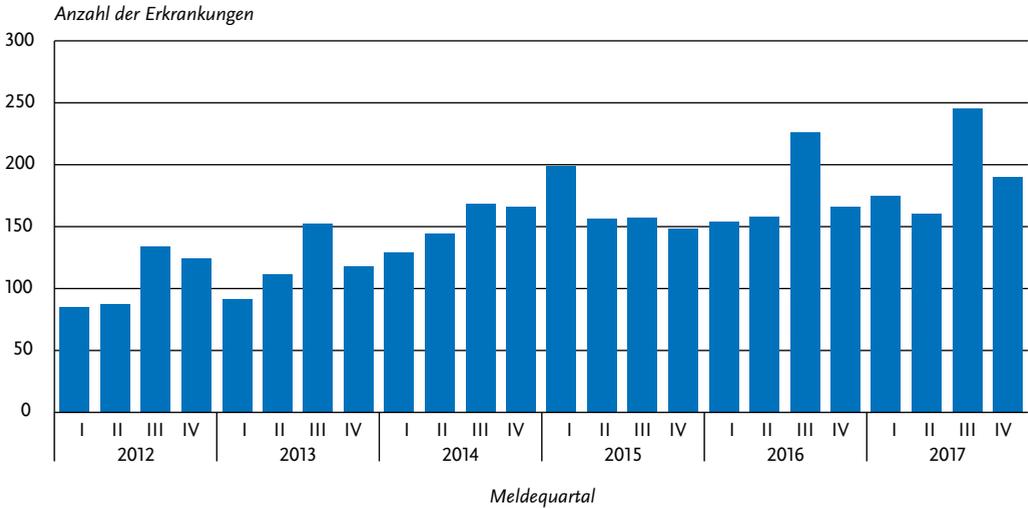


Abb. 6.35.2:  
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=770) im Vergleich mit den Vorjahren

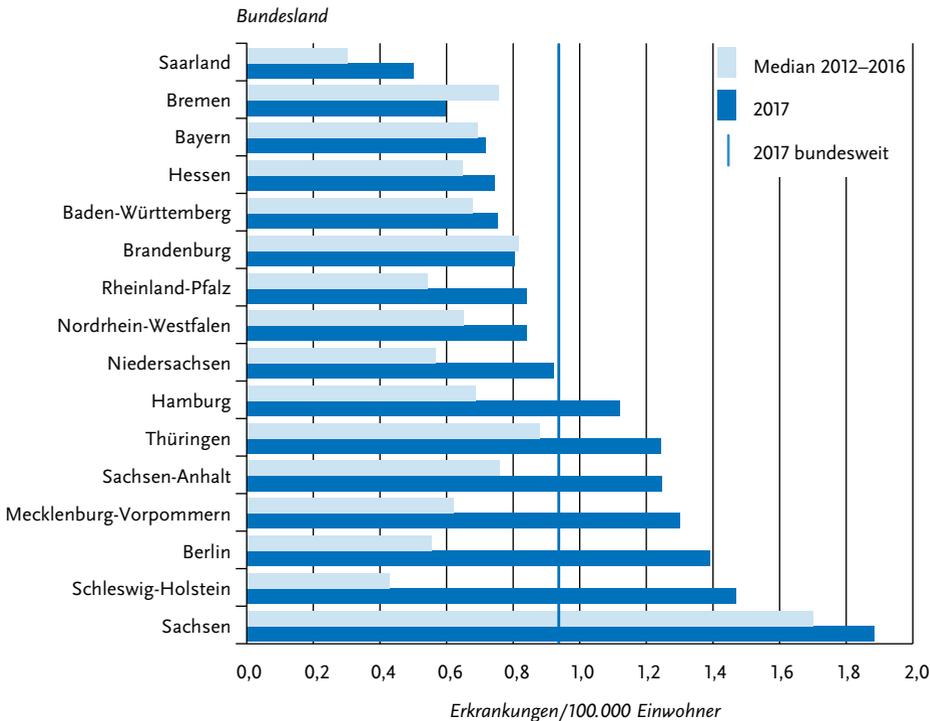
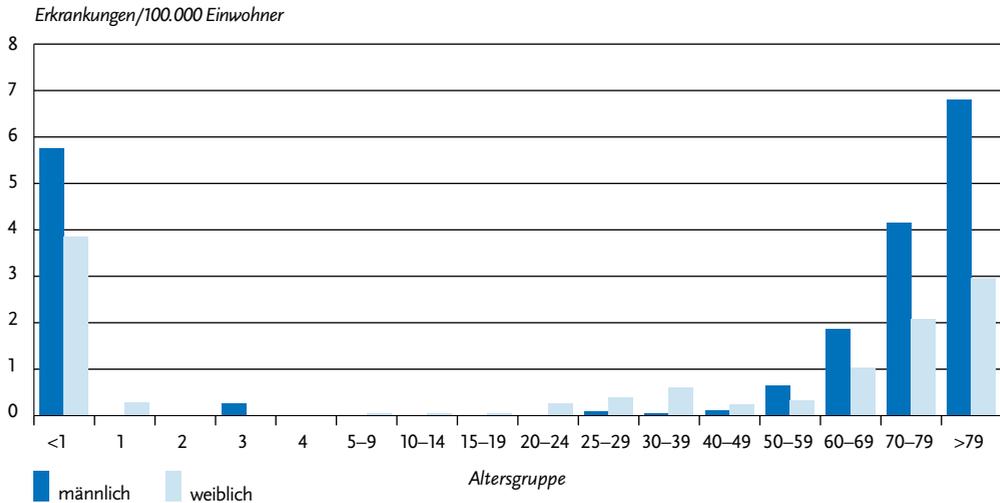


Abb. 6.35.3:

Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=770)



### Nachgewiesene Erreger

Für 264 (34 %) lag eine Angabe zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; 119-mal wurde das Serovar 4b, 117-mal das Serovar 1/2a und 28-mal das Serovar 1/2b übermittelt.

### Klinische Aspekte

Bei 200 (29 %) der 691 nicht-schwangerschaftsassozierten invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 85 (12 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Bei 22 der 39 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (56 %) lagen grippeähnliche Symptome, Fieber oder eine Sepsis vor. Unter den 39 Fällen von Schwangerschafts-Listeriose wurde bei 19 Fällen eine Frühgeburt und bei 8 eine Fehlgeburt angegeben.

Eine symptomatische Listerien-Infektion lag bei 21 (62 %) der 34 lebend geborenen Neugeborenen vor: 16 (47 %) zeigten ein septisches Krankheitsbild, 8 (24 %) eine Atemstörung, bei 4 Neugeborenen (12 %) war eine Haut-, Bindehaut- oder Schleimhautläsion angegeben und bei 4 Kindern (12 %) eine Granulomatosis infantiseptica (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 30 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2016: 49). Unter diesen waren 27 nicht-

schwangerschaftsassozierte Listeriosen und 3 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2017 bei 4 %. Die Listeriose gehört damit zu den lebensmittelbedingten meldepflichtigen Krankheiten mit der höchsten Letalität.

### Ausbrüche

Bei einem seit 2013 beobachteten Ausbruch von Listeriose-Erkrankungen mit identischem Feintypisierungsmuster (Pulsfeld-Gelelektrophorese) und identischem Sequenztyp (Whole genome sequencing) der *L. monocytogenes*-Isolate konnte im Jahr 2017 ein fleischverarbeitender Betrieb als Ursache identifiziert werden. Innerhalb dieses Geschehens wurden 52 Fälle zwischen 2013 und 2018, davon 10 Fälle im Jahr 2017 beobachtet.

### Fazit

Die Listeriose ist mit schwerwiegenden klinischen Manifestationen und einer hohen Letalität assoziiert. Steigende Fallzahlen führen daher auch zu einer signifikanten Erhöhung der durch Listerien bedingten Krankheitslast in der deutschen Bevölkerung. Die Inzidenz der im Jahr 2017 übermittelten Listeriosen ist erneut leicht gestiegen und damit die höchste seit In-Kraft-Treten des IfSG im Jahr 2001.

## Literaturhinweise

- Kleta S, Hemmerls JA, Dieckmann R, et al.: *Molecular Tracing to Find Source of Protracted Invasive Listeriosis Outbreak, Southern Germany, 2012–2016*. Emerg Infect Dis 2017; 23:1680–1683.
- Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S: *Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015*. Euro Surveill 2015. <http://dx.doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2015.20.50.30094>
- Preußel K, Milde-Busch A, Schmich P, Wetzstein M, Stark K, Werber D: *Risk factors for sporadic nonpregnancy associated listeriosis in Germany – immunocompromised patients and frequently consumed ready-to-eat products*. PLoS One 2015; 10:e0142986.
- RKI: *Listeriose-Ausbruch in Süddeutschland*. Epid Bull 2016; 23:204.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.36 Malaria



- ▶ Fälle 2017: 956
- ▶ Im Jahr 2017 wie schon 2016 Rückgang der *P. vivax*-Infektionen, aber Anstieg der Malaria-tropica-Infektionen durch *P. falciparum*
- ▶ Über 90% der Infektionen in Afrika erworben

### Kurzbeschreibung

Malaria wird durch Plasmodien genannte parasitäre Einzeller verursacht. Die verschiedenen Plasmodienarten werden typischerweise durch Mücken übertragen. Malaria wird überwiegend in Afrika, deutlich seltener in Asien, Ozeanien oder Lateinamerika erworben. Charakteristisch für Malaria-Erkrankungen ist Fieber. Die gefährlichste Form, Malaria tropica (*Plasmodium falciparum*), kann bei fehlender oder zu spät erfolgter Behandlung tödlich verlaufen.

### Fallkriterien

Die an das RKI gemeldeten Fälle wurden in die Statistik aufgenommen, sofern der Labornachweis nicht ausschließlich serologisch (d. h. durch Antikörperbestimmung) erfolgte. Außerdem wurden nur die Fälle mit Wohnsitz in Deutschland berücksichtigt. Auf der Basis dieser Fallkriterien

wurden für das Jahr 2017 insgesamt 956 Malaria-Fälle (1,2 Fälle pro 100.000 Einwohner; Vorjahr: 961 Fälle) gemeldet.

### Zeitlicher Verlauf

In den Jahren 2014 und 2015 war ein deutlicher Anstieg der Fallzahl gegenüber den Vorjahren zu verzeichnen gewesen (1.007 und 1.061 Fälle). Seit 2016 ist die Fallzahl leicht rückläufig, aber im Vergleich zu den Jahren vor 2014 noch deutlich erhöht (s. Abb. 6.36.1).

Die Anzahl der monatlich diagnostizierten Malaria-Fälle lag 2017 zwischen 46 Fällen im April und 134 Fällen im August.

### Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern gemeldet wurden, differierte sehr stark (s. Abb. 6.36.2). Für Hamburg wurde eine Inzidenz von 4,4 Fällen pro 100.000 Einwohner ermittelt (n=79), für Bremen von 2,7 (n=18) und für Berlin von 1,9 (n=68). Die niedrigsten Inzidenzen traten mit 0,5 Fällen/100.000 Einw. in Thüringen (n=10) und Sachsen (n=22) auf.

Das wahrscheinliche Infektionsland wurde für 653 (68%) Fälle angegeben. Der weitaus größte Teil der Nennungen (608; 93%) entfiel wie in den Vorjahren auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.36.1). Wie in den Vorjahren wurden Nigeria, Kamerun und Ghana am häufigsten genannt. Die Zahl der in Asien erworbenen Infektionen war mit 32 Fällen gegenüber 51 Fällen im Jahr 2016 rückläufig; am häufigsten genannt wurden Afghanistan und Pakistan mit je 9 Fällen. Infektionsländer außerhalb Afrikas und Asiens wurden bei 13 Fällen angegeben. Ein Fall wurde in Deutschland erworben. Es handelt sich um eine Krankenschwester, die sich durch einen Nadelstich bei einem Patienten mit Malaria tropica infiziert hat.

### Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wies mit 2,1 Fällen/100.000 Einw. die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen auf. Jungen und Männer hatten insgesamt eine 2,1-mal höhere Inzidenz als Mädchen und Frauen, wobei die Inzidenz bei den 30- bis 39-jährigen Männern mit 2,5 Fällen/100.000 Einw. am höchsten war (s. Abb. 6.36.3).

Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen bei Männern und Frauen, die auch in den Vorjah-

Abb. 6.36.1:  
Gemeldete Malaria-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2017

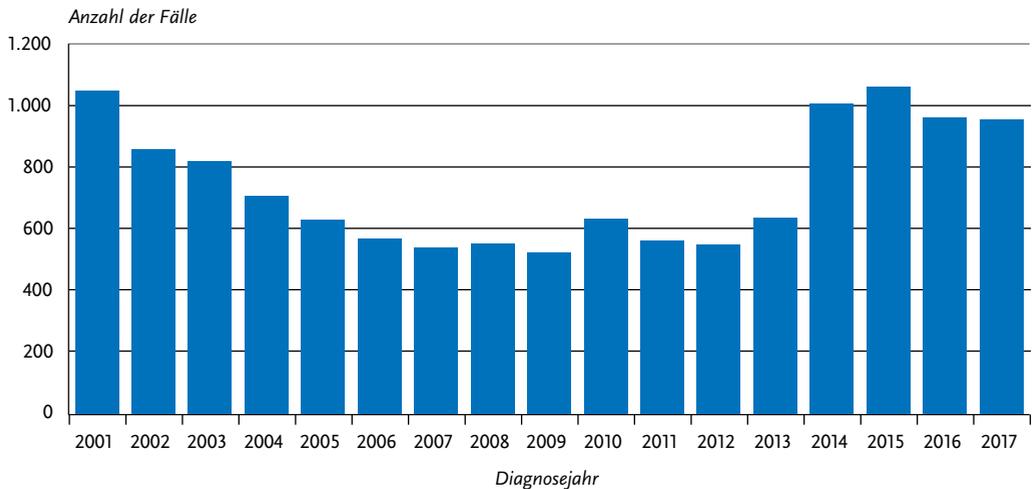
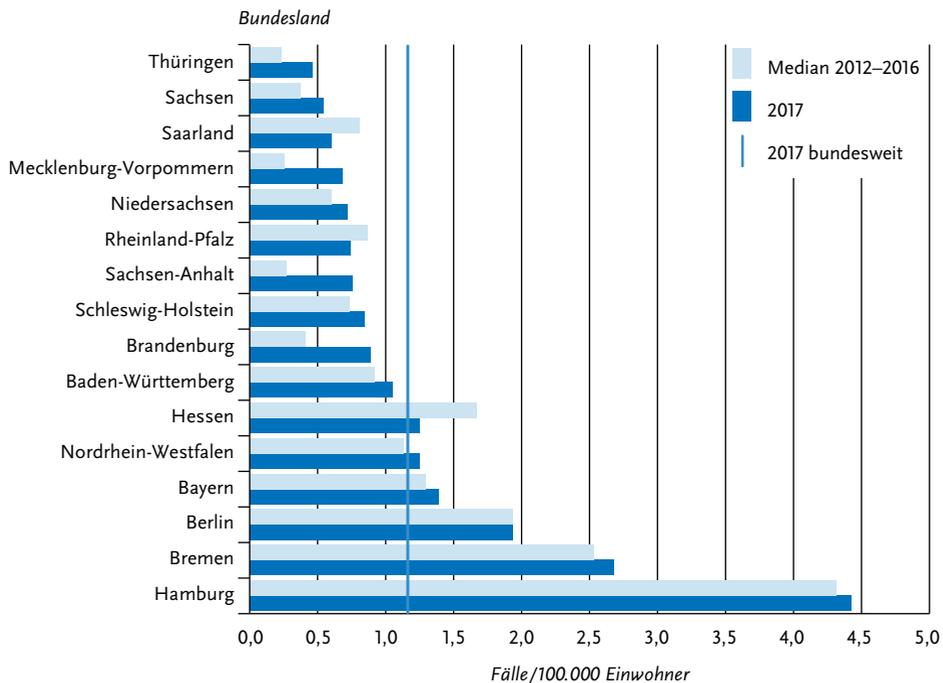


Abb. 6.36.2:  
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=956) im Vergleich mit den Vorjahren



**Tab. 6.36.1:**  
**Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2017 (n=653)**

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Nigeria	134	21%
Kamerun	90	14%
Ghana	70	11%
Togo	50	8%
Benin	27	4%
Kenia	24	4%
Uganda	21	3%
Sierra Leone	20	3%
Elfenbeinküste	20	3%
Kongo, Demokratische Republik	17	3%
Mosambik	17	3%
Andere	163	25%
<b>Summe</b>	<b>653</b>	<b>100%</b>

ren ausgeprägt waren, sind vermutlich auf ein unterschiedliches Reise- oder Präventionsverhalten sowie auf unterschiedliche Personengruppen unter den aus Malaria-Endemiegebieten neu nach Deutschland Einreisenden zurückzuführen.

**Nachgewiesene Erreger**

Unter den 927 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (97% aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 747 Fällen (81% ; 2016: 664 Fälle, 71%) am häufigsten diagnostiziert. Wie im Vorjahr lag an zweiter Stelle *P. vivax* mit 73 Fällen (8% ; 2016: 168 Fälle), gefolgt von *P. malariae* (35 Fälle), *P. ovale* (33 Fälle), Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers; 9 Fälle) und *P. knowlesi* (1 Fall). Bei 29 Fällen wurde eine Mischinfektion angegeben (s. Abb. 6.36.4). Die in den letzten Jahren erhöhte Anzahl von *P. vivax*-Infektionen war stark rückläufig. Gleichzeitig ist die Anzahl gemeldeter *P. falciparum*-Infektionen angestiegen.

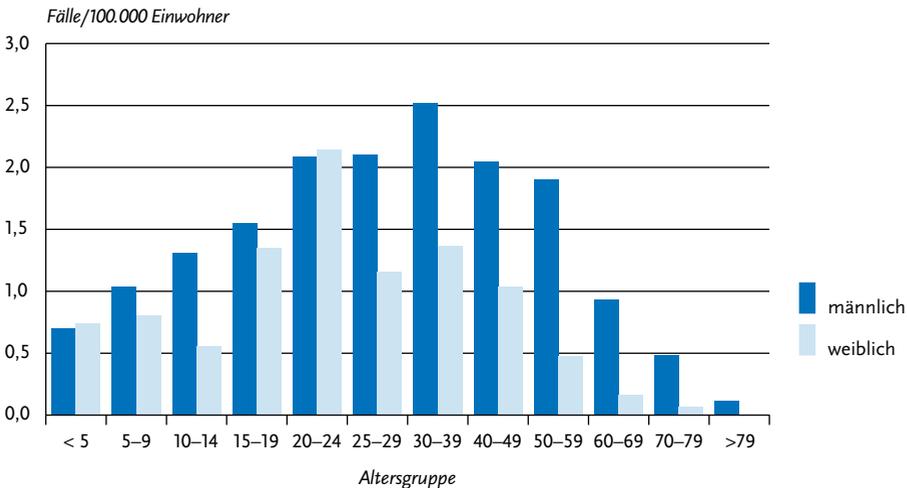
**Klinische Aspekte**

Für 3 der im Jahr 2017 gemeldeten Malaria-Fälle wurde ein tödlicher Verlauf berichtet, alle bei Infektion mit *P. falciparum*. Es handelt sich um 2 Männer und eine Frau im Alter von 52 bis 65 Jahren. Infektionsländer waren Kamerun, Kenia und Uganda.

**Datenqualität**

Für 731 Fälle (76% ; Vorjahr: 75%) lagen die Meldbögen sowohl vom Labor als auch vom Arzt vor, für 219 Fälle nur der Laborbogen, für 6 Fälle nur der Arztbogen. Angaben zum wahrscheinlichen

**Abb. 6.36.3:**  
**Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=946)**



Tab. 6.36.2:  
Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland,  
2017 (n=927)

Erregerspezies	Anzahl	Anteil
<i>Plasmodium falciparum</i> (M. tropica)	747	80,6%
<i>Plasmodium vivax</i> (M. tertiana)	73	7,9%
<i>Plasmodium malariae</i> (M. quartana)	35	3,8%
<i>Plasmodium ovale</i> (M. tertiana)	33	3,6%
Mischinfektion	29	3,1%
M. tertiana (ohne Differenzierung)	9	1,0%
<i>Plasmodium knowlesi</i>	1	0,1%
<b>Summe</b>	<b>927</b>	<b>100%</b>

Infektionsland sind in der Regel nur im Arztbogen vorhanden.

### Fazit

Die Gesamtzahl der gemeldeten Malaria-Fälle war 2017 gegenüber 2016 kaum verändert. Dabei war eine Zunahme der *P. falciparum*-Infektionen bei gleichzeitigem Rückgang der 2014 und 2015 deutlich erhöhten Zahl von *P. vivax*-Infektionen zu verzeichnen. Der auch 2016 bereits beobachtete Rückgang von *P. vivax*-Infektionen ist durch eine im Vergleich zu 2014 und 2015 verminderte Anzahl von nach Deutschland einreisenden Personen aus Herkunftsländern erklärbar, in denen *P. vivax* endemisch vorkommt.

### Literaturhinweise

- Vygen-Bonnet S, Stark K: *Changes in malaria epidemiology in Germany, 2001–2016: a time series analysis*. Malar J 2018. doi: 10.1186/s12936-018-2175-y
- Vygen-Bonnet S, Wilking H, Stark K: *Malaria und Chikungunya: Auf Reiseanamnese achten*. Dt Arztebl 2017; 114:A2098/B-1767/C-1730.
- Roggelin L, Tappe D, Noack B, Addo MM, Tannich E, Rothe C: *Sharp increase of imported Plasmodium vivax malaria seen in migrants from Eritrea in Hamburg, Germany*. Malar J 2016. doi: 10.1186/s12936-016-1366-7
- RKI-Ratgeber (2015). www.rki.de/ratgeber

## 6.37 Masern



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 929
- ▶ Inzidenz: 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren
- ▶ 57 Ausbrüche mit 762 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Masern sind eine nur beim Menschen epidemiologisch relevant vorkommende hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen übertragen wird und durch Fieber, Entzündung der oberen Atemwege und einen typischen Hautausschlag gekennzeichnet ist. Gefürchtet sind Komplikationen wie Mittelohr-, Lungen- oder Gehirnentzündung. Impfungen bieten einen effektiven Schutz. Die Elimination der Masern ist ein erklärtes Ziel der deutschen und internationalen Gesundheitspolitik. Eine Elimination liegt vor, wenn in Deutschland eine endemische Übertragung der Masern über mindestens 12 Monate nicht mehr zu beobachten ist. Dafür muss bei mindestens 95% der Bevölkerung eine ausreichende Immunität vorliegen.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.37.1). Im Jahr 2017 wurden 1.037 Fälle übermittelt, von denen 929 der Referenzdefinition entsprachen. Die Falldefinition für die Masern wurde im Jahr 2015 geändert und orientiert sich an der Falldefinition der WHO. Der Anteil der Fälle mit nicht erfülltem klinischen Bild ist in den letzten Jahren gestiegen. Dieser Anstieg ist möglicherweise auch auf Masern-Erkrankungen bei bereits Geimpften mit einem sekundären Impfvorsagen und abgeschwächter Symptomatik zurückzuführen. Der hohe Anteil der klinisch-epidemiologischen Fälle ist auf einen besonders großen Ausbruch in Nordrhein-Westfalen mit 465 Fällen zurückzuführen.

### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2017 wurden 929 Masern-Erkrankungen übermittelt. Die Anzahl der übermittel-

**Tab. 6.37.1:**  
Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

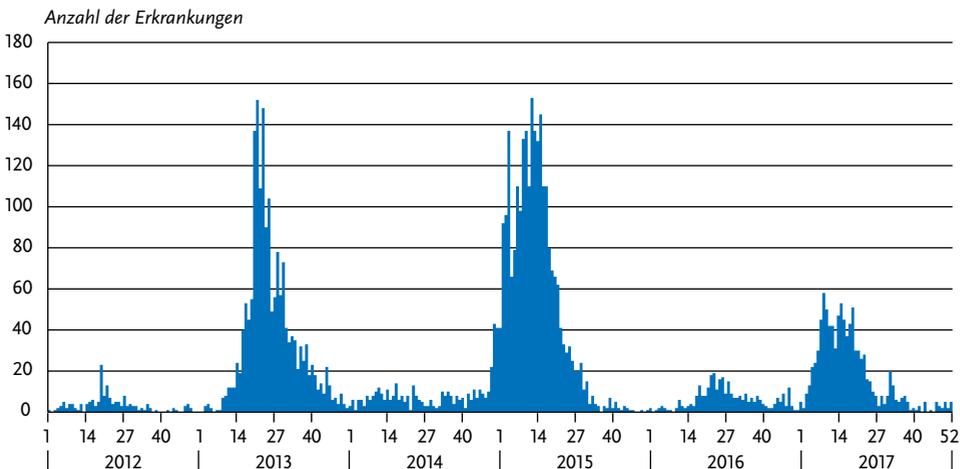
Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	20	6 %	29	3 %
klinisch-epidemiologisch (B)	34	9 %	257	25 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	271	75 %	643	62 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	27	7 %	85	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	9	2 %	23	2 %
alle	361	100 %	1.037	100 %
<b>Referenzdefinition (A+B+C)</b>	<b>325</b>	<b>90 %</b>	<b>929</b>	<b>90 %</b>

ten Masern-Erkrankungen schwankt von Jahr zu Jahr zum Teil erheblich. So wurden im Jahr 2017 zwar deutlich mehr Fälle als 2016 (n=325) jedoch erheblich weniger als 2015 (n=2.465) übermittelt. Während die Fallzahl im Jahr 2015 eine der höchsten seit 2001 war, war die Anzahl der im Jahr 2016 übermittelten Masern-Erkrankungen eine der niedrigsten. Es zeigte sich auch 2017 der für Masern typische saisonale Verlauf mit den höchsten Erkrankungszahlen im ersten Halbjahr des Jahres (besonders in der 4. bis 27. Meldewoche) (s. Abb. 6.37.1).

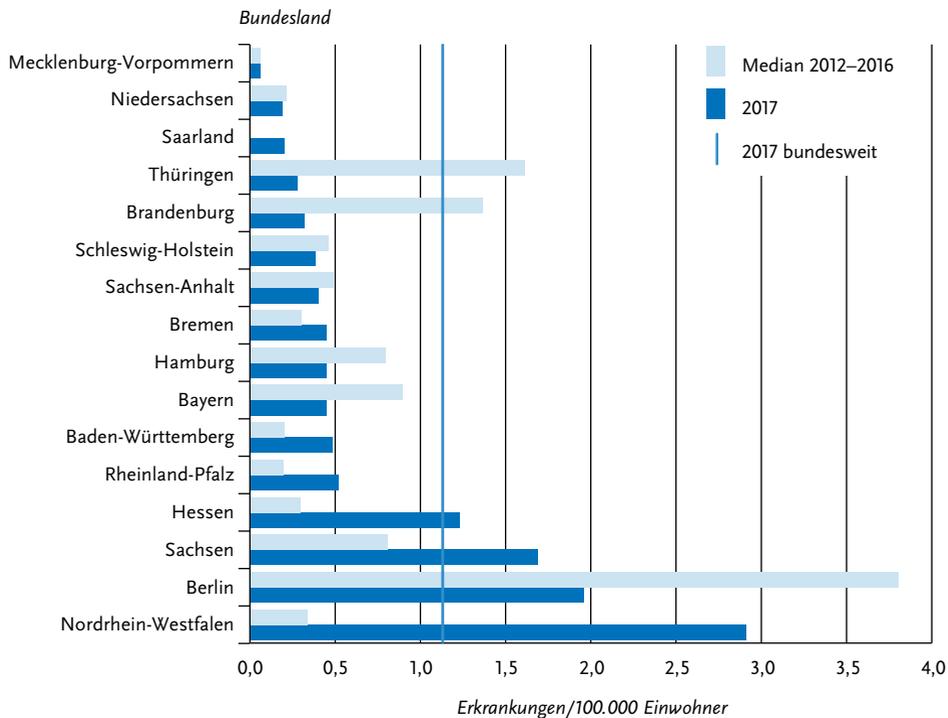
**Geografische Verteilung**

Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit höher als im Jahr 2016 (0,4) und als der Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (0,5). In Nordrhein-Westfalen (2,9), Berlin (2,0), Sachsen (1,7) und Hessen (1,2) lag die Inzidenz über der bundesweiten Inzidenz. In allen anderen Bundesländern lag sie darunter. Das Saarland, Bremen, Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen, Sachsen, Hessen und Rheinland-Pfalz lagen mit der Inzidenz für 2017 über dem Median der letzten

**Abb. 6.37.1:**  
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2012 bis 2017



**Abb. 6.37.2:**  
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=929)  
im Vergleich zu den Vorjahren



5 Vorjahre; alle anderen Bundesländer, auch Berlin, lagen darunter.

Eine Inzidenz von  $< 0,1$  Erkr./100.000 Einw., die von der WHO als ein Indikator für ein mögliches Erreichen der Masernelimination angesehen wird, wurde 2017 nur in Mecklenburg-Vorpommern erreicht (s. Abb. 6.37.2).

Rund 56% der 929 Masern-Erkrankungen wurden aus Nordrhein-Westfalen übermittelt (n=520), gefolgt von Hessen mit 8% (n=76) sowie Berlin und Sachsen mit jeweils rund 7% aller Fälle (je n=69).

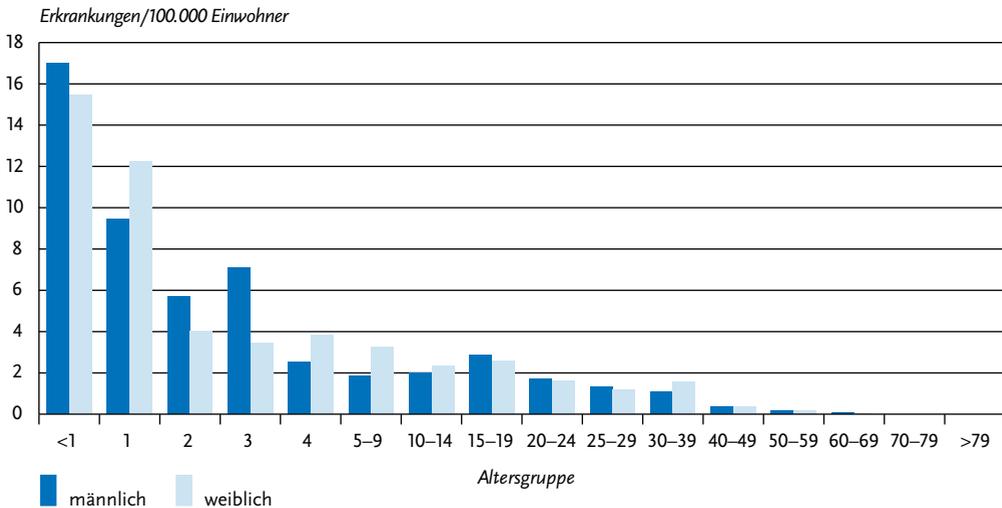
Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 820 Erkrankungen vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 833 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (92% der Nennungen; n=763). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden mit Rumänien (n=25), der Schweiz und Italien (je n=6), Spanien und Serbi-

en (je n=2) am häufigsten Länder der europäischen WHO-Region genannt. Länder außerhalb der europäischen WHO-Region wurden 15-mal (darunter Thailand mit 5 Fällen) angegeben.

### Demografische Verteilung

Wie schon in den Vorjahren wurde die höchste altersspezifische Inzidenz bei Kindern in den ersten beiden Lebensjahren beobachtet. Sie lag bei Kindern im ersten Lebensjahr bei 16 Erkr./100.000 Einw., bei den 1-Jährigen bei 11, bei den 2-Jährigen bei 4,9 und bei den 3-Jährigen bei 5,3. Anders als in den Vorjahren lag die Inzidenz der 3-Jährigen über der der 2-Jährigen. Für die 4-Jährigen wurde eine Inzidenz von 3,1 berechnet, für die 5- bis 9-Jährigen lag sie bei 2,5, für die 10- bis 14-Jährigen bei 2,2 und für die 15-19-Jährigen bei 2,7. In den höheren Altersgruppen nahmen die Inzidenzen ab und reichten von 1,7 bei den 20- bis 24-Jährigen, über 1,3 bei den 25- bis 39-Jährigen und 0,4

**Abb. 6.37.3:**  
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=926)



bei den 40- bis 49-Jährigen bis 0,2 bei den 50- bis 59-Jährigen und 0,1 bei den 60- bis 69-Jährigen (s. Abb. 6.37.3). In den Altersgruppen von 70 Jahren und darüber sind keine Masern-Fälle aufgetreten.

Insgesamt 42 % der Erkrankungen betrafen die Altersgruppe der 0- bis 9-Jährigen (2016: 47 %; 2015: 36 %). Innerhalb dieser Gruppe lag der Anteil der 0- bis 2-Jährigen bei rund 61 % (2016: 52 %). Über die Hälfte der Erkrankungen (58 %; 2016: 53 %) traten bei Patienten im Alter von 10 Jahren oder älter auf. Von allen Masern-Erkrankungen entfielen rund 21 % (2016: 19 %) auf die Altersgruppe der 10- bis 19-Jährigen und 30 % (2016: 25 %) auf die Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen. Rund 5 % waren zwischen 40 und 49 Jahre alt (2016: 5 %) und 3 % der an Masern Erkrankten über 50 Jahre alt (2016: 3 %).

Im Jahr 2017 war die Masern-Inzidenz bei Mädchen und Frauen genauso hoch wie bei Jungen und Männern (1,1).

### Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Hospitalisierung (n=376) lag bei 40 % und damit niedriger als im Jahr 2016 (52 %). Die relative Häufigkeit einer Hospitalisierung variierte nach Alter. So wurden im Jahr 2017 48 % (2016: 46 %)

der in den ersten beiden Lebensjahren erkrankten Kinder (97 von 202) sowie 26 % (2016: 46 %) der Masern-Patienten im Alter von 2 bis 19 Jahren (98 von 381) hospitalisiert. Von Erkrankten, die 20 Jahre oder älter waren, betrug dieser Anteil rund 52 % (181 von 346; 2016: 58 %).

Der Anteil der an Masern Erkrankten mit Komplikationen hat sich im Vergleich zum Vorjahr nicht wesentlich verändert. Für 759 der 929 Erkrankten lagen Angaben zu Komplikationen vor. Von diesen wurden für 703 Patienten (93 %, 2016: 94 %) keine Komplikationen angegeben. Eine Enzephalitis/Meningitis wurde für 3 Patienten im Rahmen der akuten Masern-Erkrankung angegeben. Bei 25 der 759 Erkrankungen (3 %, 2016: 4 %) wurde eine Lungenentzündung und bei 7 Patienten (1 %, 2016: 1 %) eine Mittelohrentzündung im Verlauf der Masern-Erkrankung dokumentiert. Zudem wurden 3 Erkrankungen mit einer Darmkomplikation angegeben. 18 Patienten wiesen andere Komplikationen nicht näher beschriebener Art auf. Die Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) ist nicht meldepflichtig. Aus diesem Grund liegen dem RKI für dieses Krankheitsbild keine Daten vor. Im Jahr 2017 wurde ein durch eine Masern-Erkrankung verursachter Todesfall übermittelt. Hierbei handelte es sich um eine 37-jährige Frau.

### Impfstatus

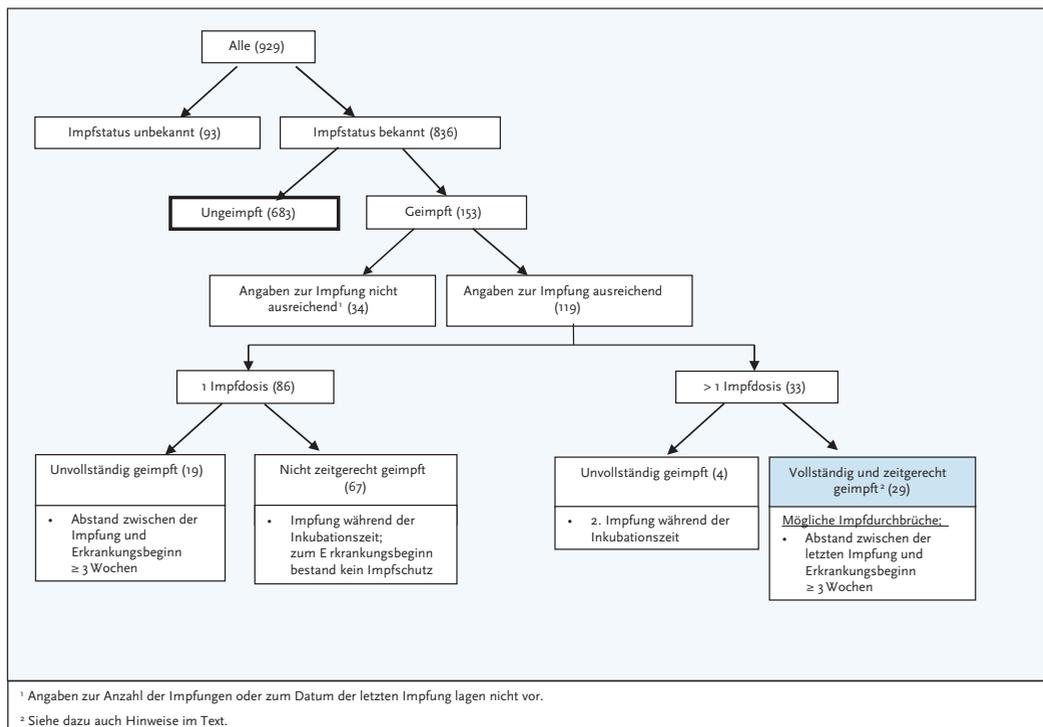
Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines masernhaltigen Impfstoffes (vorzugsweise Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Nach der 2. Dosis entwickeln in der Regel auch die Personen eine Immunität, bei denen aus unterschiedlichen Gründen nach einer ersten Impfdosis kein Immunschutz aufgebaut wurde. Die erste Impfung wird im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von 9 Monaten empfohlen. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 2. Masern-Mumps-Röteln-Impfung mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung im Alter von 15 bis 23 Monaten. Alle Kinder sollten vor ihrem 2. Geburtstag somit 2-mal geimpft worden sein. Die STIKO hat im Jahr 2010 zudem Empfehlungen zur Masernimpfung bei Erwachsenen, die nach 1970 geboren wurden, ausgespro-

chen. Als Grundsatz gilt, dass nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) bewertbar sind. Eine Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben anzunehmen, ist sehr unsicher und wird nicht empfohlen.

Von den 929 an Masern Erkrankten wurden 153 als geimpft und 683 als ungeimpft übermittelt; bei 93 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.37.4). Bei 119 geimpften Fällen lagen valide Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung vor.

Bei 67 von 86 einmalig Geimpften mit bekanntem Impfdatum stand die Impfung in einem zeitlichen Zusammenhang zur Erkrankung (innerhalb von 21 Tagen vor Erkrankungsbeginn), was für Kontrollmaßnahmen zur Verhinderung von weiteren Fällen spricht (postexpositionelle Impfung). Bei 19 Patienten mit einmaliger Impfung, die mehr als 21 Tage, überwiegend jedoch Jahre, zurücklag, kann ein unzureichender Impf-

Abb. 6.37-4: Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=929)



schutz aufgrund einer nicht erfolgten zweiten Impfung angenommen werden. Nur zwei Patienten befanden sich im ersten bzw. zweiten Lebensjahr, bei allen weiteren Patienten hätte man durch eine nach STIKO-Empfehlungen rechtzeitige zweite Impfung höchstwahrscheinlich eine Erkrankung verhindern können.

Bei 33 von 44 mehr als einmal geimpften Fällen lag ein Impfdatum vor. Bei vier der 33 Fälle wurde die 2. Impfung kurz vor Erkrankungsbeginn verabreicht, so dass bei allen anderen 29 Erkrankungen nach vollständiger und zeitgerechter Impfung von einem primären oder sekundären Impfersagen ausgegangen werden kann. Um Impfdurchbrüche, d.h. Masern-Erkrankungen, die trotz regelrechter Impfung auftreten, sicher feststellen zu können, sollte unbedingt bei allen geimpften Patienten die Erkrankung labordiagnostisch gesichert werden, auch wenn sie klinisch Symptome aufweisen, die der Falldefinition entsprechen. Bei nur klinisch bestätigten geimpften Fällen ohne Labornachweis ist die Masern diagnose unsicher. Von den 29 vollständig und zeitgerecht geimpften Fällen im Jahr 2017 waren 22 laborbestätigt, 3 klinisch-epidemiologisch und 4 nur klinisch bestätigt.

### **Ausbrüche**

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland ist geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Monate andauernden, auch bundeslandübergreifenden Transmissionsketten.

Während im Jahr 2016 insgesamt 34 Ausbrüche (22 mit jeweils weniger als 5 Fällen und 12 mit jeweils mindestens 5 Fällen) mit insgesamt 241 Fällen übermittelt wurden, waren es im Jahr 2017 57 Ausbrüche mit insgesamt 762 Fällen. Es konnten somit 82 % aller Masern-Fälle des Jahres 2017 zu Ausbrüchen zusammengefasst werden. Dabei wiesen 40 Ausbrüche jeweils weniger als 5 Fälle und 17 Ausbrüche jeweils mindestens 5 Fälle, davon 10 mindestens 10 Fälle auf. Diese 17 Ausbrüche umfassten insgesamt 663 Fälle. Ausbrüche wurden aus 12 Bundesländern (außer Bremen, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern und dem Saarland) übermittelt. Drei Ausbrüche traten in mehreren Bundesländern auf.

Der größte Ausbruch mit insgesamt 465 Fällen nach Referenzdefinition begann im Februar

2017 in Duisburg und breitete sich nachfolgend auf weitere Kreise in Nordrhein-Westfalen aus. Im Rahmen dieses Ausbruchs verstarb eine Person in Essen. Zwei weitere größere Ausbrüche ereigneten sich in Sachsen (35 Fälle) und Hessen (20 Fälle). Obwohl Ausbrüche auch in Gemeinschaftseinrichtungen und medizinischen Einrichtungen wie Krankenhäusern beschrieben wurden, nahm der größte Anteil der Ausbrüche im familiären Umfeld seinen Anfang.

Eine Genotypisierung mindestens eines Falles wurde in nur 35 der 57 Ausbrüche vorgenommen. Eine Bestimmung der Variante des zirkulierenden Genotyps der Masernviren ist wichtig, um die Herkunft der Viren und das Ausmaß der Verbreitung abschätzen zu können.

### **Datenqualität**

Eine labordiagnostische Untersuchung von Verdachtsfällen ist sehr wichtig, da bei einer für die Elimination zu erreichenden Inzidenz von unter 0,1 Erkr./100.000 Einw. der positive, also richtige Vorhersagewert einer lediglich klinischen Masern diagnose niedrig ist. Der Anteil an klinisch-laborbestätigten Fällen lag mit 62 % leider niedriger als in den beiden Vorjahren (2016: 75 %, 2015: 76 %). Dieser Rückgang ist möglicherweise mit der hohen Anzahl der in Ausbrüchen zusammengefassten Fälle zu erklären. Eine Laboruntersuchung sollte besonders bei sporadischen Fällen und bei anamnestic gegen Masern Geimpften erfolgen.

Bei 211 der 929 übermittelten Erkrankungen (23 %, 2016: 18 %) war ein Genotyp angegeben. Hier fand eine Steigerung im Vergleich zu den letzten Jahren statt. Bei 98 Erkrankungen erfolgte die Angabe »andere/sonstige«. Die vom Nationalen Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln (NRZ) an die Gesundheitsämter gemeldeten Ergebnisse zu vorliegenden Genotypen sollten in der Melde- und Übermittlungssoftware erfasst werden, damit im Rahmen der epidemiologischen Surveillance valide Analysen zu Transmissionsketten vorgenommen werden können. Diese ist besonders bei sporadisch aufgetretenen Masern-Fällen von Relevanz. Die Einschätzung der Länge von Transmissionsketten ist unmittelbare Voraussetzung für die Verifizierung des Standes der Elimination der Masern in Deutschland. Ergebnisse der Genotypisierung sollten stets nachgetragen und übermittelt werden.

Vollständige Angaben zu bereits durchgeführten Impfungen sind entscheidend, um korrekte Einschätzungen zu eventuell vorliegenden Impfdurchbrüchen und zur Wirksamkeit der Impfungen, insbesondere zur Einschätzung einer nachlassenden Immunität vornehmen zu können.

Angesichts des hohen Anteils der Hospitalisierten im Vergleich zu den angegebenen Komplikationen ist eine Untererfassung der Komplikationen anzunehmen. So wurden 376 Masern-Erkrankungen im Krankenhaus behandelt, Komplikationen jedoch nur bei 56 Erkrankungen näher spezifiziert. Zu 170 der 929 Masern-Erkrankungen (18%, in 2016: 29%) waren Angaben zu möglichen Komplikationen nicht erhoben bzw. nicht ermittelbar.

### Fazit

Es wurde eine Masern-Inzidenz von 1,1 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2016: 0,4). Die von der WHO vorgegebenen Indikatorinzidenz von < 0,1 Erkr./100.000 Einw. für die Masern-Elimination wurde nicht erreicht. Wie in den Vorjahren weisen Kinder in den ersten Lebensjahren die höchsten Inzidenzen auf.

Der steigende Anteil der Genotypisierungen hatte dazu geführt, dass für das Jahr 2016 Infektionsketten besser verfolgt werden konnten und Deutschland den Status einer »Unterbrechung der Transmissionsketten« erhielt. Die Anzahl der übermittelten Masern-Erkrankungen war im Jahr 2017 jedoch wieder deutlich höher als 2016. Der hohe Anteil an kleineren Ausbrüchen mit unter 5 Fällen zeigt, dass in der Regel, auch durch unverzügliche Maßnahmen der lokalen Behörden, Transmissionsketten schnell unterbrochen werden können.

Die Inzidenz bei Kindern unter 12 Monaten zeigt jedoch, dass die Herdenimmunität weiterhin nicht ausreicht, um eine Ausbreitung der Masern in dieser Altersgruppe zu verhindern und diejenigen wirksam zu schützen, die selbst (noch) nicht geimpft werden können, jedoch besonders häufig an Komplikationen der Masern erkranken. Besonders auch für diese Gruppen ist die Impfung aller anderen Altersgruppen von Bedeutung.

Die Notwendigkeit der schnellstmöglichen Nachholimpfung bei Kindern und Jugendlichen, insbesondere auch bei Kindern und Jugendlichen

mit Migrationshintergrund aus der Europäischen Union, die in ihrer Heimat nicht geimpft worden waren, und der Impfung junger Erwachsener entsprechend den Impfpfehlungen der STIKO, ist weiterhin geboten, um lange Transmissionsketten in Deutschland zu verhindern.

### Literaturhinweise

- Dabbagh A, Patel MK, Dumolard L, et al.: *Progress towards regional measles elimination-worldwide, 2000–2016*. MMWR 2017. doi: 10.15585/mmwr.mm6642a6
- Santibanez S, Hübschen JM, Ben Mamou MC, et al.: *Molecular Surveillance of measles and rubella in the WHO European Region: New challenges in the elimination phase*. Clin Microbiol Infect 2017; 23:516–523.
- Schaks N, Krahnert S: *Die Einführung einer Impfpflicht zur Bekämpfung der Masern. Eine zulässige staatliche Handlungsoption*. Medizinrecht 2015; 33:860–866.
- Betsch C, Böhm R: *Detrimental effects of introducing partial compulsory vaccination: experimental evidence*. Eur J Public Health 2015; doi: 10.1093/eurpub/ckv154
- Petersen S, Rabenau HF, Mankertz A, Matysiak-Klose D, Friedrichs I, Wicker S: *Immunität gegen Masern beim medizinischen Personal des Universitätsklinikums Frankfurt, 2003–2013*. Bundesgesundheitsbl 2015; 58:182–189.
- Takla A, Wichmann O, Rieck T, Matysiak-Klose D: *Measles incidence in Germany, 2007–2011. Review of surveillance and insurance data towards measles elimination in Germany*. Bull World Health Org 2014; 92:742–749.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. Epid Bull 2018; 16: 151–156.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.
- Schultz U: *Projekt zur Schließung von Impflücken bei Schülern der 6. Klassenstufe und Lehrern im Landkreis Görlitz (Sachsen)*. Epid Bull 2017; 29:261–257.
- STIKO: *Fachliche Anwendungshinweise zur Masern-Postexposition prophylaxe bei Risikopersonen*. Epid Bull 2017; 2:17–25.
- Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Aktuelles aus der KV-Impfsurveillance: Impfquoten der Rotavirus-, Masern-, HPV- und Influenza-Impfung in Deutschland*. Epid Bull 2017; 1:1–12.
- RKI: *Berichte der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland 2015 auf der Website des RKI veröffentlicht*. Epid Bull 2016; 46:517.
- RKI: *Kontaktmanagement bei einem Masernausbruch in einer Unterkunft für Asylsuchenden in Frankfurt am Main*. Epid Bull 2015; 47/48:506–509.
- RKI: *Spezialangebot und Beratung. Nationales Referenzzentrum Masern, Mumps, Röteln*. Epid Bull 2015; 24:217.
- RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.38 Meningokokken, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 283
- ▶ Leichte Abnahme der Fallzahlen im Jahr 2017
- ▶ Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern, gefolgt von Jugendlichen
- ▶ Eine Häufung mit 2 Fällen

### Kurzbeschreibung

Meningokokken sind Bakterien der Art *Neisseria meningitidis*. Sie werden durch Tröpfchen übertragen und können eine akute, teilweise perakut verlaufende Erkrankung hervorrufen, die sich vor allem als Meningitis oder Sepsis manifestiert. Folge eines besonders fulminanten septischen Verlaufs ist das mit hämorrhagischen Nekrosen (Purpura fulminans) einhergehende Waterhouse-Friderichsen-Syndrom (WFS). Die Letalität der invasiven Meningokokken-Infektionen beträgt 5 bis 10%. Meningokokken werden in verschiedene Serogruppen unterteilt, von denen in Deutschland bisher überwiegend die Serogruppen B und C vorkamen. Seit Juli 2006 ist eine Impfung mit einem Meningokokken-C-Konjugat-Impfstoff für alle Kinder im zweiten Lebensjahr von der Ständigen Impfkommission (STIKO) empfohlen. Ältere Kinder sollen nachgeimpft werden. Des Weiteren sind tetravalente Konjugatimpfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sowie oberflächen-

proteinbasierte Impfstoffe gegen Meningokokken der Serogruppe B für Personen mit erhöhtem Risiko für eine invasive Meningokokken-Infektion empfohlen.

### Falldefinition

Seit dem Jahr 2015 erfüllt auch ein Fall ohne Labornachweis und ohne epidemiologische Bestätigung die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. WFS) erfüllt ist (s. Tab. 6.38.1). Ebenso erfüllen seit 2015 alle labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen die Referenzdefinition, auch wenn das klinische Bild nicht erfüllt oder unbekannt ist (Falldefinitions-kategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen.

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 erfüllten 283 Fälle die Referenzdefinition, 16% weniger als im Vorjahr. Wie in den meisten Vorjahren wurde ein Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, in dem ein Drittel aller Fälle (33%) des Jahres 2017 auftraten (s. Abb. 6.38.1). Auch von 2012 bis 2016 traten insgesamt 34% aller Fälle im I. Quartal auf.

### Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen in den Bundesländern lag zwischen 0,2 (Hamburg, Schleswig-Holstein, Saarland, Sachsen) und 0,9 Fälle pro 100.000 Einwohner in Bremen (bundesweite Inzidenz: 0,3, etwas geringer

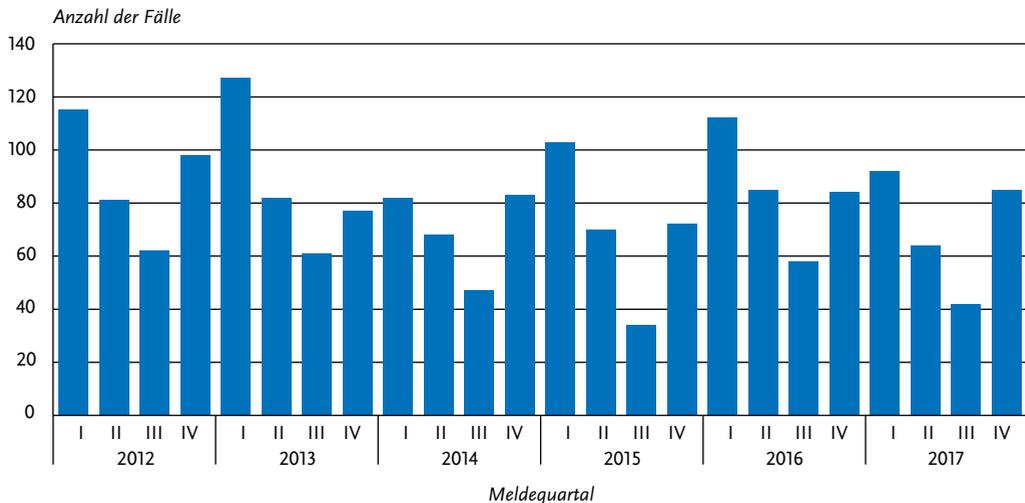
Tab. 6.38.1:

Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	5	1%	2	1%
klinisch-epidemiologisch (B)	3	1%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	322	95%	271	95%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8	2%	8	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	0%	3	1%
alle	339	100%	284	100%
<b>Referenzdefinition (A+B+C+D+E)</b>	<b>338</b>	<b>100%</b>	<b>283</b>	<b>100%</b>

\* Von den Fällen, die nur klinische Angaben hatten, erfüllte in den Jahren 2016 und 2017 jeweils 1 Fall nicht die Kriterien für das spezifische klinische Bild.

Abb. 6.38.1:  
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Meldequartal, Deutschland, 2012 bis 2017 (n=1.884)



als im Median der 5 Vorjahre (0,4). Gegenüber dem Median der 5 Vorjahre nahm die Inzidenz in den meisten Bundesländern ab oder lag auf ähnlichem Niveau wie in den Vorjahren (s. Abb. 6.38.2). Nur in Thüringen, Rheinland-Pfalz, Berlin und in Bremen kam es zu einem deutlichen Anstieg, allerdings bei niedrigen Fallzahlen.

Von den 224 (79%) Fällen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 214 (96%) ausschließlich Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland genannt. In 10 Fällen wurde ein anderes Land als einziges wahrscheinliches Infektionsland angegeben: Zweimal Spanien und jeweils einmal Bulgarien, Kroatien, Marokko, Norwegen, Rumänien, die Russische Föderation, die Türkei, das Vereinigte Königreich.

#### Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten in den ersten Lebensjahren auf, insbesondere bei Säuglingen und Einjährigen. Wie in den Vorjahren bestand ein zweiter, kleinerer Gipfel in der Altersgruppe der 15- bis 19-Jährigen. Insgesamt unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem (0,4/100.000 Einw.) und weiblichem (0,3/100.000 Einw.) Geschlecht nur geringfügig.

#### Nachgewiesene Erreger

Für 228 (81%) der 283 Fälle lagen Angaben zur Serogruppe der Erreger vor (Vorjahr: 83%). Tabelle 6.38.2 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist mit 135 Fällen (59%) für die Mehrzahl der Fälle verantwortlich (Vorjahr: 160 (57%)); gefolgt von der Serogruppe C mit 39 (17%) Fällen (Vorjahr: 58 (21%)). Die Serogruppe Y wurde bei 33 (14%) der Meningokokken-Infektionen nachgewiesen (Vorjahr: 32 (11%)) und die Serogruppe W bei 20 (8%) (Vorjahr: 27 (10%)).

Eine Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird für alle Kinder ab dem Alter von einem Jahr seit 2006 empfohlen. Die folgende Analyse bezieht sich auf die Altersgruppe der 1- bis 11-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Von den 50 übermittelten Meningokokken-Infektionen in dieser Altersgruppe war bei 38 (76%) die Serogruppe angegeben. Der Anteil der Serogruppe C lag bei 5% (2 Fälle; Vorjahr: 8%, 4 Fälle). Im Jahr 2006 hatte dieser Anteil noch bei 28% gelegen. In dieser Altersgruppe nahm die Anzahl der Fälle mit Serogruppe B von 2006 (109 Fälle) bis 2017 (31 Fälle) um 72% ab, während Fälle mit Serogruppe C im selben Zeitraum um 95% (von 43 auf 2) zurückgingen. Zusammen mit an anderer Stelle veröf-

Abb. 6.38.2:

Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=283) im Vergleich mit den Vorjahren

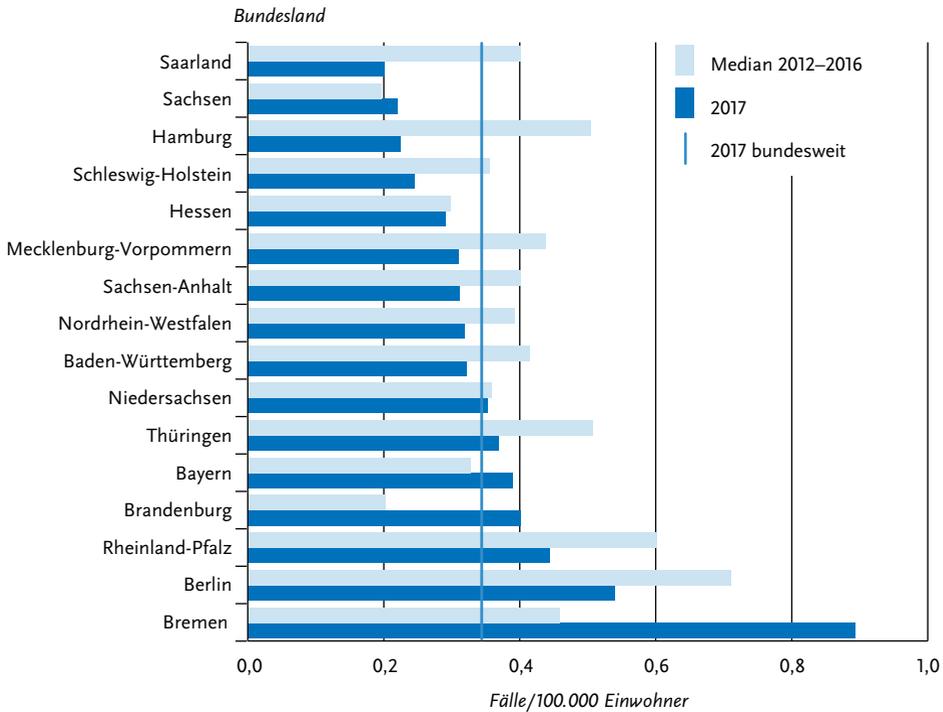
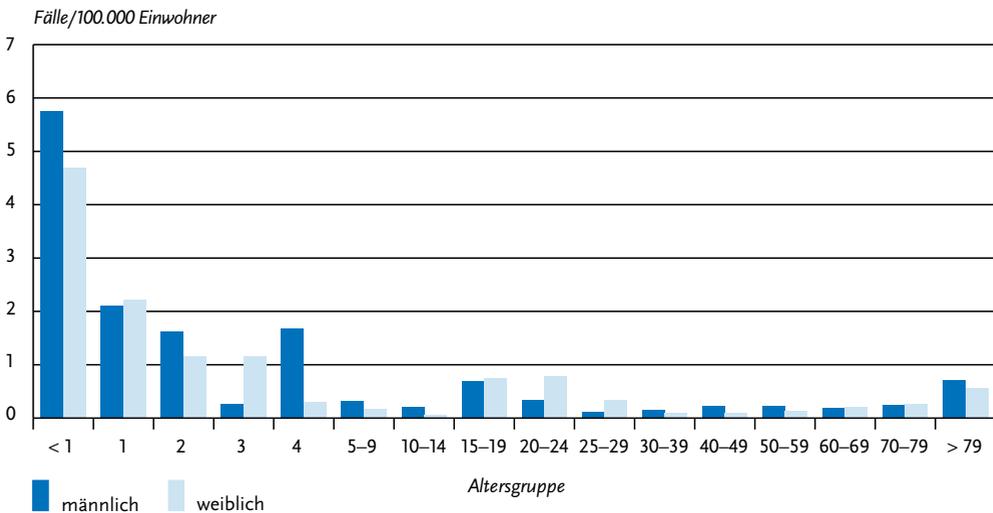


Abb. 6.38.3:

Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=282)



**Tab. 6.38.2:**  
**Serogruppen-Verteilung der Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen, Deutschland, 2017**  
 (n=228 mit Angabe der Serogruppe)

Serogruppe	Anzahl	Prozent
Serogruppe B	135	59,2%
Serogruppe C	39	17,1%
Serogruppe Y	33	14,5%
Serogruppe W	20	8,8%
Serogruppe A	1	0,4%
<b>Summe</b>	<b>228</b>	<b>100%</b>

fentlichten Analysen, die ebenfalls einen stärkeren Rückgang der Meningokokken-C- als der Meningokokken-B-Infektionen bei Kindern seit 2006 zeigen, sprechen diese Daten für eine hohe Wirksamkeit der Impfung.

#### **Klinische Aspekte**

Angaben zur Ausprägung der vornehmlichen Krankheitsmanifestationen Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und Sepsis wurden zu 274 der 283 Fälle (97%) gemacht. Von diesen lag bei 147 Fällen (54% eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 159 (58%) ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 87 (32%) Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das WFS bei 33 (12%) Fällen und Purpura fulminans bei 17 (6%) Fällen angegeben.

Insgesamt 27 Fälle mit invasiver Meningokokken-Infektion wurden als verstorben übermittelt, davon sind 23 an der gemeldeten Krankheit verstorben, 3 aufgrund anderer Ursache und einer mit unbekannter Ursache. Die Letalität lag somit bei 8% (Vorjahr: 6%). Die Letalität bei Fällen mit Serogruppe B lag 2017 bei 7% (2016: 4%), und bei Fällen mit Serogruppe C bei 10% (2016: 12%). Von den Erkrankten mit der Serogruppe W bzw. Y starben jeweils 2 (Letalität 10% bzw. 6%).

#### **Impfstatus**

Die Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C wird von der STIKO seit 2006 für alle Kinder im zweiten Lebensjahr empfohlen. Dazu

stehen 3 monovalente Konjugat-Impfstoffe zur Verfügung, die ab dem Alter von 2 Monaten zugelassen sind. Ab dem Alter von einem Jahr ist lediglich eine Impfdosis erforderlich. Wird bereits im Säuglingsalter geimpft, sind im ersten Lebensjahr 2 Impfdosen im Abstand von 2 Monaten erforderlich, mit einer Auffrischimpfung im 2. Lebensjahr. Konjugat-Impfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sind zur Impfung ab dem Alter von einem bzw. 2 Jahren zugelassen. In der Vergangenheit wurden zur Impfung gegen die Serogruppen A und C bzw. A, C, W und Y auch Polysaccharid-Impfstoffe verwendet, die jedoch im Alter unter 2 Jahren nur begrenzt wirksam sind. Die Grundimmunisierung besteht aus einer Impfdosis; Auffrischimpfungen werden für Konjugat-Impfstoffe bislang nicht, für Polysaccharid-Impfstoffe nach 3 bis 5 Jahren empfohlen. Die Impfung gegen die Serogruppe B ist bislang von der STIKO nur für Risikopersonen empfohlen worden; sie kann jedoch als zugelassener Impfstoff in Anspruch genommen werden und wird von der Sächsischen Impfkommision in Sachsen für Kinder bis 17 Jahre empfohlen. Laut Fachinformation von Bexsero® werden für einen wirksamen Schutz bei Säuglingen unter 6 Monaten 3 Impfdosen benötigt mit einer Auffrischimpfung ab 12 Monaten. Bei Kindern zwischen 6 und 24 Monaten sind 3 Dosen notwendig; bei allen anderen Altersgruppen lediglich 2 Dosen. Bei dem Impfstoff Trumenba® (zugelassen ab 10 Jahren) besteht eine Grundimmunisierung wahlweise aus 2 oder 3 Dosen (Details s. Fachinformationen). Auffrischimpfungen werden bislang nicht empfohlen.

Von 228 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 46 Fällen (20%) die Angabe zum Impfstatus (darunter 25 von 135 Fälle der Serogruppe B, 7 von 39 Fälle der Serogruppe C, 5 von 20 Fälle der Serogruppe W und 9 von 33 Fälle der Serogruppe Y). Auch bei 10 von 55 Fällen ohne Angabe der Serogruppe war der Impfstatus unklar. Von den 110 übermittelten Fällen der Serogruppe B mit Informationen zum Impfstatus wurde bei 12 eine Impfung angegeben; in 8 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen Serogruppe C, in 2 Fällen um eine Impfung gegen die Serogruppen A, C, W, Y und in 2 Fällen konnte die Art der Imp-

fung nicht ermittelt werden. Von den 32 Fällen der Serogruppe C mit Angabe zum Impfstatus hatte ein Fall eine Meningokokken-C-Impfung erhalten. Von den 15 Fällen der Serogruppe W mit Angabe zum Impfstatus, war keiner geimpft. Von den 24 Fällen der Serogruppe Y mit Angabe zum Impfstatus waren 4 Fälle geimpft, davon 3 gegen Serogruppe C und ein Fall gegen die Serogruppen A, C, W, Y.

Die Angabe der Serogruppe fehlte bei 4 Fällen, die gegen Serogruppe C geimpft worden waren. Soweit die Daten vorliegen, gab es im Jahr 2017 daher bei den Meningokokken-Erkrankungen zwei mögliche Impfdurchbrüche (1 Fall der Serogruppe C und 1 Fall der Serogruppe Y).

### Ausbrüche

Im Jahr 2017 wurde eine Häufung mit 2 Fällen übermittelt.

Dabei handelte es sich um 2 Kleinkinder einer Familie (Cousins), die nach einem gemeinsam verbrachten Wochenende einen bzw. 2 Tage später erkrankten. Die Serogruppenbestimmung mit dem Nachweis der Serogruppe B gelang nur bei einem Fall.

### Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Infektionen mit Angaben zur Serogruppe lag jedoch bei nur 81% – eine Verschlechterung gegenüber 83% im Vorjahr. Ferner fehlten Angaben zum Impfstatus bei 20% der Fälle mit Angabe einer impfpräventablen Serogruppe. Eine möglichst vollständige Erfassung der Serogruppe und des Impfstatus ist zur Überwachung der Effekte durch die seit 2006 empfohlene Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C und zur Erkennung von Impfdurchbrüchen unerlässlich, auch nach Impfung mit den neueren Impfstoffen gegen Meningokokken der Serogruppe B. Es ist bekannt, dass die Impfantikörper nach einer Impfung mit den Konjugatimpfstoffen gegen die Serogruppen ACWY mit der Zeit abnehmen, insbesondere wenn vor dem Alter von 10 Jahren geimpft wurde; sodass gelegentliche Impfdurchbrüche auftreten können. Ein diesbezüglicher Anstieg wäre ein wichtiger Hinweis für die Notwendigkeit einer Auffrischimpfung; er kann jedoch nur bei Vorliegen des Impfstatus sowie der

Serogruppe erkannt werden. Gesundheitsämter sollten meldende Labore auf die Möglichkeit hinweisen, sowohl Isolate als auch Nativmaterial am Nationalen Referenzzentrum für Meningokokken diesbezüglich unentgeltlich untersuchen zu lassen.

### Fazit

Die Gesamtinzidenz invasiver Meningokokken-Infektionen nahm im Jahr 2017 im Vergleich zum Vorjahr um 16% ab. Eine Abnahme war mit Ausnahme der Serogruppe Y (in etwa gleichbleibend) für alle Serogruppen zu verzeichnen. Damit setzte sich der im Jahr 2016 beobachtete Anstieg, der vor allem durch das vermehrte Auftreten von invasiven Meningokokken-Infektionen durch die Serogruppen C, W und Y zustande gekommen war, nicht weiter fort. Seit Einführung der Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C für einjährige Kinder im Jahr 2006 zeigen die Daten in der primären Impfzielgruppe der 1- bis 11-jährigen Kinder einen starken Rückgang der Infektionen durch die Serogruppe C, der zudem deutlich ausgeprägter ist als der Rückgang der Erkrankungen durch Serogruppe B.

Die Überwachung der Serogruppenverteilung und des Impfstatus der Fälle sowie der Impfquoten in der Bevölkerung ist für die Evaluation der Auswirkung der empfohlenen Impfungen sowie zur Entscheidung über gegebenenfalls notwendig werdende Impfungen gegen weitere Serogruppen und Auffrischungsimpfungen unerlässlich.

### Literaturhinweise

- Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten des Nationalen Referenzzentrums für Meningokokken für das Jahr 2017*. [www.meningococcus.uni-wuerzburg.de/startseite/berichte/daten\\_2017](http://www.meningococcus.uni-wuerzburg.de/startseite/berichte/daten_2017)
- Knol MJ, Hahné SJM, Lucidarme J, et al.: *Temporal associations between national outbreaks of meningococcal serogroup W and C disease in the Netherlands and England: an observational cohort study*. The Lancet Public Health 2017. [https://doi.org/10.1016/S2468-2667\(17\)30157-3](https://doi.org/10.1016/S2468-2667(17)30157-3)
- Hellenbrand W, Elias J, Wichmann O, Frosch M, Vogel U.: *Epidemiology and surveillance of meningococcal disease and impact of vaccination with meningococcal C conjugate vaccine in Germany*. J Infect 2012; 66:48-56.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. Epid Bull 2018; 16: 151-156.

- RKI: *Stand der Bewertung des neuen Meningokokken-B-Impfstoffs Bexsero (Stand November 2017)*. Epid Bull 2018; 3:35–44.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Aktualisierung der Meningokokken-Impfempfehlung: Anwendung des Meningokokken-B-Impfstoffs bei Personen mit erhöhtem Risiko für Meningokokken-Erkrankungen*. Epid Bull 2015; 37:393–410.
- RKI: *Invasive Meningokokken-Erkrankungen, 2012–2015*. Epid Bull 2016; 43:471–484.
- RKI-Ratgeber (2016). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## Literaturhinweise

- Keim P, Grunow R, Vipond R, et al.: *Whole Genome Analysis of Injectional Anthrax Identifies Two Disease Clusters Spanning More Than 13 Years*. EBioMedicine 2015; 2:1613–1618.
- Berger T, Kassirer M, Aran AA: *Injectional anthrax – new presentation of an old disease*. Euro Surveill 2014. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.32.20877
- Grunow R, Verbeek L, Jacob D, et al.: *Injektionsmilzbrand – neu aufgetretene Fälle bei Heroinabhängigen*. Dtsch Arztebl Int 2012; 49:843–848.
- RKI-Ratgeber (2013). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.39 Milzbrand

### Kurzbeschreibung

Milzbrand (auch als Anthrax bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Bacillus anthracis* verursacht. Am Anfang der Ansteckungskette stehen normalerweise pflanzenfressende Säugetiere (Nutz- oder Wildtiere). Abhängig vom Ansteckungsweg können beim Menschen die Haut (Hautmilzbrand), die Lunge (Lungenmilzbrand) oder der Darm (Darmmilzbrand) betroffen sein. Zusätzlich wurde das Krankheitsbild des Injektionsmilzbrandes beschrieben, bei dem es nach Injektion kontaminierter Substanzen zu einer schweren Weichteilinfektion im Bereich der Injektionsstelle kommen kann. Unbehandelt verläuft Milzbrand häufig tödlich. Der Milzbrand-Erreger ist wegen seiner Eignung für bioterroristische Anschläge seit 2001 in das öffentliche Interesse gerückt.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei i.v.-Heroingebrauchern übermittelt, ein Patient verstarb. Diese 4 Erkrankungen, ebenso wie 2 Erkrankungen in den Jahren 2009/2010 in Deutschland, standen im Zusammenhang mit einem europaweiten Ausbruchsgeschehen unter Heroingebrauchern. Vor 2009 war der letzte Fall von Milzbrand in Deutschland im Jahr 1994 bekannt geworden.

## 6.40 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 2.785
- ▶ Seit 5 Jahren deutliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei männlichen Erwachsenen über 79 Jahren

### Kurzbeschreibung

*Staphylococcus aureus* ist ein bakterieller Erreger, der natürlicherweise auf Haut und Schleimhäuten von Mensch und Tier vorkommen kann. Er verursacht ein weites Spektrum von Erkrankungen, das von Haut- und Weichteilinfektionen (z. B. Furunkel, Wundinfektionen), Abszessbildungen in nahezu allen Körperregionen, Lungenentzündung bis hin zu schweren systemischen Infektionen wie z. B. Sepsis (Blutvergiftung) reicht. Methicillin-resistente *Staphylococcus-aureus*-Stämme haben eine Resistenz gegen Beta-Laktam-Antibiotika ausgebildet, die ansonsten eine hohe Wirksamkeit bei Staphylokokken-Infektionen besitzen. Dadurch werden die Therapiemöglichkeiten auf wenige, meist nebenwirkungsreichere Antibiotika eingeschränkt. MRSA hat eine besondere Bedeutung als Erreger von Krankenhausinfektionen, spielt aber auch im ambulanten Bereich eine Rolle. Zudem kommt es regelmäßig zu Übertragungen von kolonisierten Tieren (z. B. Schweinen) auf den Menschen.

Tab. 6.40.1:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Faldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.810	89 %	2.459	88 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	146	5 %	153	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	204	6 %	173	6 %
alle	3.160	100 %	2.785	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	3.160	100 %	2.785	100 %

Meldepflichtig gemäß IfSG ist der direkte Nachweis von MRSA in Blutkulturen oder Liquor. Übermittelt werden alle labordiagnostisch bestätigten Infektionen unabhängig vom klinischen Bild, diese erfüllen gleichzeitig die Referenzdefinition. Der Nachweis von Krankheitserregern in der Blutkultur wird als Bakteriämie bezeichnet und ist nicht in jedem Fall mit einer Sepsis verbunden.

#### Faldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.40.1).

#### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 2.785 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 12 % weniger als im Vorjahr (3.160). Die Inzidenz in Deutschland betrug 3,4 Fälle pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz im Jahr 2017 ist im Vergleich zum Vorjahr (3,8) gesunken. Sinkende Fallzahlen sind seit 2012 zu beobachten.

#### Geografische Verteilung:

Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 0,9 (Baden-Württemberg) und 7,6 (Bremen) Infektionen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.40.1). Während die Inzidenzen in allen Bundesländern rückläufig waren, stieg diese in Bremen im Vergleich zum Vorjahr (3,3) um mehr als das Doppelte an. Die Gründe für die regionalen Unterschiede sowie den Anstieg in Bremen können durch die im Meldesystem erhobenen Daten nicht geklärt werden.

#### Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter invasiver MRSA-Infektionen steigt mit zunehmendem Alter an. Die altersspezifische Inzidenz erreichte mit 18 Infektionen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 11. Insgesamt 81 % der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (1,6) auf (s. Abb. 6.40.2). Mit einer Inzidenz von 4,5 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (2,3).

#### Klinische Aspekte

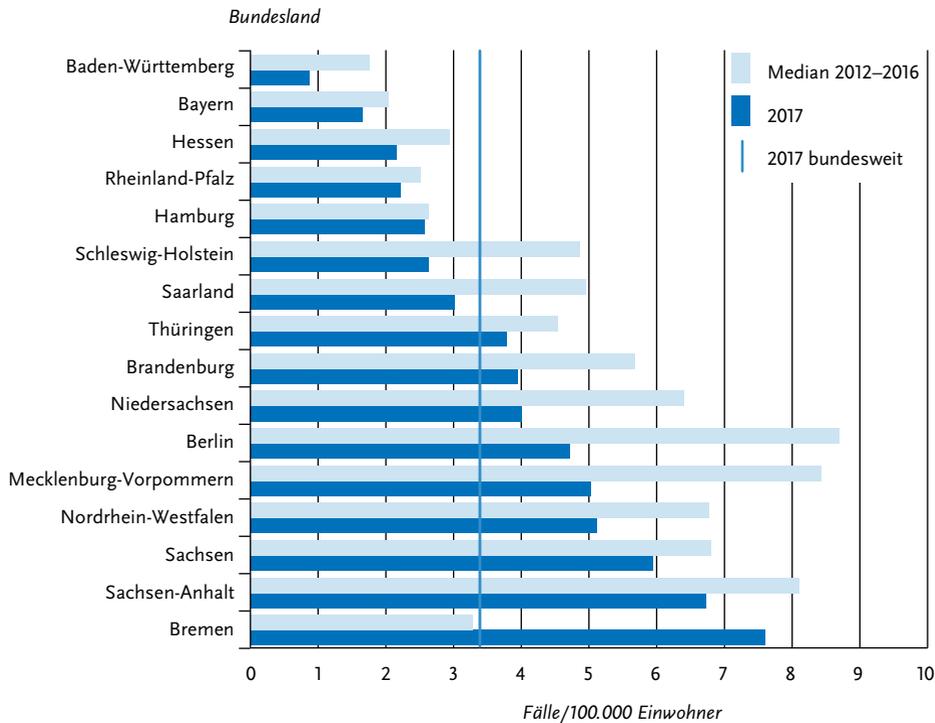
Für 2.728 (98 %) der 2.785 übermittelten invasiven MRSA-Infektionen lagen Angaben zum Nachweismaterial (Blut oder Liquor) vor. Die MRSA-Nachweise stammten zu 97 % aus Blutkulturen. Bei 35 (1,3 %) Fällen wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 10 von diesen 35 Fällen zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 2.517 der übermittelten Infektionen lagen klinische Angaben vor. Für 2.114 (84 %) der Infektionen wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 1.919 (76 %) Infektionen wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 29 % der übermittelten MRSA-Infektionen mit klinischen Angaben ein Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art übermittelt, gefolgt von MRSA-Infektionen der Haut und Weichteile (21 %) und des Respirationstrakts (21 %).

Es wurden 176 Todesfälle (6,4 % von 2.761 Patienten mit entsprechenden Angaben) berichtet,

Abb. 6.40.1:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=2.785) im Vergleich mit den Vorjahren



die als direkte Folge der invasiven MRSA-Infektion eingeordnet wurden. Da die Patienten häufig an anderen Grunderkrankungen leiden, ist für den behandelnden Arzt nicht immer eindeutig abzugrenzen, ob der Patient an oder mit der MRSA-Infektion verstorben ist. Die Nachverfolgungszeit im Hinblick auf den klinischen Verlauf bzw. einer möglichen Todesfolge ist nicht bekannt, geht aber in der Regel nicht über den Krankenhausaufenthalt hinaus.

### Datenqualität

Die Daten aus der MRSA-Meldepflicht erlauben eine bevölkerungsbezogene Abschätzung der schweren, invasiv verlaufenden MRSA-Infektionen. Mit MRSA-Bakteriämien als Indikator für die Gesamtbelastung aller MRSA-Infektionen im Krankenhaus können Entwicklungen und Trends in Häufigkeit und Verteilung aufgezeigt werden. Zu beachten ist aber, dass die Situation von we-

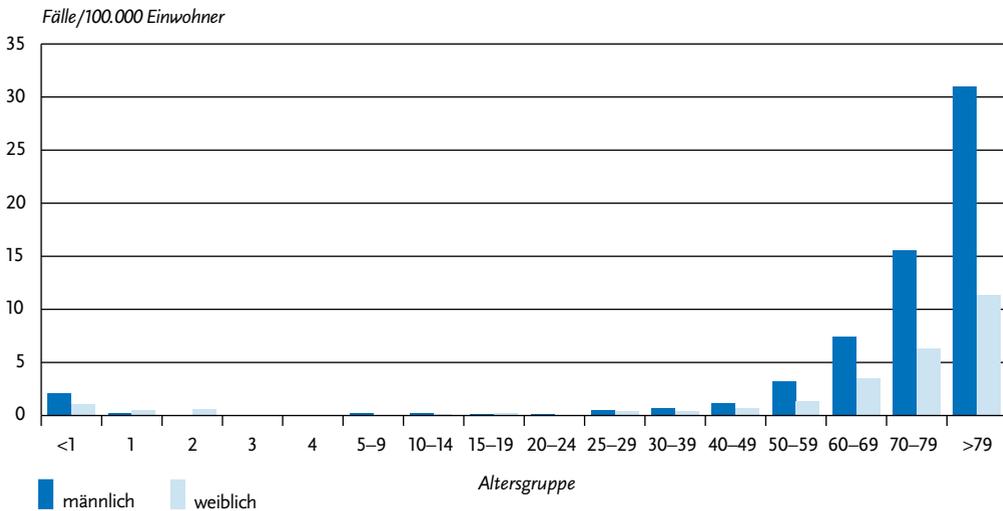
niger schwer verlaufenden Infektionen, die vor allem im ambulanten Bereich auftreten, nicht adäquat widerspiegelt wird.

Da der MRSA-Nachweis aus Blut und Liquor kein ausreichend sensitives Instrument für die Erkennung von MRSA-Ausbrüchen ist, wurde auf eine gesonderte Darstellung von MRSA-Ausbrüchen verzichtet.

Eine Untererfassung von MRSA-Infektionen ist möglich, wenn z. B. keine adäquate Blutkultur-Diagnostik erfolgt oder bedingt durch eine empirisch durchgeführte antibiotische Therapie die kulturelle Isolierung des Erregers nicht gelingt. Hierbei ist zu beachten, dass die Anzahl der durchgeführten Blutkulturen pro Patiententage in Deutschland in den letzten Jahren angestiegen ist. Aber auch eine Überschätzung von MRSA-Infektionen muss in Betracht gezogen werden, da bei der Entnahme von Blutkulturen Kontaminationen vorkommen können.

Abb. 6.40.2:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=2.780)



### Fazit

Die Inzidenz der übermittelten MRSA-Infektionen sinkt seit 2012. Aufgrund zunehmender MRSA-Infektionen wurden ab 2008 im Rahmen einer nationalen Strategie im großen Umfang Maßnahmen zur Prävention und Kontrolle von MRSA in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen durchgeführt. Ob diese ursächlich für den Rückgang der übermittelten MRSA-Infektionen verantwortlich sind, lässt sich durch die Meldedaten allein jedoch nicht klären. Die epidemiologische Situation nichtinvasiver MRSA-Infektionen oder von MRSA im ambulanten Bereich wird nicht wiedergespiegelt. Ebenso können Gründe für die regionalen Unterschiede und zwischen den Geschlechtern durch die im Meldesystem erhobenen Daten nicht geklärt werden.

### Literaturhinweise

- Walter J, Noll I, Feig M, et al.: Decline in the proportion of methicillin resistance among *Staphylococcus aureus* isolates from non-invasive samples and in outpatient settings, and changes in the co-resistance profiles: an analysis of data collected within the Antimicrobial Resistance Surveillance Network, Germany 2010 to 2015. *BMC Infect Dis* 2017; doi: 10.1186/s12879-017-2271-6
- Becker K, Schaumburg F, Fegeler C, Friedrich AW, Kock R: *Staphylococcus aureus* from the German general population is highly diverse. *Int J Med Microbiol* 2017; 307:21-27.
- Cuny C, Layer F, Werner G, et al.: State-wide surveillance of antibiotic resistance patterns and spa types of Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from blood cultures in North-Rhine-Westphalia, 2011–2013. *Clin Microbiol Infect* 2015; 21:750–757.
- Empfehlungen zur Prävention und Kontrolle von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus*-Stämmen (MRSA) in medizinischen und pflegerischen Einrichtungen. *Bundesgesundheitsbl* 2014; 57:696–732.
- Walter J, Haller S, Blank H, Eckmanns T, Abu Sin M, Hermes J: Incidence of invasive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* infections in Germany, 2010 to 2014. *Euro Surveill* 2015. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2015.20.46.30067
- Layer F, Strommenger B, Cuny C, et al.: Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2015/2016. *Epid Bull* 2018; 5:57–62.
- RKI: Regionale Verteilung des Anteils von MRSA und VRE bei nosokomialen Infektionen mit *S. aureus* und Enterokokken. *Epid Bull* 2016; 22:191–193.
- RKI-Ratgeber (2016). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.41 Mumps



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 652
- ▶ Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 jährlich zwischen 650 bis 840 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 5 Jahren, (STIKO-Impfempfehlung für diese Altersgruppe)
- ▶ 73 % der Mumps-Erkrankten sind 15 Jahre und älter
- ▶ Nahezu jeder 10. männliche Mumps-Fall mit Orchitis
- ▶ Hoher Anteil an möglichen Impfdurchbrüchen (19 % der an Mumps Erkrankten)
- ▶ Hoher Anteil an Fällen (25 %), die die Referenzdefinition aufgrund fehlender oder unzureichender Angaben zum klinischen Bild nicht erfüllen

### Kurzbeschreibung

Mumps (Parotitis epidemica), umgangssprachlich auch Ziegenpeter genannt, ist eine akute, hochansteckende Viruserkrankung, die aerogen oder direkt über Speichelkontakt übertragen wird und nur beim Menschen vorkommt. Sie ist typischerweise durch Fieber und eine schmerzhafte einseitige (20 bis 30 %) oder doppelseitige (70 bis 80 %) entzündliche Schwellung der Ohrspeicheldrüse (Parotitis) gekennzeichnet, aber es können auch andere Speicheldrüsen und die Bauchspeicheldrüse (Pankre-

atitis) betroffen sein. Im Rahmen der Mumps-Erkrankung kann eine Reihe von Komplikationen auftreten, die mit steigendem Alter häufiger werden. Die Erkrankung kann mit einer Meningitis, einer Enzephalitis und einem Hörverlust einhergehen. Bei Erwachsenen kann eine Hodenentzündung (Orchitis), eine Eierstockentzündung (Oophoritis) oder Brustdrüsenentzündung (Mastitis) auftreten. Nach Mumps-Infektion besteht in der Regel eine lebenslange Immunität. 1976 wurde erstmalig eine Empfehlung zur Mumps-Impfung von der Ständigen Impfkommission (STIKO) ausgesprochen. Seit 2001 gilt die aktuell bestehende STIKO-Impfempfehlung, die erste Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten zu verabreichen, gefolgt von der zweiten Dosis im Alter von 15 bis 23 Monaten. Seit dem 29.03.2013 besteht gemäß IfSG für Ärzte und Labore eine bundesweite Meldepflicht für Mumps und den Nachweis von Mumpsvirus. Da die bundesweite Meldepflicht für Mumps erst im Frühjahr 2013 in Kraft getreten ist und Meldedaten nicht für das gesamte Jahr 2013 vorliegen, werden nur Daten seit 2014 für den Vergleich mit den Vorjahren herangezogen.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.41.1).

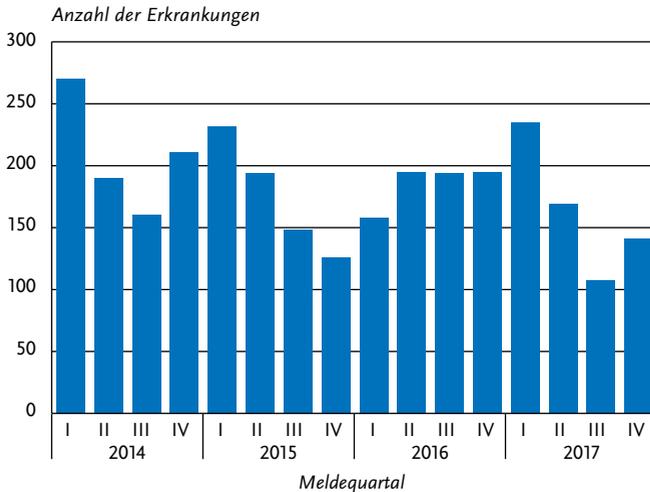
### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2017 wurden 652 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (741 Erkrankungen) ist die Zahl der Erkrankungen

Tab. 6.41.1:  
Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	262	29 %	218	25 %
klinisch-epidemiologisch (B)	14	2 %	18	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	465	51 %	416	48 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	77	8 %	102	12 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	90	10 %	114	13 %
alle	908	100 %	868	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	741	82 %	652	75 %

**Abb. 6.41.1:**  
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2017



nach dem letztjährigen Anstieg um 12 % zurückgegangen. Die Zahl der übermittelten Mumps-Erkrankungen erreichte damit den niedrigsten jährlichen Stand seit Einführung der bundesweiten Meldepflicht im Jahr 2013. Das bisherige jährliche Maximum wurde im Jahr 2014 mit 835 Fällen gemessen. Mumps-Erkrankungen traten das gesamte Jahr auf, monatlich wurden zwischen 30 bis 82 Erkrankungen übermittelt. Im Jahr 2017 zeigten die Mumps-Erkrankungen einen saisonalen Verlauf mit einem Gipfel in den Wintermonaten. Die Fallzahl ging nahezu kontinuierlich von > 70 Fällen zu Beginn des Jahres auf 30 Fälle im August zurück und stieg danach wieder leicht an (s. Abb. 6.41.1).

### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,8 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die östlichen Bundesländer Sachsen, Thüringen, Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg und Sachsen-Anhalt sowie Bremen, Baden-Württemberg, das Saarland, Niedersachsen und Schleswig-Holstein blieben mit ihren bundeslandspezifischen Inzidenzen unterhalb der bundesweiten Inzidenz. Die Inzidenzen von Hamburg, Bayern, Nordrhein-Westfalen, Berlin, Rheinland-Pfalz und Hessen lagen in ansteigender Reihenfolge mit Werten darüber

(s. Abb. 6.41.2). Beim Vergleich der aktuellen Werte mit den Werten des Medians der Vorjahre fällt dazu der deutliche Rückgang der Inzidenz in Hamburg auf. Die Inzidenz der Mumps-Erkrankungen war 2017 in dem Stadtstaat mit 0,8 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zum Median der Vorjahre (2,7) deutlich niedriger. Für diesen Unterschied sind die hohen Erkrankungszahlen in den Jahren 2014 und 2015 verantwortlich, die auf einen länger anhaltenden Mumps-Ausbruch bei den 5- bis 9-jährigen Kindern zurückzuführen sind. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 376 Erkrankungen vor (insgesamt 376 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben mit 342 von 376 (91 %) Nennungen überwiegend in Deutschland erworben.

### Demografische Verteilung

Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den 0- bis 4-Jährigen (2,0 Erkr./100.000 Einw.) und bei den 5- bis 9-Jährigen (1,7) verzeichnet. Die Inzidenz geht in den höheren Altersgruppen nahezu kontinuierlich zurück und betrug bei den Erwachsenen über 40 Jahren fortlaufend < 1 Erkr./100.000 Einw. Knapp drei Viertel (73 %) der Personen, für die eine Mumps-Erkrankung übermittelt wurde, waren 15 Jahre und älter. Mumps-Er-

Abb. 6.41.2:  
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=652)

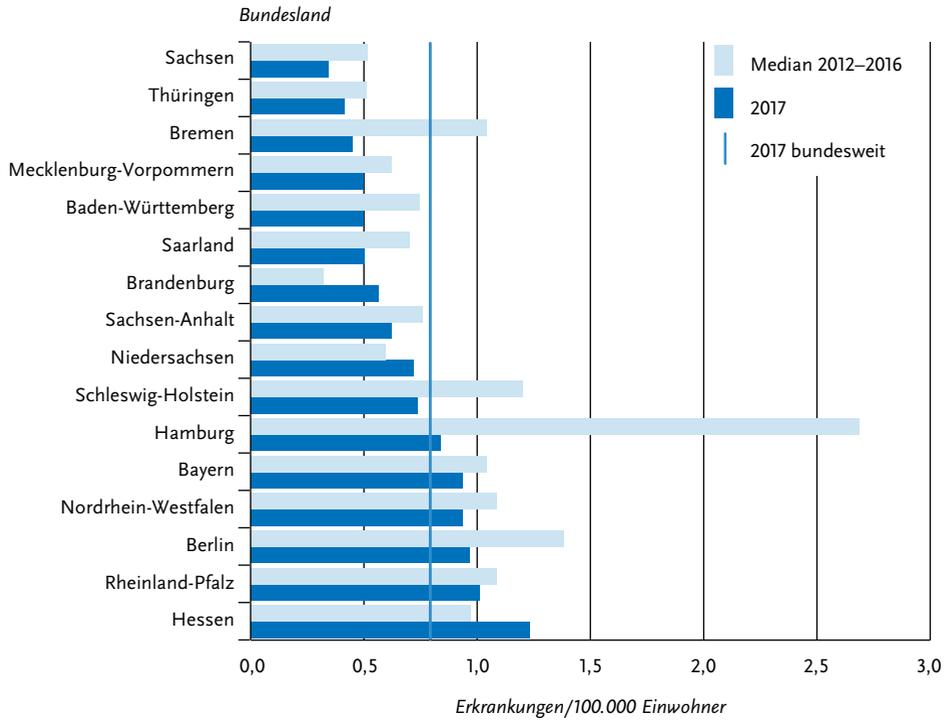
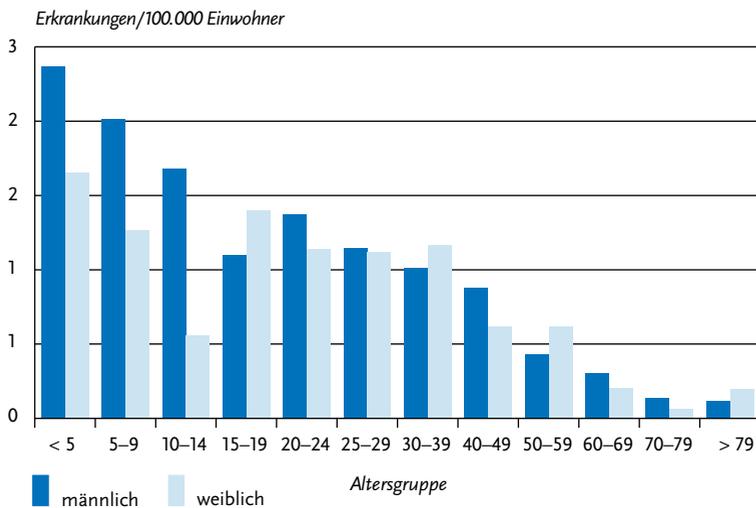


Abb. 6.41.3:  
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=649)



krankungen im Alter über 69 Jahre traten nur selten auf (s. Abb. 6.41.3). Geschlechtsspezifische Unterschiede in der Mumps-Inzidenz bestanden nur bei Kindern unter 15 Jahren, hier lag die Inzidenz für Jungen bei 2,0 und für Mädchen bei 1,2. Ansonsten ist die Mumps-Inzidenz in Deutschland bei Mädchen und Frauen etwa genauso hoch wie bei Jungen und Männern (0,7 und 0,9).

### Klinische Aspekte

Für 652 an Mumps erkrankte Personen lagen Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Eine typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, wiesen 611 (94 %) Fälle auf. Folgende Symptome, die zum unspezifischen klinischen Bild der Mumps-Erkrankung gehören und nur in Zusammenhang mit dem labordiagnostischen Nachweis

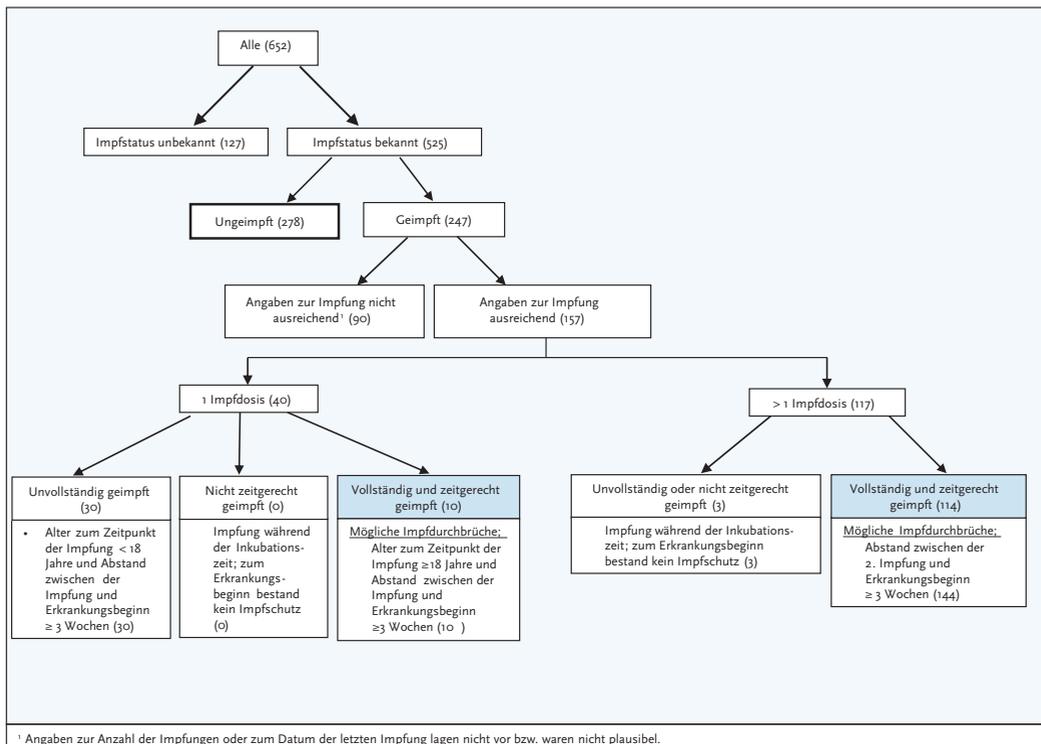
die Referenzdefinition erfüllen, wurden mit abnehmender Häufigkeit angegeben: Fieber 253-mal (39 %), Orchitis 31-mal (9 % der Jungen und Männer), Hörverlust 12-mal (2 %), Pankreatitis 10-mal (2 %), Enzephalitis 3-mal (0,5 %), Meningitis 1-mal (< 0,5 %), Oophoritis 1-mal (< 0,5 % der Frauen).

Im Jahr 2017 wurde kein Mumps-assoziiertes Todesfall übermittelt.

### Impfstatus

Die Impfung gegen Mumps sollte mit einem Kombinationsimpfstoff (Masern-Mumps-Röteln-Impfstoff) erfolgen. Seit 2001 gilt die aktuelle STIKO-Empfehlung, wonach die erste Impfstoffdosis im Alter von 11 bis 14 Monaten und die zweite Dosis im Alter von 15 bis 23 Monaten verabreicht werden soll. Zwischen den Impfstoffdosen soll ein Mindestabstand von 4 Wochen eingehalten werden. Fehlende Impfstoffdosen sollen bis zum

Abb. 6.41.4: Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=652)



18. Geburtstag nachgeholt werden. Die Effektivität der Mumps-Impfung beträgt nach einer einmaligen Impfung 78 % (49–92) und nach einer 2-maligen Impfung 88 % (66–95).

Von den 652 gemeldeten an Mumps Erkrankten wurden 247 als geimpft und 278 als ungeimpft übermittelt; bei 127 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.41.4). Bei 157 der 247 geimpften Erkrankten lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor: 40 Erkrankte wurden einmal geimpft, 17 Erkrankte mehr als einmal. Bei 3 der mehr als einmal Geimpften und keinem der 40 einmalig Geimpften wurde die Impfung in einem zeitlichen Zusammenhang mit der Erkrankung (innerhalb von 21 Tagen) verabreicht, dies spricht für eine postexpositionelle Impfung, um weitere Übertragungen zu verhindern. 30 Patienten waren zum Zeitpunkt der mehr als 21 Tage (überwiegend schon viele Jahre) zurückliegenden einmaligen Impfung, jünger als 18 Jahre und gelten daher als unvollständig geimpft. Gemäß den Angaben zum Impfstatus waren 10 der einmalig Geimpften und 14 der 2-mal oder mehr geimpften Fälle vollständig und zeitgerecht geimpft worden, sodass in diesen Fällen von möglichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden muss. Der Großteil der 2-mal oder mehr Geimpften (106 von 114; 93%), war zum Zeitpunkt der letzten Impfung unter 18 Jahre alt. Im Mittel lag die letzte Impfung etwa 10,3 Jahre zurück (Median: 8,1 Jahre).

### Ausbrüche

Es wurden 16 Ausbrüche mit insgesamt 49 Fällen übermittelt, dies entspricht etwa 7,5 % der übermittelten Mumps-Erkrankungen. Die Mehrzahl der Ausbrüche (13 von 16) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Unter den Ausbrüchen mit  $\geq 5$  Fällen waren ein Ausbruch mit 9 Fällen und zwei Ausbrüche mit je 5 Fällen. Bei dem Ausbruch mit 9 Fällen handelte es sich um einen Ausbruch in einer Kindertagesstätte, von den insgesamt 9 Fällen waren 7 nicht geimpft.

### Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (25 %) von labordiagnostisch bestätigten Fällen verwunderlich, die wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; 12 %) oder

unbekanntem (Falldefinitions-kategorie E; 13 %) klinischen Bild die Referenzdefinition nicht erfüllen. Diese Beobachtung könnte ein Hinweis darauf sein, dass die ärztliche Meldepflicht noch nicht hinreichend bekannt ist und zusätzlich notwendige Recherchen zur Klärung des Sachverhalts eventuell nicht durchgeführt werden können. Zudem ist es möglich, dass auf Grund des unspezifischen Labornachweises (IgM) ohnehin keine Mumps-Infektion vorliegt.

Ferner fällt auf, dass der Anteil an Fällen, die Ausbrüchen zugeordnet werden können, mit 7,5 % relativ gering war und Mumps-Erkrankungen überwiegend als Einzelfälle übermittelt wurden. Zur besseren Darstellung der Mumps-Epidemiologie in Deutschland sollte zukünftig versucht werden, Infektionsketten umfassender aufzuklären und entsprechend zu melden und zu übermitteln. Damit es möglich ist, fortlaufend über einen Überblick über die molekularepidemiologische Verbreitung der prävalenten Mumpsviren zu verfügen, sollten möglichst immer Untersuchungsproben zur Genotypisierung an das NRZ für Masern, Mumps und Röteln geschickt werden.

### Fazit

Unter den impfpräventablen Erkrankungen ist Mumps mit 652 übermittelten Fällen eine Krankheit mit einer mittleren Fallzahl zwischen 500 und 1.000 Fällen. Es fällt auf, dass die Inzidenzen in den östlichen Bundesländern alle im unteren Bereich unterhalb des Bundesdurchschnitts liegen. Dies könnte Ausdruck der höheren Impfquoten in diesen Regionen sein. Bedenklich ist der hohe Anteil (19 %) an möglichen Impfdurchbrüchen bei den an Mumps Erkrankten. Dieser Sachverhalt muss weiter untersucht werden, um zu klären, welche Faktoren für den nicht ausreichenden Schutz nach vollständiger und zeitgerechter Impfung verantwortlich sind.

### Literaturhinweise

- Takla A, Böhmer MM, Klinc C, et al.: *Outbreak-related mumps vaccine effectiveness among a cohort of children and of young adults in Germany* 2011. Hum Vaccin Immunother 2014; 10:140–145.
- Koch J, Takla A: *Effekte der Masern-Mumps-Röteln (MMR)-Impfung auf die Epidemiologie von Mumps in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1305–1312.

Takla A, Wichmann O, Klinc C, Hautmann W, Rieck T, Koch J: *Mumps epidemiology in Germany 2007–11*. Euro Surveill 2013. doi: 10.2807/1560-7917.ES2013.18.33.20557  
 RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. Epid Bull 2018; 16: 151–156.  
 STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.  
 RKI-Ratgeber (2014). www.rki.de/ratgeber

## 6.42 Norovirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 73.273
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige Infektionskrankheit nach Influenza
- ▶ Ausgeprägte Saisonalität mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 419 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

### Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. Es werden 5 verschiedene Genogruppen (GI–GV) unterschieden, wobei für den Menschen die Gruppen GI, GII und GIV relevant sind. Sie sind weltweit verbreitet und für einen Großteil der nicht bakteriell bedingten ansteckenden Magen-Darm-Infektionen bei Kindern und Erwachsenen verantwortlich. Die charakteristische Symptomatik besteht vor allem aus schwallartigem Erbrechen. Erkrankungen treten überwiegend saisonal mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten

auf. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral (z. B. Kontakt mit kontaminierten Flächen) oder durch die orale Aufnahme virushaltiger Tröpfchen, die im Rahmen des Erbrechens entstehen. Infektionen können auch über kontaminierte Lebensmittel erfolgen. Häufig sind Noroviren Ursache von Ausbrüchen in Altenheimen, Krankenhäusern und Gemeinschaftseinrichtungen.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.42.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden dem RKI 73.273 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt (13% weniger als im Vorjahr), das entspricht einer bundesweiten Inzidenz von 89 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit sank die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr (103 Erkr./100.000 Einw.) und liegt auch unter dem Median der letzten 5 Jahre (109 Erkr./100.000 Einw.).

Auch im Jahr 2017 war eine deutliche Saisonalität mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten zu verzeichnen. Die höchste wöchentliche Fallzahl wurde im Jahr 2017 in der 2. Meldewoche mit 4.327 Erkrankungen übermittelt, die niedrigste in der 23. Meldewoche mit 371 Erkrankungen (s. Abb. 6.42.1).

### Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Bundesländern Sachsen-Anhalt (206 Erkr./100.000 Einw.), Mecklenburg-Vorpommern (205), Thüringen (184),

Tab. 6.42.1: Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	84.654	86 %	73.273	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.868	2 %	1.424	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	11.941	12 %	9.810	12 %
alle	98.463	100 %	84.507	100 %
<b>Referenzdefinition (C)</b>	<b>84.654</b>	<b>86 %</b>	<b>73.273</b>	<b>87 %</b>

Abb. 6.42.1:  
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2012 bis 2017

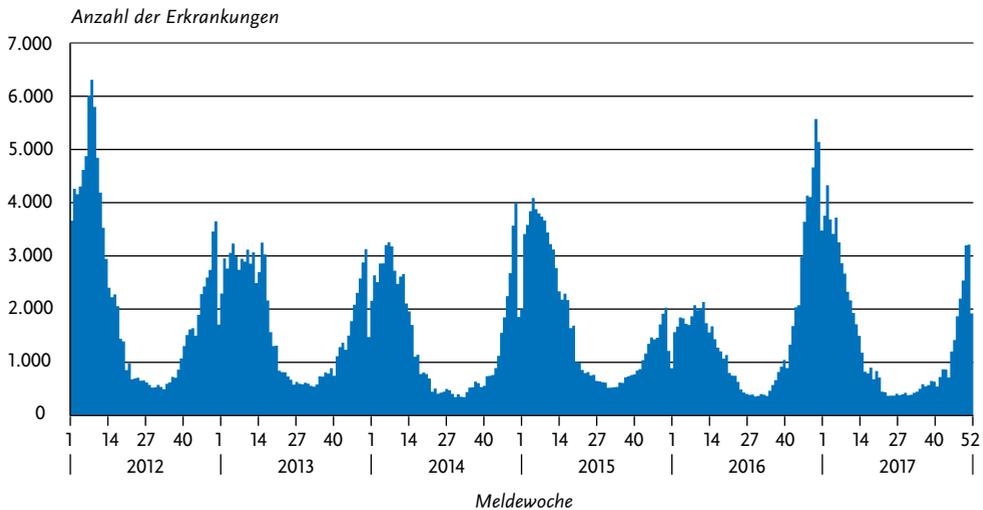


Abb. 6.42.2:  
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=73.263) im Vergleich mit den Vorjahren

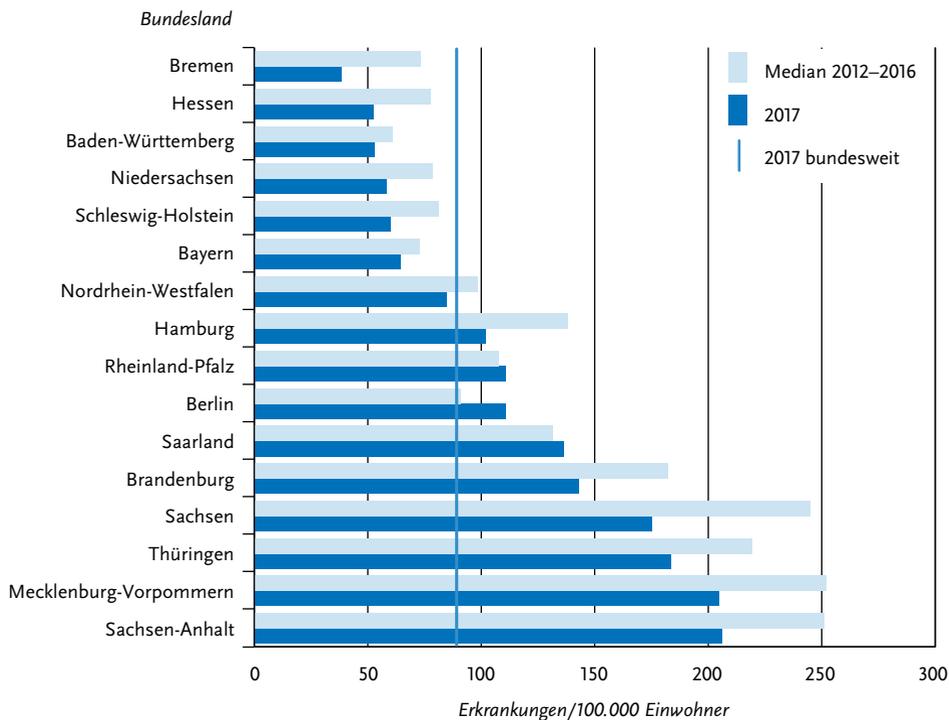
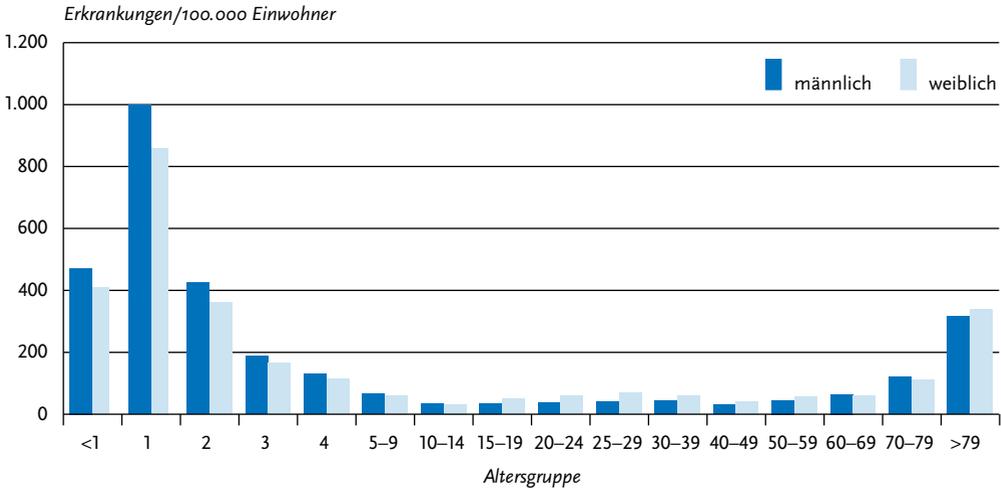


Abb. 6.42.3

Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=72.661)



Sachsen (175) und Brandenburg (143) registriert. Die niedrigsten Inzidenzen wurden in Bremen (38), Hessen und Baden-Württemberg (jeweils 53) ermittelt. In diesen Zahlen spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.42.2).

Bei 43.091 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (43.132 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 99% der Nennungen auf Deutschland.

### Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden, wie in den Vorjahren, in der Altersgruppe der unter 2-Jährigen mit einem Häufigkeitsgipfel bei den 1-jährigen Kindern (933 Erkr./100.000 Einw.) verzeichnet. Neben den Kindern ist auch die Altersgruppe der über 79-Jährigen stärker betroffen (332 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.42.3). Während Jungen höhere Inzidenzen aufwiesen als Mädchen, waren bei den über 14-jährigen Jugendlichen und Erwachsenen mit Ausnahme der 60- bis 79-Jährigen die Inzidenzen bei Mädchen und Frauen höher. Insgesamt war die Inzidenz bei Frauen (96), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (81).

### Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 36 Norovirus-Erkrankungen übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,05% (Vorjahr: 0,03%).

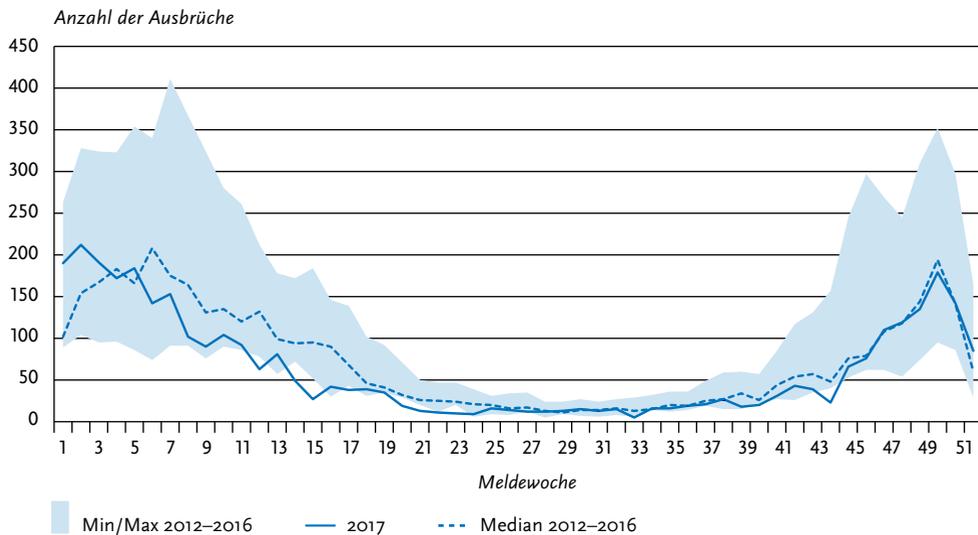
### Ausbrüche

Im Gegensatz zu anderen Krankheiten werden dem RKI bei der Norovirus-Gastroenteritis die klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen nicht übermittelt. Deshalb wird hier auf eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität).

Insgesamt wurden 14.874 (20%) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 3.368 niedriger als in den Vorjahren (2016: 3.877; 2015: 3.975). Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen wurde in der 2. Meldewoche 2017 übermittelt (212), die niedrigste in der 33. Meldewoche (5) (s. Abb. 6.42.4).

Für 2.829 Ausbrüche (84%; Vorjahr: 75%) lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Am häufigsten genannt wurden Krankenhäuser (39%; Vorjahr: 28%), Alten- und Pflegeheime (20%; Vorjahr: 21%), Kinderbetreuungseinrichtungen (15%; Vorjahr: 21%) sowie private Haushalte (10%; Vorjahr: 12%).

**Abb. 6.42.4**  
**Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2017 (n=3,368) im Vergleich mit den Vorjahren**



Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche des Jahres 2017 wurden in 10 % Viren der Genogruppe GII als auslösendes Agens identifiziert. Viren der Genogruppe GI wurden in 11 %, rekombinante Viren hingegen in 79 % aller charakterisierten Ausbrüche detektiert. Damit ist der Anteil an rekombinanten Noroviren, nach dem starken Anstieg von 2015 zu 2016 (von 35 % auf 70 %), im Jahr 2017 weiter gestiegen.

Die seit dem Herbst 2016 in Deutschland zirkulierenden Rekombinanten (GII.P16-GII.2 und GII.P16-GII.4 2012 Sydney) waren für 21 % bzw. 32 % aller Norovirus-assoziierten Ausbrüche verantwortlich und sind damit die am häufigsten nachgewiesenen Norovirus-Varianten.

### Datenqualität

Seit 2011 erfüllt nur noch die Kategorie der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Norovirus-Fälle die Referenzdefinition. Daher liegen dem RKI keine Informationen zu klinisch-epidemiologisch bestätigten Erkrankungen ohne Labornachweis vor, was zu einer deutlichen Unterschätzung der tatsächlichen Fallzahlen führt. Dies wirkt sich auch auf die Darstellung des zeitlichen Verlaufes, der

geografischen Verteilung und der Altersverteilung der Norovirus-Gastroenteritiden aus. Erfahrungsgemäß variiert der Anteil nicht laborbestätigter Fälle im Verlauf des Jahres und zwischen den Bundesländern und ist bei Ausbrüchen in Abhängigkeit vom Ausbruchssetting unterschiedlich hoch.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt im Rahmen von Ausbrüchen auftreten (z. B. in Alten- und Pflegeheimen, Krankenhäusern, Kindergärten), betrifft die Unterschätzung sowohl die Anzahl der Ausbrüche (nur noch Ausbrüche mit mindestens 2 klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen werden als Ausbrüche gezählt) als auch die Ausbruchsgröße, denn bei größeren Ausbrüchen ist meist nur ein Bruchteil der Erkrankungen klinisch-labordiagnostisch bestätigt.

### Fazit

Die Norovirus-Gastroenteritis war, auch nach Einschränkung auf die klinisch-laborbestätigten Fälle, bis 2016 die Krankheit mit den meisten jährlich an das RKI übermittelten Erkrankungsfällen. Im Jahr 2017 rangiert sie auf Platz 2 hinter der Influenza. Die Zahl der übermittelten Erkrankungen war 2017 niedriger als im Vorjahr.

## Literaturhinweise

- Bernard H, Höhne M, Niendorf S, Altmann D, Stark K: *Epidemiology of norovirus gastroenteritis in Germany 2001–2009: eight seasons of routine surveillance*. *Epidemiol Infect* 2014; 142:63–74.
- Bernard H, Faber M, Wilking H, et al.: *Large multistate outbreak of norovirus gastroenteritis associated with frozen strawberries, Germany, winter 2014*. *Euro Surveill* 2014. doi: 10.2807/1560-7917.ES2014.19.8.20719
- Niendorf S, Jacobsen S, Faber M, et al.: *Steep rise in norovirus cases and emergence of a new recombinant strain GII.P16-GII.2, Germany, winter 2016*. *Euro Surveill* 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30447
- Niendorf S, Jacobsen S, Faber M: *Vermehrter Anstieg der Norovirus-Infektionen in der Winter-Saison 2016/2017 – Nachweis einer neuen Norovirus-Variante*. *Epid Bull* 2017; 7:67–70.
- RKI: *Norovirus-Ausbruch im Landkreis Amberg-Sulzbach, Bayern, September 2016*. *Epid Bull* 2016; 47:531–534.
- RKI: *Norovirus-Infektionen ein Rückblick auf das Jahr 2015*. *Epid Bull* 2016; 23:197–201.
- RKI-Ratgeber (2008). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.43 Ornithose

### Kurzbeschreibung

Die Ornithose (auch als Papageienkrankheit oder Psittakose bezeichnet) wird durch Bakterien der Art *Chlamydia psittaci* (früher auch als *Chlamydo-phila psittaci* bezeichnet) verursacht. Der in Vogel-

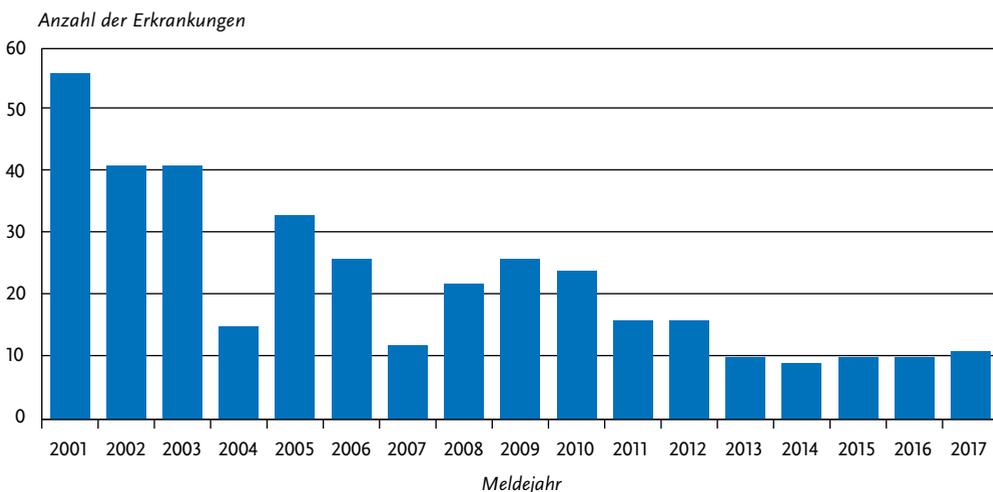
exkrementen und -sekreten lange überlebensfähige Erreger wird durch Einatmen aufgenommen. Eine direkte Übertragung von Mensch zu Mensch wurde beschrieben, kommt jedoch sehr selten vor. Das Krankheitsbild ist variabel und reicht von klinisch unauffälligen Erkrankungen bis zu einer schweren Systemerkrankung. Vorherrschend ist eine fieberhafte Lungenentzündung. Daneben können Kopf-, Muskel- und Gelenkschmerzen, eine Leber- und Milzvergrößerung sowie Entzündungen des Herzens, des Gehirns, der Leber und der Bindehäute auftreten. Eine Therapie ist mit Antibiotika möglich.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden 11 Ornithosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf ähnlich niedrigem Niveau wie in den Vorjahren (s. Abb. 6.43.1).

Aus Niedersachsen wurden 3 Erkrankungen übermittelt, aus Baden-Württemberg und Sachsen je 2 Erkrankungen und aus Hessen, Nordrhein-Westfalen, Sachsen-Anhalt und Thüringen jeweils eine Erkrankung. Für 7 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für eine Erkrankung wurde die Dominikanische Republik angegeben; für 3 Erkrankungen lagen keine Angaben vor.

Abb. 6.43.1:  
Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



Die erkrankten Personen waren zwischen 17 und 81 Jahre alt (Median: 39 Jahre). Sieben Erkrankte waren männlichen, 4 weiblichen Geschlechts. Fünf Erkrankte wurden hospitalisiert, keine Person ist krankheitsbedingt verstorben.

Ein Kontakt zu potenziell infizierten Vögeln oder ihren Ausscheidungen war bei 6 Erkrankungen angegeben. Davon hatte eine Person eine Vogelhaltung mit verschiedenen Arten, eine Person war Ziervogelhalter (Kanarienvogel), 2 Personen hatten Kontakt zu Tauben oder ihren Ausscheidungen und bei 2 Personen erfolgten keine detaillierten Angaben zur Art des Vogelkontakts.

### Literaturhinweise

- Chan J, Doyle B, Branley J, et al.: *An outbreak of psittacosis at a veterinary school demonstrating a novel source of infection. One Health* 2017. doi: 10.1016/j.onehlt.2017.02.003
- Hogerwerf L, de Gier B, Baan B, van der Hoek W: *Chlamydia psittaci (psittacosis) as a cause of community-acquired pneumonia: a systematic review and meta-analysis. Epidemiol Infect* 2017. doi: 10.1017/S0950268817002060
- Lugert R, Groß U, Masanta WO, Linsel G, Heutelbeck A, Zautner AE: *Seroprevalence of Chlamydophila psittaci among employees of two German duck farms. Eur J Microbiol Immunol* 2017. doi: 10.1556/1886.2017.00024
- RKI-Ratgeber (2010). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.44 Paratyphus

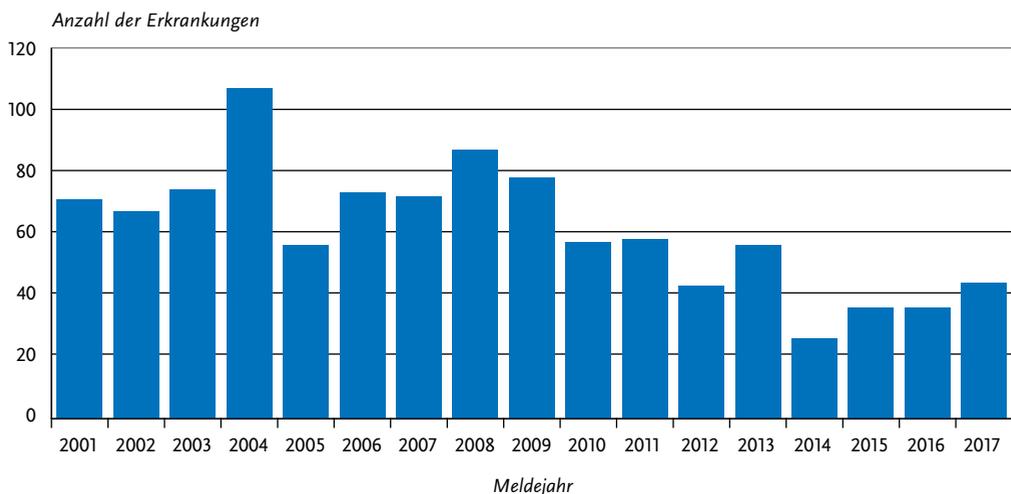
### Kurzbeschreibung

Paratyphus wird durch die Serotypen Paratyphi A, B und C des Bakteriums *Salmonella enterica* verursacht. Der Serotyp Paratyphi B ist weltweit verbreitet, während die Serotypen Paratyphi A und Paratyphi C hauptsächlich in wärmeren Ländern vorkommen. Erkrankungen durch Infektion mit dem enteritischen Pathovar von *S. Paratyphi B*, vormalig *S. Java*, die bis 2005 noch als Paratyphus-Infektionen zu werten waren, werden gemäß Falldefinition in der Kategorie der Salmonellosen übermittelt. Hauptansteckungsquelle ist der Mensch, der den Erreger mit dem Stuhl ausscheidet. Die Aufnahme erfolgt oral durch verunreinigte Nahrungsmittel, verunreinigtes Trinkwasser oder direkten Kontakt. Das Krankheitsbild gleicht dem des Typhus abdominalis, verläuft aber in der Regel milder.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden 44 Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.44.1); gegenüber dem Vorjahr (36 Erkrankungen) ist dies ein Anstieg um 22%. Die Inzidenz von Paratyphus ist in den vergangenen Jahrzehnten in Deutschland insgesamt deutlich zurückgegangen:

Abb. 6.44.1: Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



Wurden im Jahr 1951 noch 10 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner erfasst, so lag die Inzidenz im Jahr 2017 wie in den Vorjahren unter 0,1.

Nicht in allen Bundesländern wurden Erkrankungen registriert. Die meisten Erkrankungen wurden 2017 aus Bayern und Nordrhein-Westfalen (je 9 Erkrankungen) sowie Berlin (7) übermittelt. Die meisten Erkrankungen waren reiseassoziiert. Für 42 Erkrankungen lagen insgesamt 45 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) vor; 89 % der Nennungen betrafen nicht-deutsche Infektionsländer. Am häufigsten wurden Indien und Pakistan (je 6 Nennungen) angegeben, gefolgt von der Türkei (5), Myanmar (4) sowie Indonesien und Bangladesch (je 3 Nennungen). Bei 5 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Es ist nicht geklärt, ob es sich bei den 5 Erkrankungen mit Infektionsland Deutschland um sekundäre Infektionen in Folge importierter Erkrankungen handelt; bei zwei dieser Erkrankungen wurde neben Deutschland auch einmal Italien und einmal Indien als weiteres wahrscheinliches Infektionsland angegeben.

Ein großer Teil der Erkrankungen (48 %) trat in der Altersgruppe der 20- bis 29-Jährigen auf; unter den Erkrankten waren mehr Männer (26, 59 %) als Frauen.

Ein Serotyp wurde bei 36 Erkrankungen angegeben. Die Serotypen verteilen sich zu 64 % auf *S. Paratyphi A*, 33 % *S. Paratyphi B* und 3 % auf *S. Paratyphi C*; sechsmal wurde nicht weiter differenziert und nur *S. Paratyphi* angegeben. Wie in den Vorjahren wurde auch 2017 Serotyp A fast ausschließlich aus Asien importiert. Bei den 5 Erkrankungen ohne Reiseanamnese (Infektionsland Deutschland) waren zwei Serotyp A und eine B zuzuordnen und bei den anderen wurde nicht weiter differenziert.

Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung wurden 2017 nicht übermittelt. Bei 2 Erkrankungen wurde als gemeinsame Exposition eine Reise nach Bangladesch übermittelt.

## Literaturhinweise

Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten* 2015. *Epid Bull* 2016; 39: 431–441.  
RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.45 Pest

### Kurzbeschreibung

Die Pest wird durch die Bakterienart *Yersinia pestis* hervorgerufen. In Gegenden, wo die Pest noch vorkommt, wird der Erreger typischerweise durch Flöhe von befallenen Nagetieren auf den Menschen übertragen. Unterschieden wird zwischen Beulenpest (Befall von Lymphknoten), bei der keine Übertragung von Mensch zu Mensch stattfindet, und Lungenpest mit einer potenziell schnellen Ausbreitung von Mensch zu Mensch. Im Herbst 2017 kam es auf Madagaskar eingebettet in die jährlich wiederkehrende Beulenpestsaison im Hochland zu einem großen Ausbruch von Lungenpest, der auch die Großstädte und Teile der Küstenebene betraf. Es wurden jedoch keine mit diesem Ausbruch assoziierten Fälle in anderen Ländern registriert.

### Situation in Deutschland

In den letzten Jahrzehnten sind keine Pest-Fälle in Deutschland aufgetreten.

### Literaturhinweis

- Mead PS: *Plague in Madagascar – a tragic opportunity for improving Public Health*. *N Engl J Med* 2018; 378. doi: 10.1056/NEJMp1713881
- Bonds MH, Ouenzar MA, Garchitorena A, et al.: *Madagascar can build stronger health systems to fight plague and prevent the next epidemic*. *PLoS Negl Trop Dis* 2018. doi: 10.1371/journal.pntd.0006131
- Bogoch II, Maxim T, Acosta H, et al.: *Potential plague exportation from Madagascar via international air travel*. *Lancet Infect Dis* 2018; 18:247–248.
- Tsuzuki S, Lee H, Miura F, et al.: *Dynamics of the pneumonic plague epidemic in Madagascar, August to October 2017*. *Euro Surveill* 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.46.17-00710
- Riehm JM, Löscher T: *Pest und Lungenpest*. *Bundesgesundheitsbl* 2015; 58:721–729.  
RKI-Ratgeber (2017). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.46 Poliomyelitis

### Kurzbeschreibung

Die Poliomyelitis, auch spinale Kinderlähmung genannt, wird durch Polioviren hervorgerufen, die von infizierten Menschen in großer Zahl mit dem Stuhl ausgeschieden werden. Die Übertragung

erfolgt vorwiegend fäkal-oral, eine Übertragung über Tröpfchen ist auch möglich. Es gibt eine wirkungsvolle Schutzimpfung. In Deutschland wurde 1998 der Impfstoff von OPV (orale Polio-Lebendvakzine) auf IPV (inaktivierte Polio-Vakzine) umgestellt.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurde in Deutschland kein Fall einer Poliomyelitis übermittelt.

Die letzte in Deutschland erworbene Poliomyelitis durch ein Wildvirus wurde 1990 erfasst. Importierte Fälle (aus Ägypten und Indien) wurden zuletzt 1992 registriert. Die letzte mit dem Impfvirus in Zusammenhang gebrachte Poliomyelitis trat im Jahr 2000 auf. Es handelte sich dabei um eine Frau mit Antikörpermangelsyndrom, die 1998 mit OPV geimpft worden war.

### Literaturhinweise

- Rieck T, Feig M, Siedler A, Wichmann O: *Impfquoten ausgewählter Schutzimpfungen in Deutschland*. *Epid Bull* 2018; 1:1–14.
- Zeitmann N, George M, Falkenhorst G: *Polioimpfung und Stuhlscreening in deutschen Erstaufnahmeeinrichtungen für Asylsuchende, November 2013–Januar 2014. Was wurde umgesetzt?* *Bundesgesundheitsbl* 2016; 59:584–591.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. *Epid Bull* 2017; 34:333–380.
- RKI: *Laborcontainment von Polioviren: Der WHO Global Action Plan zur Polioeradikation und Konsequenzen für die Labore in Deutschland*. *Epid Bull* 2016; 24:205–208.
- RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.47 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 107
- ▶ Im Vergleich zum Vorjahr ist die Anzahl der Erkrankungen um 61% gesunken.
- ▶ Seit Jahren höchste Inzidenz in Baden-Württemberg
- ▶ Häufigstes Infektionsland ist Deutschland
- ▶ 2 Ausbrüche mit je 2 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Q-Fieber wird durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht, das sich innerhalb von Zellen ansiedelt. Zecken spielen eine wichtige Rolle im Infektionskreislauf der Wild- und Nutztiere. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt in der Regel auf dem Luftweg über die erregelasteten getrockneten Ausscheidungen (insbesondere Geburtsprodukte) infizierter Haus- und Nutztiere sowie bei der durch infektiösen Zeckenkot belasteten Schafschur. In etwa der Hälfte der Fälle kommt es zu einer grippeähnlichen Erkrankung, die durch die Entzündung von Lunge, Leber, Herzmuskel oder Gehirn kompliziert werden kann. Chronische Krankheitsverläufe (hauptsächlich Herzklappenentzündungen) sind sehr selten, aber wegen ihrer Krankheitschwere gefürchtet.

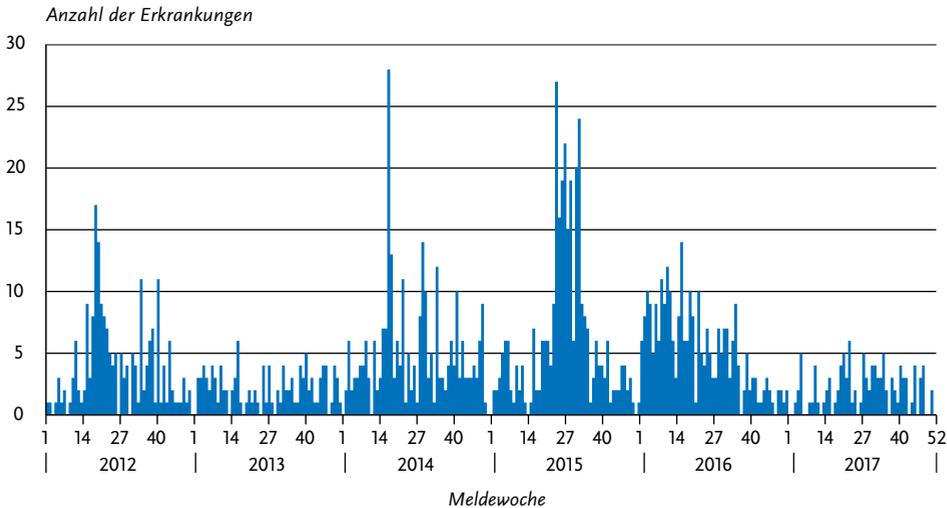
### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.47.1).

Tab. 6.47.1: Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4	1%	0	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	270	87%	107	83%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	13	4%	4	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	24	8%	18	14%
alle	311	100%	129	100%
Referenzdefinition (B+C)	274	88%	107	83%

**Abb. 6.47.1:**  
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2012 bis 2017 (n=1.280)



### **Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2017 wurden insgesamt 107 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermitteln (0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Die meisten Erkrankungen (78%) traten in den Monaten Mai bis November auf (s. Abb. 6.47.1). Im Vergleich zum Vorjahr (274) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 61% gesunken und auf dem niedrigsten Stand seit 2007.

### **Geografische Verteilung**

Mit Ausnahme von Bremen, Mecklenburg-Vorpommern und dem Saarland sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermitteln worden. Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden dabei in Baden-Württemberg (0,4 Erkr./100.000 Einw.), Hessen (0,2), Sachsen-Anhalt (0,2) und Rheinland-Pfalz (0,2) verzeichnet.

Für 74 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (69%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt. Bei 54 Erkrankungen (72%) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben.

### **Demografische Verteilung**

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 60- bis 69-jährigen Männern (0,3

Erkr./100.000 Einw.) zu verzeichnen. Bei den unter 15-Jährigen wurde eine Erkrankung übermitteln (0,06).

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Männern (0,2 Erkr./100.000 Einw.) etwas höher als bei Frauen (0,1) (s. Abb. 6.47.2).

### **Klinische Aspekte**

Für 106 Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 234 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 83% aller Erkrankungen) und Fieber (bei 76% aller Erkrankungen). Bei 39 Erkrankungen (37%) wurde eine Lungenentzündung übermitteln. Es wurden 2 Todesfälle im Zusammenhang mit Q-Fieber übermitteln.

### **Ausbrüche**

Es wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankungen aus Baden-Württemberg übermitteln.

Der Anteil der Q-Fieber-Erkrankungen, die 2017 im Rahmen von Ausbrüchen übermitteln wurden, war mit 4% (4 von 107) im Vergleich zu den Vorjahren sehr gering.

### Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen zeigt, dass es sowohl bei sporadischen Q-Fieber-Erkrankungen, als auch bei Ausbrüchen in Deutschland starke und schwache Jahre gibt. Seit 2001 schwanken die Zahlen zwischen 86 und 416 Erkrankungen (Median 262 Erkrankungen), ohne dass es einen erkennbaren Trend gibt.

### Literaturhinweise

George M, Reich A, Cussler K, Jehl H, Burckhardt F: *Live cell therapy as potential risk factor for Q fever*. Emerg Infect Dis 2017; 23:1210-1212. doi: 10.3201/eid2307.161693  
 RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.48 Rotavirus-Gastroenteritis

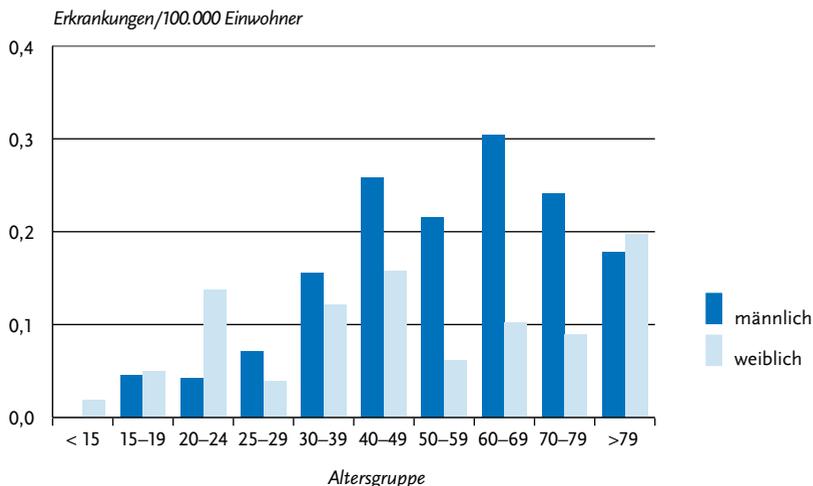


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 38.251
- ▶ Rückläufiger Trend der Vorjahre setzt sich 2017 nicht weiter fort.
- ▶ Zahl der Erkrankungen 2017 im Vergleich zum Vorjahr um 68% gestiegen
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 69 Jahren
- ▶ 1.470 Ausbrüche mit 10.820 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Rotaviren kommen weltweit vor und verursachen Durchfallerkrankungen, die vor allem Säuglinge und Kleinkinder betreffen. Daneben erkranken Personen über 69 Jahren häufiger an einer Rotavirus-Gastroenteritis als Erwachsene ≤ 69 Jahren. Die Viren werden mit dem Stuhl ausgeschieden und überwiegend durch fäkal-orale Schmierinfektion, aber auch durch verunreinigtes Wasser und verunreinigte Lebensmittel übertragen. Hauptsteckungsquelle ist der Mensch. Rotavirus-Lebendimpfstoffe für die Impfung von Säuglingen sind seit 2006 in Europa verfügbar. Die Ständige Impf-

Abb. 6.47.2:  
 Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=107)



**Tab. 6.48.1:**  
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4.107	16 %	7.191	17 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	18.630	72 %	31.060	72 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	552	2 %	646	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.668	10 %	4.201	10 %
alle	25.957	100 %	43.098	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>22.737</b>	<b>88 %</b>	<b>38.251</b>	<b>89 %</b>

kommission (STIKO) empfiehlt seit Juli 2013 die Impfung von Säuglingen gegen Rotaviren.

#### Falldefinition

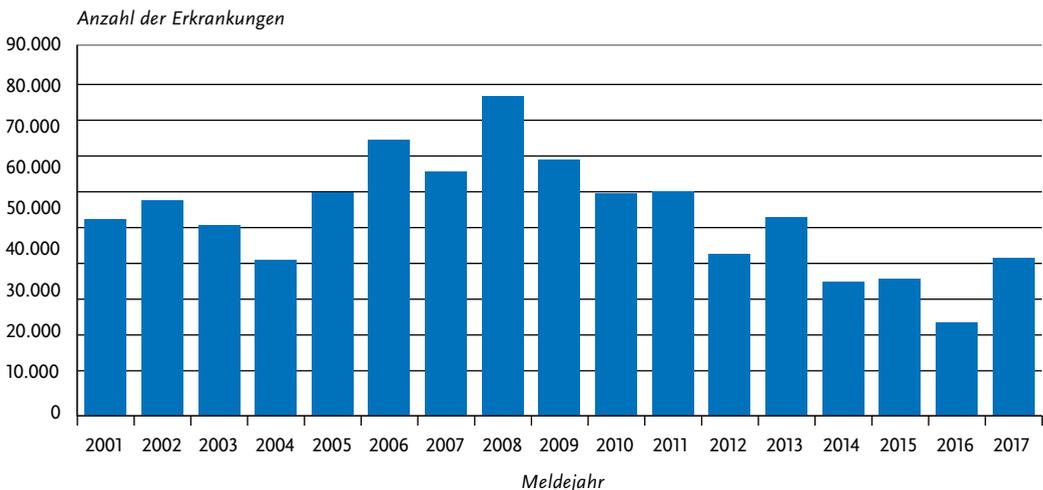
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.48.1).

#### Zeitlicher Verlauf

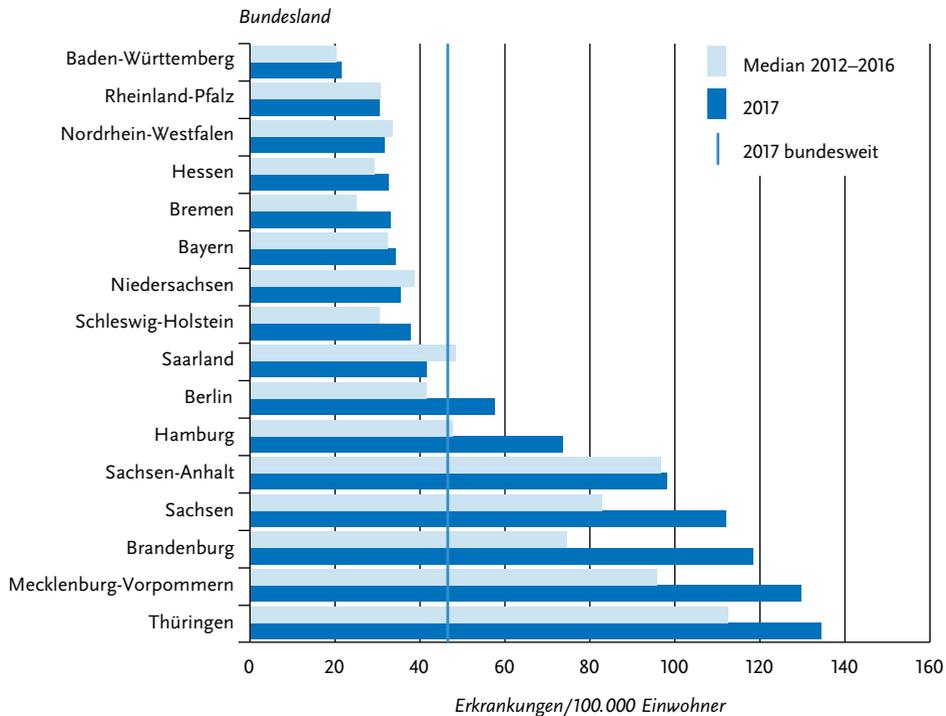
Die Rotavirus-Gastroenteritis war 2017 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der Norovirus-Gastroenteritis und der

*Campylobacter*-Enteritis. Allerdings hat sich der rückläufige Trend, der 2008 begann, nicht weiter fortgesetzt. Die Zahl der Erkrankungen (38.251) nahm im Vergleich zum Vorjahr, dem Jahr mit der bundesweit niedrigsten Inzidenz seit Inkrafttreten des IfSG im Jahr 2001 (22.737), deutlich zu (um 68 %). Die Erkrankungszahlen erreichten ein Niveau oberhalb der Jahre 2015 (33.205) und 2014 (32.469), blieben aber unterhalb des Niveaus des Jahres 2013 (48.312). Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2017 im Mai. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 2.345 Erkrankungen übermit-

**Abb. 6.48.1:**  
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



**Abb. 6.48.2:**  
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=38.240)  
im Vergleich mit den Vorjahren



telt. Das zwischensaisonale Tief, mit überwiegend weniger als 200 übermittelten Erkrankungen wöchentlich, begann in der 30. Meldewoche. Nach der 46. Meldewoche zeichnete sich der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison mit leicht ansteigenden Erkrankungszahlen ab (s. Abb. 6.48.1).

### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 47 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und lag damit oberhalb des Medians der Inzidenzen der 5 Vorjahre (40 Erkr./100.000 Einw.). Im Vergleich zum Median der Vorjahre ist die Inzidenz in allen Bundesländern bis auf Rheinland-Pfalz, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und dem Saarland, angestiegen. In den folgenden Bundesländern war die Zunahme der Inzidenzen im Vergleich zu den Vorjahren besonders ausgeprägt: Brandenburg (59%), Hamburg (54%) Berlin (38%), Sachsen (36%), Mecklen-

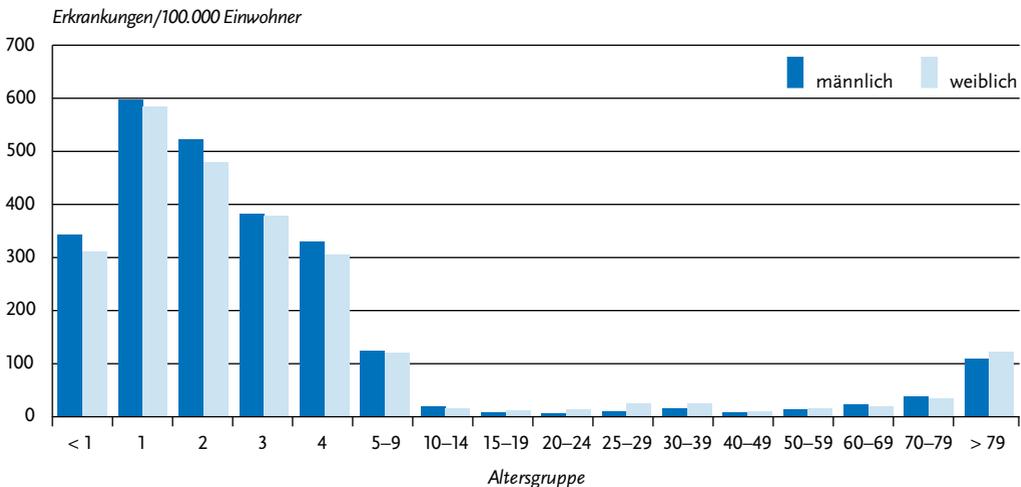
burg-Vorpommern (35%) und Bremen (Zunahme um 32%). Die Inzidenz lag in den ostdeutschen Flächenbundesländern mit Werten zwischen 98 und 134 Erkr./100.000 Einw. erheblich höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin (22 bis 74 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.48.2).

Bei 22.217 (58%) der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Dabei wurde bei 98% der Nennungen Deutschland angegeben.

### Demografische Verteilung

Rotavirus-Gastroenteritiden treten bevorzugt im Kindesalter auf; 41% der Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die höchste Inzidenz wurde wie im vergangenen Jahr bei einjährigen Kindern (594 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.48.3). Die Inzidenz nimmt mit steigendem Alter deutlich ab und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Immerhin

Abb. 6.48.3:  
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=37.924)



betrafen 8.560 Erkrankungen (23 %) über 69-jährige Personen.

Im Vergleich zum Vorjahr nahm die Inzidenz in allen Altersgruppen zu. Besonders deutlich war die Zunahme bei den 1- bis 14-jährigen Kindern, bei denen der Zuwachs im Vergleich zum Vorjahr in den jeweiligen Altersgruppen zwischen 74 bis 105 % betrug, und in der Altersgruppe der 30–39-Jährigen (Anstieg um 91 %). Bei den unter 1-Jährigen war die Inzidenzzunahme deutlich geringer und betrug 44 %. Im Kindesalter waren Jungen etwas häufiger betroffen als Mädchen, während im Jugend- und Erwachsenenalter Frauen in der Regel häufiger erkrankten als Männer.

#### Klinische Aspekte

Bei 34.421 der Erkrankungen (90 %) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 17.665 der Erkrankungen (51 %) wurde ein solcher bejaht. Der Anteil der Erkrankten, die hospitalisiert waren, war in den Altersgruppen der unter 15-Jährigen (55 %) und der älter als 69-Jährigen (61 %) am höchsten und war bei den 20- bis 49-Jährigen mit 24 % am niedrigsten. Angaben zum Vitalstatus lagen für 97 % der Erkrankungen vor. Es wurden 20 Todesfälle im Zusammenhang mit Rotavirus-Gastroenteritiden übermittelt. Betroffen waren Personen zwischen 51 und 96 Jahren, im

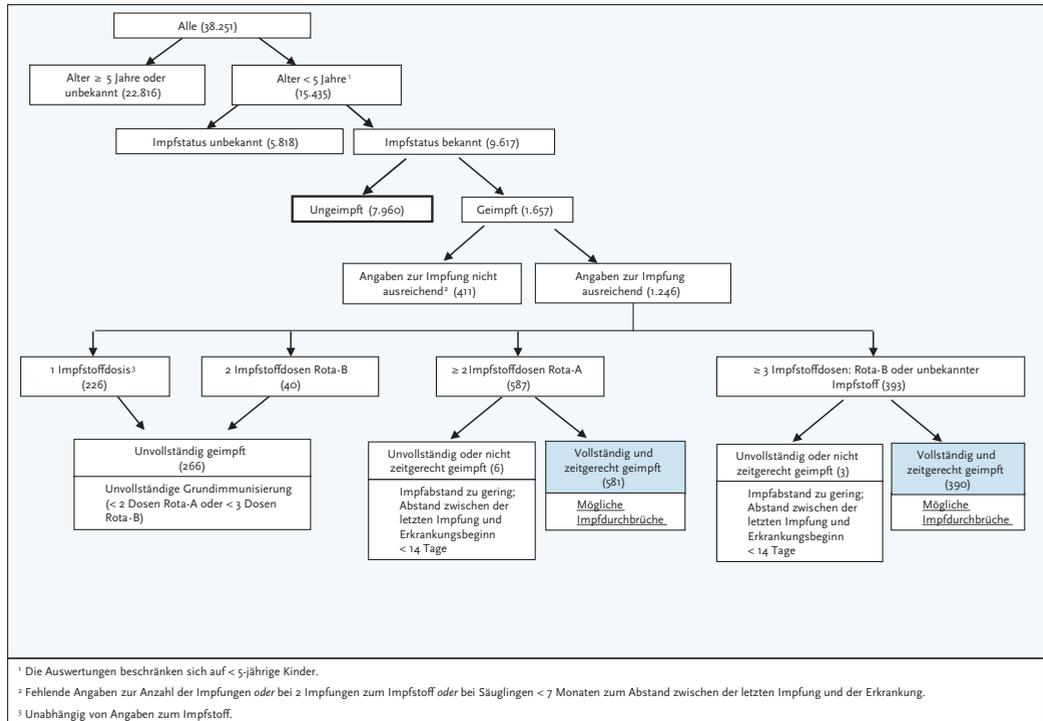
Median waren die Verstorbenen 79,5 Jahre alt. Die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 0,05 %.

#### Impfstatus

Zur Impfung gegen die Rotavirus-Gastroenteritis wurden 2006 von der Europäischen Arzneimittelagentur (EMA) 2 Lebendvakzinen für die orale Verabreichung zugelassen: Rotarix® (nachfolgend »Rota-A« genannt) und RotaTeq® (nachfolgend »Rota-B« genannt). Beide sind zur aktiven Immunisierung von Säuglingen ab einem Alter von 6 Wochen bis zu 24 (Rota-A) bzw. 32 Wochen (Rota-B) indiziert. Die Impfserie besteht aus 2 (Rota-A) bzw. 3 (Rota-B) Impfstoffdosen. Zwischen den einzelnen Dosen ist ein Zeitabstand von mindestens 4 Wochen einzuhalten. Die Impfserie sollte vorzugsweise bis zum Alter von 16 (Rota-A) bzw. 22 (Rota-B) Wochen verabreicht werden, muss aber auf jeden Fall bis zum Alter von 24 (Rota-A) bzw. 32 (Rota-B) Wochen abgeschlossen sein. Ein Impfschutz besteht ab etwa 14 Tagen nach Abschluss der Impfserie.

Seit Juli 2013 empfiehlt die STIKO eine routinemäßige Rotavirus-Impfung von unter 6 Monate alten Säuglingen. Das primäre Ziel der Impfempfehlung ist, schwere Rotavirus-Infektionen und insbesondere die dadurch erforderlichen Kran-

**Abb. 6.48.4:**  
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=38.251)



kenhausbehandlungen bei Säuglingen und Kleinkindern zu reduzieren. Die Rotavirus-Impfung ist seit 2006 in Deutschland verfügbar. Sachsen, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen und Schleswig-Holstein hatten die Impfung bereits vor 2013 in ihre öffentlichen Impfeempfehlungen aufgenommen.

Die Rotavirus-Impfquote des Geburtsjahrgangs 2015 basierend auf der Auswertung der Abrechnungsdaten der Kassenärztlichen Vereinigungen (KV) im Rahmen der KV-Impfsurveillance betrug 68%.

Da der Impfstoff keinen lebenslangen Schutz bietet und die Zielpopulation der Impfung Kleinkinder im Alter unter 5 Jahren sind, wird die folgende Auswertung auf die Daten zum Impfstatus von unter 5-jährigen Kindern mit Rotavirus-Gastroenteritiden beschränkt.

Von den 15.435 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (< 5 Jahre) wur-

den 1.657 Kinder als geimpft und 7.960 als ungeimpft übermittelt; bei 5.818 Kindern war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.48.4). Von den geimpften Kindern waren bei 1.246 die Angaben zur Anzahl der Impfungen, zum verwendeten Impfstoff sowie bei Säuglingen unter 7 Monaten zum zeitlichen Abstand zwischen Impfung und Erkrankung ausreichend, so dass der tatsächliche Immunschutz bewertet werden konnte. Von diesen 1.246 Kindern waren 971 (78%) vollständig und zeitgerecht geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfserie an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 971 Erkrankungen wurden als mögliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 581 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung und 390 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung (301) oder nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates (89). Die Diagnose war bei 85%

Tab. 6.48.2:

## Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2016 und 2017

	2016		2017	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	447	1.133	837	2.155
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	345	4.929	633	8.665
<b>Alle Ausbrüche</b>	<b>792</b>	<b>6.062</b>	<b>1.470</b>	<b>10.820</b>

der 971 Erkrankungen labordiagnostisch gesichert. Von den 971 Kindern mit möglichen Impfdurchbrüchen waren 67 (7%) unter einem Jahr, 301 (31%) ein Jahr, 285 (29%) 2 Jahre, 192 (20%) 3 Jahre und 126 (13%) 4 Jahre alt; 295 (30%) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 12 Erkrankungen zu vermuten ist.

### Ausbrüche

Es wurden 1.470 Ausbrüche mit insgesamt 10.820 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.48.2). Die Anzahl der Ausbrüche ist im Vergleich zu der des Vorjahrs (792 Ausbrüche) um 85% gestiegen. Insgesamt sind 28% aller übermittelten Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt worden. Es traten 837 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 2.155 Erkrankungen) und 633 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 8.665 Erkrankungen) auf. Für 80% der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 47% dieser Ausbrüche in Kindergärten, 26% in Pflege- und Altenheimen und 11% in Krankenhäusern.

### Fazit

Die Rotavirus-Gastroenteritis ist vornehmlich eine Erkrankung des Kindesalters und betraf vor allem Säuglinge und Kleinkinder im Alter < 5 Jahren. Höhere Inzidenzen waren auch bei Personen über 69 Jahren zu beobachten; in dieser Altersgruppe verstarben auch einzelne Personen an einer Rotavirus-Gastroenteritis. Obwohl die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritis insgesamt sehr gering

war, ist die Krankheitslast in Anbetracht der hohen, überwiegend krankheitsbedingten Hospitalisierungsrate beträchtlich. Der seit 2008, nach Einführung der Rotavirus-Impfung, zu beobachtende rückläufige Trend der Rotavirus-Gastroenteritiden hat sich 2017 nicht weiter fortgesetzt. Die Zahl der Erkrankungen ist im Vergleich zum Vorjahr um 68% gestiegen und die Inzidenz für 2017 liegt oberhalb der Werte der beiden Vorjahre. Die Erkrankungen haben bei den 1- bis 14-jährigen Kindern besonders deutlich zugenommen. Die möglichen Ursachen für die nahezu bundesweite Zunahme der Rotavirus-Gastroenteritiden sind bisher ungeklärt und bedürfen weiterer Untersuchungen. Einzelne Saisons mit vergleichsweise erhöhten Fallzahlen hat es jedoch bereits vor Einführung der Impfung gegeben. Nach Aussagen des Konsiliarlabors für Rotaviren konnten im Jahr 2017 regional gehäuft ungewöhnliche Virusvarianten nachgewiesen werden, was möglicherweise zu den erhöhten Fallzahlen beigetragen hat.

### Literaturhinweise

- Koch J, Harder T, von Kries R, Wichmann O: *Risk of intussusception after Rotavirus vaccination*. Dtsch Arztebl Int 2017; 114:255–262.
- Adlhoch C, Hoehne M, Littmann M, et al.: *Rotavirus vaccine effectiveness and case-control study on risk factors for breakthrough infections in Germany, 2010–2011*. *Pediatr Infect Dis J* 2013; 32:e82–e89.
- Shai S, Perez-Becker R, von Konig CH, et al.: *Rotavirus disease in Germany – a prospective survey of very severe cases*. *Pediatr Infect Dis J* 2013; 32:e62–67.
- Dudareva-Vizule S, Koch J, An der Heiden M, Oberle D, Keller-Stanislawski B, Wichmann O: *Impact of rotavirus vaccination in regions with low and moderate vaccine uptake in Germany*. *Hum Vaccin Immunother* 2012; 8:10.

- Rieck T, Feig M, Siedler A, Wichmann O: *Impfquoten ausgewählter Schutzimpfungen in Deutschland*. *Epid Bull* 2018; 1:1–14.
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. *Epid Bull* 2017; 34:333–380.
- RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. *Epid Bull* 2015; 1:1–10.
- RKI-Ratgeber (2013). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.49 Röteln



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 19
- ▶ Keine konnatale Röteln-Infektion, weniger Erkrankungen als im Vorjahr
- ▶ Klinische Verdachtsfälle werden nur sehr selten labordiagnostisch bestätigt.
- ▶ Inzidenz 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- ▶ 3 Ausbrüche mit insgesamt 9 Fällen

### Kurzbeschreibung

Röteln werden durch Viren ausgelöst. Der Mensch ist der einzige bekannte natürliche Wirt für das Rötelnvirus. Die Übertragung erfolgt über Tröpfchen. Besonders im Kindesalter verläuft etwa die Hälfte der Infektionen asymptomatisch. Die Erkrankung ist durch ein kleinfleckiges Exanthem gekennzeichnet, das im Gesicht beginnt, sich über

Körper und Extremitäten ausbreitet und nach 1 bis 3 Tagen wieder verschwindet. Weiter können insbesondere Kopfschmerzen, subfebrile Temperaturen und Lymphknotenschwellungen (besonders der nuchalen und retroaurikulären Lymphknoten) auftreten. Seltene (jedoch mit zunehmendem Lebensalter der erkrankten Person häufigere) Komplikationen sind Arthralgien, Arthritiden und Enzephalitiden. Im Falle einer Infektion der Mutter während der Schwangerschaft verursacht eine über die Plazenta erfolgte Infektion beim sich entwickelnden Fetus schwere Schäden, deren Häufigkeit und Schweregrad vom Infektionszeitpunkt während der Schwangerschaft abhängen (konnatale Röteln-Embryopathie). Während der ersten 12 Schwangerschaftswochen ist die Gefahr einer Embryopathie bei einer Röteln-Infektion der Mutter extrem hoch. Sie kann zu einer Fehl- oder Totgeburt oder einer Vielzahl von Missbildungen (Embryopathien) wie Taubheit, Augenschäden, geistiger Behinderung, Herzmissbildungen und Knochendefekten führen. Die Elimination der Röteln ist ein erklärtes Ziel der deutschen und internationalen Gesundheitspolitik. Diese liegt vor, wenn in Deutschland eine endemische Übertragung der Röteln über mindestens 12 Monate nicht mehr zu beobachten ist.

Seit 29.03.2013 besteht gemäß Infektionsschutzgesetz eine bundesweite namentliche Meldepflicht für Ärzte und Labore. Zuvor waren nur konnatale Röteln-Infektionen bundesweit namentlich an das Robert Koch-Institut zu melden.

Tab. 6.49.1: Übermittelte Röteln-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	64	32 %	55	28 %
klinisch-epidemiologisch (B)	8	4 %	7	4 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	22	11 %	12	6 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	50	25 %	55	28 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	56	28 %	67	34 %
alle	200	100 %	196	100 %
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>30</b>	<b>15 %</b>	<b>19</b>	<b>10 %</b>

## Postnatale Röteln

### Falldefinition

Von 196 im Jahr 2017 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten nur 19 (10 %) die Referenzdefinition. (s. Tab. 6.49.1).

Die Falldefinition veränderte sich im Jahr 2015: Mütter von Neugeborenen mit Röteln-Embryopathie werden nun als klinisch-epidemiologische Fälle erfasst, auch wenn sie selbst keine weiteren klinischen Kriterien für die Röteln aufweisen und bei ihnen kein labordiagnostischer Nachweis vorliegt; darüber hinaus kam zu den labordiagnostischen Nachweisen der Antigennachweis hinzu.

### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2017 wurden 19 Röteln-Fälle übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen. Im Jahr 2016 waren es 30 Erkrankungen. Monatlich wurden 0 bis 4 Röteln-Erkrankungen an das RKI übermittelt.

### Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,02 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

In Nordrhein-Westfalen wurden 6 Erkrankungen erfasst. Aus Rheinland-Pfalz und Thüringen wurden jeweils 5 Erkrankungen und aus Hamburg, Niedersachsen und Sachsen jeweils eine Erkrankung übermittelt. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 9 Erkrankungen vor. Alle 9 Erkrankten erwarben nach diesen Angaben die Infektion in Deutschland.

### Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Für die Altersgruppen der 0- bis 9-Jährigen und der 10- bis 19-Jährigen wurden jeweils 5 Röteln-Erkrankungen übermittelt. Für die Altersgruppe, die zum Zeitpunkt der Diagnose 20 Jahre oder älter war, wurden 9 Röteln-Erkrankungen erfasst.

Im Jahr 2017 waren mit 13 Erkrankungen mehr Mädchen bzw. Frauen von Röteln betroffen als Jungen bzw. Männer mit 6 Erkrankungen. Sechs der weiblichen Erkrankten waren zwischen 20 und 49 Jahre alt.

### Klinische Aspekte

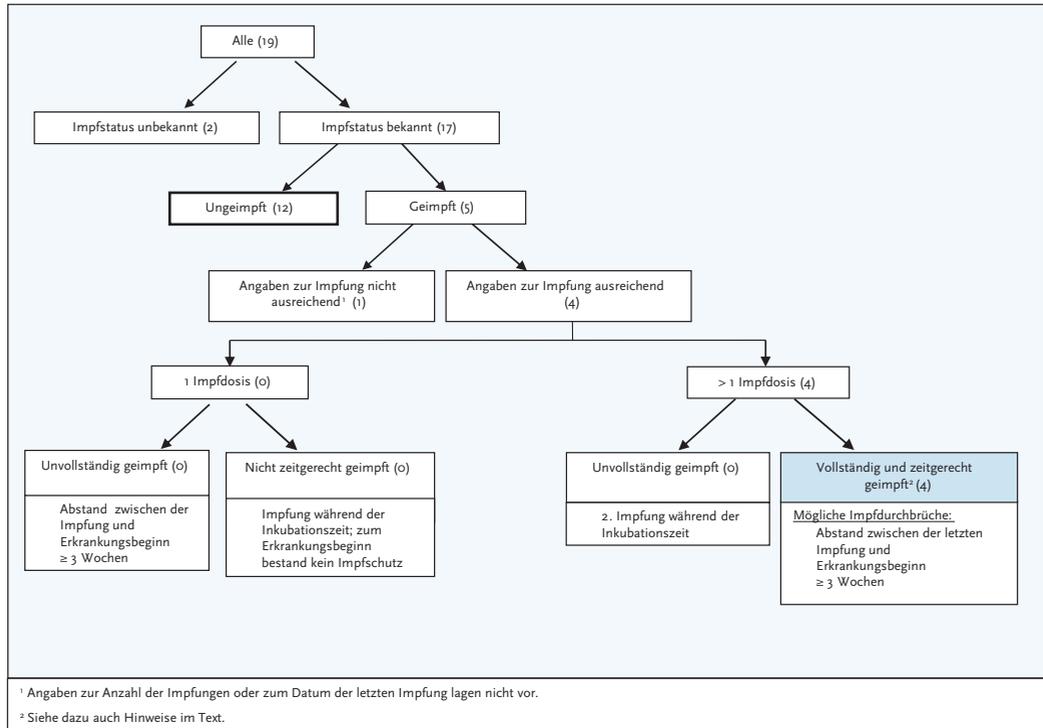
Für alle 19 an Röteln erkrankten Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Bei allen trat ein Exanthem auf, Lymphknotenschwellungen wurden bei 15 der Erkrankungen angegeben. Bei insgesamt 6 der Erkrankungen traten Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) auf. Fünf Erkrankte waren aufgrund der Erkrankung hospitalisiert. Dabei handelte es sich um einen 12-jährigen Jungen und 4 Personen im Alter zwischen 48 und 78 Jahren. Rötelnassoziierte Todesfälle wurden im Jahr 2017 nicht berichtet.

### Impfstatus

Ein zuverlässiger Impfschutz wird mit 2 Dosen eines rötelnhaltigen Impfstoffes (Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps und Röteln) erreicht. Bereits nach der ersten Impfung entwickeln über 95 % der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 1. Röteln-(Mumps-Masern)-Impfung im Alter von 11 bis 14 Monaten und eine zweite Impfung im Alter von 15 bis 23 Monaten mit einem Mindestabstand von 4 Wochen zur Erstimpfung. Alle Kinder sollten somit vor ihrem 2. Geburtstag 2-mal geimpft worden sein. Ferner empfiehlt die STIKO, dass alle Frauen im gebärfähigen Alter insgesamt 2-mal gegen Röteln geimpft sein sollten, um vor einer Röteln-Infektion in der Schwangerschaft geschützt zu sein. Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität aufgrund von anamnestic Angaben ist zu unsicher.

Von den 19 Erkrankungen im Jahr 2017 wurden 5 Erkrankte als geimpft und 12 als ungeimpft übermittelt; bei 2 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.49.1). Bei 4 der 5 geimpften Erkrankten lagen ausreichende Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor. Alle 4 wurden 2-mal geimpft und die letzte Dosis lag zu Erkrankungsbeginn bei allen mehr als 1 Jahr zurück. Zwei der 4 trotz Impfung Erkrankten, zwei 7-jährige Kinder, gehörten zum gleichen Erkrankungscluster. Zudem wurde die Information übermittelt, dass in ihrem Umfeld Ringelröteln diagnostiziert worden waren. Bei beiden Kindern wurde keine Labordiagnostik durchgeführt. Es handelte

**Abb. 6.49.1:**  
**Übermittelte Röteln-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=19)**



sich also möglicherweise um eine Fehldiagnose. Für die übrigen beiden Erkrankten, die unabhängig voneinander aufgetreten waren und deren Impfungen mehr als zehn Jahre zurück lagen, wurde einmal der Nachweis von IgM-Antikörpern und einmal eine positive PCR aus Liquor zum diagnostischen Nachweis angegeben. Hier könnte es sich um Durchbruchinfektionen handeln, wahrscheinlicher ist jedoch ein hinsichtlich einer akuten Röteln-Erkrankung falsch positives Laborergebnis.

**Ausbrüche**

Es wurden 3 Ausbrüche mit insgesamt 9 Erkrankungen übermittelt.

In Rheinland-Pfalz wurden 2 Kleinkinder einem Ausbruch zugeordnet, der in einer Kita aufgetreten war. Eines der beiden Kinder war ungeimpft, für das zweite lagen keine Informationen zum Impfschutz vor. Bei beiden Erkrankten wur-

de keine Labordiagnostik durchgeführt. Ebenfalls in Rheinland-Pfalz erkrankten die beiden bereits oben erwähnten, geimpften Schulkinder. Bei fehlender Labordiagnostik und Ringelröteln im Umfeld bleibt hier unklar, ob es sich um eine Fehldiagnose handelte. Ein dritter Ausbruch betraf eine Familie in Thüringen. Es waren ein Erwachsener und 4 Kinder und Jugendliche betroffen, alle 5 waren ungeimpft. Bei 2 Personen wurde die akute Röteln-Erkrankung durch einen Nachweis von IgM-Antikörpern bestätigt. Eine Genotypisierung der Virusvarianten lag für keine der Erkrankungen vor.

Alle anderen Röteln-Erkrankungen wurden als sporadisch eingeschätzt. Durch die hohe Anzahl der sporadisch auftretenden Erkrankungen und der fehlenden Genotypisierung bei allen Erkrankungen konnte die Herkunft der Infektionen nicht ermittelt werden.

### **Datenqualität**

Röteln weisen ein sehr unspezifisches Krankheitsbild auf, viele Röteln-Infektionen verlaufen subklinisch. Es ist somit zu erwarten, dass viele Erkrankungen klinisch nicht der Falldefinition entsprechen, auch wenn eine Labordiagnostik auf eine akute Infektion hinweist. Daher finden sich möglicherweise einige Röteln-Fälle in den Falldefinitionskategorien D und E (s. Tabelle 6.49.1). Einige andere Viruserkrankungen können zudem eine den Röteln ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsachen ist es sehr schwierig, Infektionsketten sicher nachzuverfolgen und es werden besonders viele Erkrankungen als sporadisch eingestuft.

Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist somit äußerst unsicher. Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Röteln-Fälle in Deutschland auftreten. Nur ein kleiner Teil der dem RKI übermittelten Röteln-Fälle wurde labordiagnostisch bestätigt. So wurden dem RKI im Jahr 2017 insgesamt 55 Röteln-Fälle übermittelt, die allein klinisch bestätigt waren (Falldefinitionskategorie A). Diese Fälle wurden für diese Analyse nicht berücksichtigt, weil sie nicht der Referenzdefinition entsprachen, sie bildeten jedoch einen hohen Anteil aller an das RKI übermittelten Fälle (55 von 196; 28%) und müssen auch an die WHO berichtet werden. Unter diesen 55 Fällen waren besonders viele Kinder im Alter unter 10 Jahren (41 von 55; 75%). In dieser Altersgruppe treten häufiger exanthematische, fieberhafte Erkrankungen auf, die in der Regel jedoch nicht labordiagnostisch abgeklärt werden.

Eine labordiagnostische Abklärung sollte immer bei klinischem Verdacht auf eine akute Röteln-Infektion erfolgen. Dies erleichtert auch die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen). Bei Durchführung einer Serologie ist zu bedenken, dass nach Impfung ein positives IgM über Jahre persistieren kann. Ferner können beim Nachweis von IgM-Antikörpern falsch positive Befunde auftreten, die durch Kreuzreaktionen mit anderen Viren (u.a. Parvovirus B19, Epstein-Barr-Virus (EBV)) oder Rheumafaktoren verursacht werden können. Der positive prädiktive Wert der Serologie sinkt weiter, je seltener die Röteln auftreten. Auch der hohe Anteil der wenigen Röteln-Fälle, die nach den Angaben der zuständigen Behörden

aufgrund der Röteln-Erkrankung hospitalisiert worden waren, spricht dafür, dass es sich bei diesen Erkrankungen nicht um eine akute Röteln-Infektion gehandelt hatte. Hier könnte es sich um einen Krankenhausaufenthalt zur Abklärung entzündlicher ZNS-Prozesse gehandelt haben, zu deren Abklärung die sogenannte MRZ-Reaktion (Nachweis einer intrathekalen Synthese von Antikörpern gegen Masern, Röteln und Varicella-Zoster-Viren) herangezogen wird. Ein positiver Befund der MRZ-Reaktion ist Ausdruck einer chronischen Aktivierung des Immunsystems im zentralen Nervensystem, kann aber als akute Röteln-Infektion fehlgedeutet werden.

Es wird empfohlen, insbesondere bei Kindern mit einem Exanthem und Fieber und bei allen sporadisch auftretenden Erkrankungen einen Rachenabstrich für einen direkten Virusnachweis mittels PCR vorzunehmen. Die RT-PCR bietet insbesondere bei Kindern eine nicht-invasive, zuverlässige Methode, um den Verdacht auf eine akute Rötelnvirusinfektion sicher zu bestätigen und unzureichend geimpfte schwangere Kontaktpersonen gut beraten zu können. Sollte diese positiv sein, kann eine Genotypisierung des Rötelnvirus angeschlossen werden.

Eine Genotypisierung wurde im Jahr 2017 bei keinem der Röteln-Fälle veranlasst. Die durch die Rötelnvirus-Genotypisierung gewonnenen Sequenzdaten ermöglichen es, im Rahmen der molekularen Surveillance Übertragungsketten auf nationaler wie internationaler Ebene zu verfolgen. Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) Masern, Mumps, Röteln am RKI führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Genotypisierungen durch.

Ein durch ein Labor gemeldeter positiver Befund sollte – zur weiteren Sicherung der Diagnose einer akuten Röteln-Infektion – eine Rücksprache der Gesundheitsämter mit der betroffenen Person und ggf. dem einsendenden Ärzten nach sich ziehen.

### **Fazit**

Die übermittelten Daten von 2017 ermöglichen aufgrund ihrer noch nicht ausreichenden Qualität noch keine sichere Einschätzung der Epidemiologie der Röteln in Deutschland. Eine endemische Transmission der Rötelnviren ist unwahrscheinlich, ferner liegt die Inzidenz unter einer Er-

krankung pro 1 Mio. Einwohner. Trotzdem kann mit diesen Daten die Elimination der Röteln in Deutschland nicht verifiziert werden. Wegen des oft fehlenden oder unspezifischen Krankheitsbildes der Röteln reichen die Meldedaten nicht aus, um sicher auftretende Transmissionsketten oder den Import von Rötelnviren beschreiben zu können. Eine Nachverfolgung von Transmissionsketten von höchstwahrscheinlich importierten Rötelnviren ist derzeit wegen seltener Genotypisierungen schwierig. In die Berechnungen der WHO gehen auch klinische Fälle ein, die einen großen Anteil der Röteln-Fälle in Deutschland ausmachen, von denen jedoch höchst fraglich ist, ob wirklich bei allen Erkrankungen eine akute Röteln-Infektion vorlag. Klinische Verdachtsfälle sollten immer labordiagnostisch mit einer Serologie und PCR, möglichst mit nachfolgender Genotypisierung bestätigt werden.

Letztendlich ist das Ziel, konnatale Röteln in Deutschland zu verhindern. Je sensitiver das Surveillance-System ist, desto schneller kann eine Übertragung auf schwangere Frauen im Falle des Vorliegens der Röteln verhindert werden. Ein Nachweis Röteln-spezifischer IgM-Antikörper in der Schwangerschaft bedarf immer vor therapeutischen Entscheidungen einer Überprüfung des Befundes durch eine weitere Diagnostik (z. B. Immunblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

## Konnatale Röteln

### Situation in Deutschland

Für das Jahr 2017 wurde dem RKI keine konnatale Röteln-Infektion übermittelt. Auch im Jahr 2015 und 2016 war keine konnatale Röteln-Infektion bekannt geworden. In den Jahren 2001 bis 2003, 2006, 2008 sowie 2012 und 2013 wurde jährlich jeweils ein Fall übermittelt. 2004 wurden 3 Fälle erfasst, 2009 waren es 2 Fälle. Die WHO gibt als Ziel vor, dass landesweit keine konnatalen Röteln-Fälle auftreten sollen. Diesem Ziel ist Deutschland bereits sehr nahe gekommen.

## Literaturhinweise

ECDC: *Monthly measles and rubella monitoring reports*. <https://ecdc.europa.eu/en/rubella>

Matysiak-Klose D: *Hot Spot: Epidemiologie der Masern und Röteln in Deutschland und Europa*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1231–1237.

Pfaff G: *Die Eliminierung von Masern und Röteln aus Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1222–1224.

STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.

*Zusammenfassender Bericht der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln zum Stand der Eliminierung der Masern und Röteln in Deutschland 2016*. [www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/NAVKO/Berichte/Berichte_node.html)

RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland 2016*. Epid Bull 2018; 16: 151–156.

RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln*. Epid Bull 2010; 32: 322–325.

*RKI-Ratgeber (2018)*. [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.50 Salmonellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **14.269**
- ▶ Seit Jahren rückläufiger Trend der Fallzahlen hat sich nicht weiter fortgesetzt
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren (insbesondere bei Kleinkindern)
- ▶ 74% der Infektionen in Deutschland erworben
- ▶ 265 Ausbrüche mit 1.170 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Salmonellosen sind durch Bakterien der Gattung *Salmonella* verursachte Erkrankungen. Beim Krankheitsbild steht Durchfall im Vordergrund. Daneben sind Bauchschmerzen, Übelkeit, Erbrechen und Fieber möglich. Die Symptome dauern in der Regel nur wenige Stunden oder Tage an, führen bei einem Teil der Betroffenen aber auch zu mehrtägigen Krankenhausaufenthalten.

Enteritis-Salmonellen kommen weltweit u. a. in Geflügel, Schweinen, Rindern, aber auch Reptilien vor. Sie werden meist durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel auf den Menschen übertragen. Typhus und Paratyphus, verursacht durch die beiden Salmonellen-Serovare *S. Typhi* und *S. Paratyphi*, unterscheiden sich im Krankheits-

**Tab. 6.50.1:**  
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	104	1%	223	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	12.868	87%	14.046	86%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	526	4%	567	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.226	8%	1.480	9%
alle	14.724	100%	16.316	100%
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>12.972</b>	<b>88%</b>	<b>14.269</b>	<b>87%</b>

bild deutlich von den übrigen Salmonellosen und werden in eigenen Kapiteln (s. Kap. 6.58 und 6.44) behandelt.

#### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.50.1).

#### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden insgesamt 14.269 Salmonellosen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprechen. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit. Gegenüber dem Vorjahr (12.972 Erkrankungen) ist die Zahl der Erkrankungen um 10% angestiegen. Der seit 2001 (77.001 Erkrankungen) rückläufige Trend hat sich damit nicht weiter fortgesetzt. Die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen lag im Jahr 2017 bei 17 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Wie in den Vorjahren wurden die meisten Salmonellosen (5.446; 38%) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.50.1).

#### Geografische Verteilung

In fast allen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.50.2). Ein besonders starker relativer Rückgang war in Sachsen-Anhalt (40%) und Brandenburg (39%) zu verzeichnen. In Niedersachsen und Bayern lag die Inzidenz im Jahr 2017 über dem Median der Vorjahre (10% bzw. 3%). In Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt, Mecklen-

burg-Vorpommern, Bayern, Niedersachsen und Hamburg lag die Inzidenz im Jahr 2017 über der bundesweiten Inzidenz (17 Erkr./100.000 Einw.).

Bei 8.757 Salmonellosen (61%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (8.852 Nennungen); 6533 (74%) der Nennungen entfielen auf Deutschland. Die übrigen verteilen sich vor allem auf typische Urlaubsländer wie die Türkei (254 Nennungen), Ägypten (243), Thailand (185) und Spanien (166).

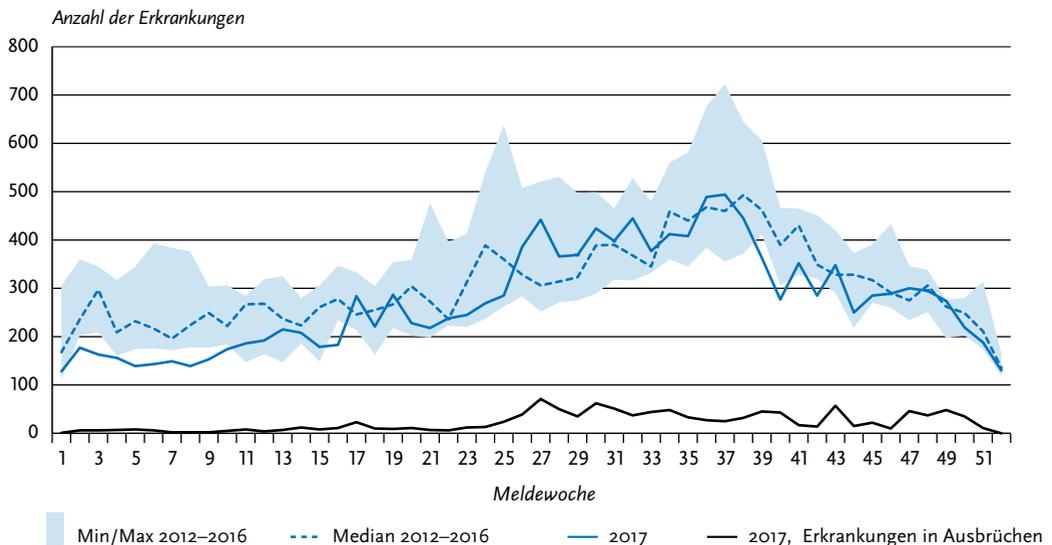
#### Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren zeigten sich die höchsten altersspezifischen Inzidenzen bei Kindern unter 10 Jahren mit einem Maximum bei Kleinkindern. Die niedrigsten Inzidenzen waren in den Altersgruppen zwischen 30 und 59 Jahren zu verzeichnen (s. Abb. 6.50.3). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen (männlich 51%; weiblich 49%).

#### Nachgewiesene Erreger

Eindeutige Angaben zum Serovar wurden für 74% (2016: 76%) der Erkrankungen übermittelt. Bei 45% der Nennungen handelte es sich um *S. Enteritidis* und bei 34% um *S. Typhimurium*. Mit weitem Abstand folgten *S. Infantis* (2,5%), *S. Derby* und *S. Typhimurium* (monophasisch) (jeweils 1,1%). Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 16% aus. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Anzahl der übermittelten *S. Enteritidis*-Erkrankungen um 16% zu (von 4.046 auf 4.708). Die Anzahl der *S. Typhimurium*-Erkrankungen stieg um 3% (von 3.497 auf 3.605).

**Abb. 6.50.1:**  
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2017 (n=14.269) im Vergleich mit den Vorjahren (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)



### Klinische Aspekte

Für 14.190 Erkrankungen (99 %) wurden Symptome angegeben (31.682 Nennungen). Durchfall (98 %) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (64 %), Fieber (39 %) und Erbrechen (23 %). Es wurden 20 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2016: 18). Betroffen waren 16 Männer und 4 Frauen im Alter zwischen 21 und 89 Jahren (Altersmedian 79 Jahre). Bei 13 Todesfällen wurde ein Serovar genannt: 7-mal *S. Enteritidis*, 4-mal *S. Typhimurium* und jeweils einmal *S. Infantis* und *S. Newport*. Die übrigen 7 Todesfälle wurden ohne eindeutige Angaben zum *Salmonella*-Serovar übermittelt.

### Ausbrüche

Es wurden 265 Ausbrüche mit insgesamt 1.170 Erkrankungen (8 % aller Salmonellosen, Vorjahr: 5 %) übermittelt (s. Tab. 6.50.2), davon 39 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen. Im Vergleich zum Vorjahr wurden 22 % mehr Ausbrüche übermittelt, die 73 % mehr Erkrankungen umfassten.

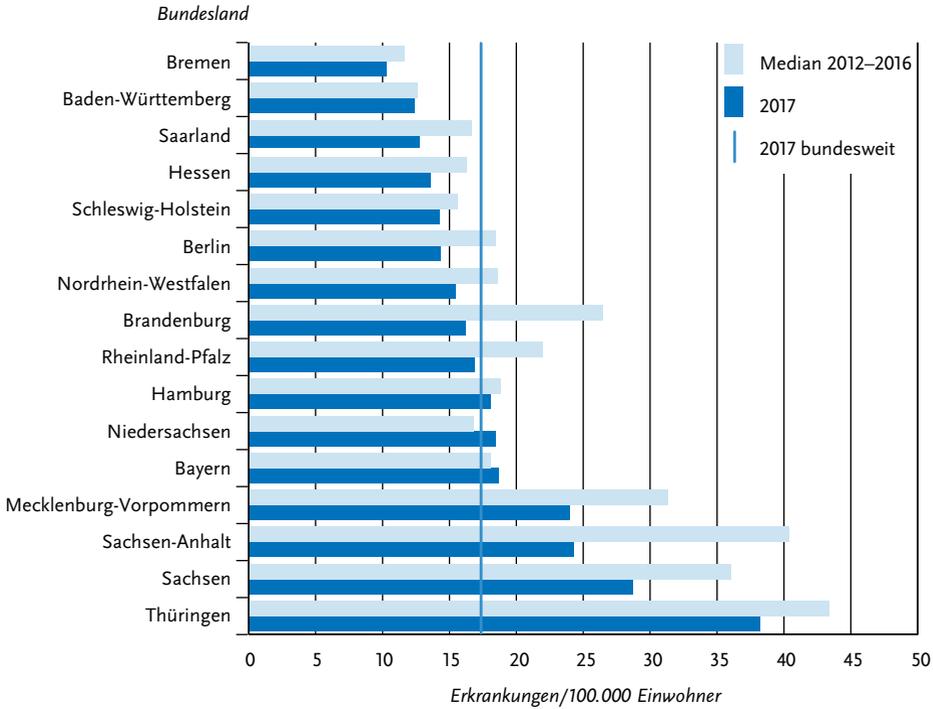
Der größte Ausbruch umfasste 72 Erkrankungen und wurde durch *S. Typhimurium* verursacht. Er ereignete sich in Thüringen und stand in

Zusammenhang mit dem Verzehr von Schweinefleisch. Ein Ausbruch mit 52 Erkrankungen durch *S. Enteritidis* ereignete sich in einer Kinderbetreuungsstätte in Bayern. Ein bundeslandübergreifender Ausbruch durch *S. Kottbus* (51 Erkrankungen) stand in Zusammenhang mit dem Verzehr von Rohschinken. Bei 2 Ausbrüchen durch *S. Typhimurium* in Niedersachsen mit 46 bzw. 32 Erkrankungen konnten keine Zusammenhänge mit bestimmten Lebensmitteln ermittelt werden. Weitere Ausbrüche mit 30 oder mehr Erkrankungen ereigneten sich in Thüringen (31 Erkrankungen; *S. Typhimurium*; verdächtigtes Lebensmittel: Schweinefleisch) bzw. waren bundeslandübergreifend (33 Erkrankungen in Niedersachsen und Sachsen; *S. Enteritidis*; verdächtigtes Lebensmittel: Backwaren).

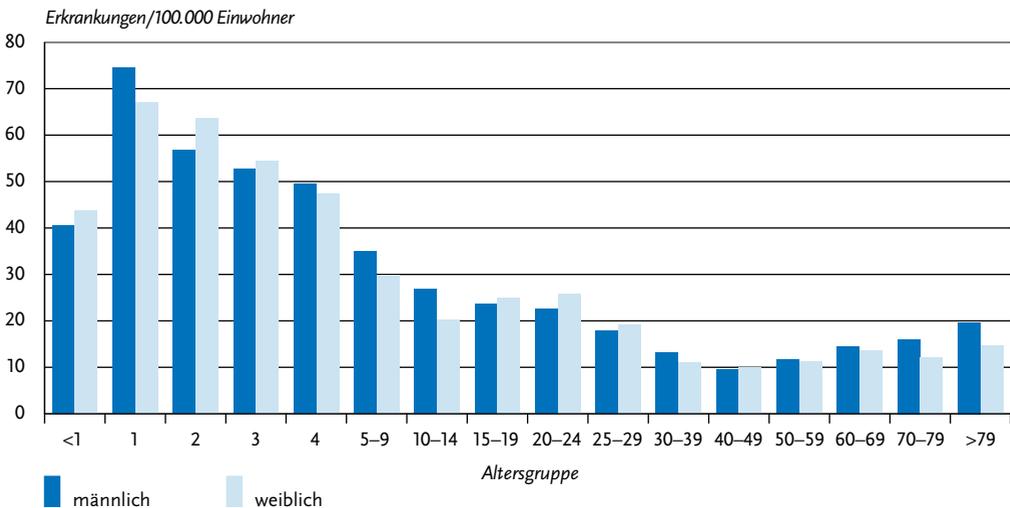
### Fazit

Die Epidemiologie der Salmonellose war seit Jahren von einer deutlichen Abnahme der Erkrankungszahlen geprägt, die primär, aber nicht ausschließlich, durch einen Rückgang der Erkrankungen durch *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* gekennzeichnet war. Im Jahr 2017 hat sich der rückläufige Trend nicht weiter fortgesetzt. Insbe-

**Abb. 6.50.2:**  
 Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=14.267) im Vergleich mit den Vorjahren



**Abb. 6.50.3:**  
 Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=14.211)



Tab. 6.50.2:  
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellen, Deutschland, 2016 und 2017

	2016		2017	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	196	461	226	537
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	21	215	39	633
<b>Alle Ausbrüche</b>	<b>217</b>	<b>676</b>	<b>265</b>	<b>1.170</b>

sondere die Erkrankungen durch *S. Enteritidis* haben im Vergleich zum Vorjahr zugenommen. Sowohl die Zahl der Ausbrüche als auch der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Erkrankungen sind im Vergleich zum Vorjahr angestiegen.

### Literaturhinweise

- ECDC/EFSA *Multicountry outbreak of new Salmonella enterica 11:241:e,n,z15 infections associated with sesame seeds – 13 June 2017*. Journal 2017; <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-outbreak-assessment-multi-country-outbreak-new-salmonella-enterica>
- Schielke A, Rabsch W, Prager R, et al.: *Two consecutive large outbreaks of Salmonella Muenchen linked to pig farming in Germany, 2013 to 2014: Is something missing in our regulatory framework?* Euro Surveill 2017. [www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22793](http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22793)
- Hörmannsdorfer S, Messelhäuffer U, Rampp A, et al.: *Re-evaluation of a 2014 multi-country European outbreak of Salmonella Enteritidis phage type 14b using recent epidemiological and molecular data*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.50.17-00196
- RKI: *Epidemiologische und mikrobiologische Untersuchung von zeitlich parallelen lebensmittelbedingten S.-Kottbus-Geschehen (Vorläufige Ergebnisse)*. Epid Bull 2017; 38:423-427.
- RKI-Ratgeber (2016). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.51 Shigellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 437
- ▶ Anzahl der Erkrankungen auf Vorjahresniveau
- ▶ Männer sind häufiger betroffen als Frauen (55 % zu 45 %).
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 20 und 39 Jahren
- ▶ 32 % der Erkrankungen in Deutschland erworben, weitere wichtige Infektionsländer sind Ägypten, Indien, Marokko und Mexiko
- ▶ 8 Ausbrüche mit 19 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Die Shigellose ist eine weltweit verbreitete Durchfallerkrankung, die durch Bakterien der Gattung *Shigella* ausgelöst wird und mit wässrigen bis blutigen Durchfällen, Bauchkrämpfen und Fieber einhergeht. Es werden 4 Spezies mit unterschiedlicher geografischer Verteilung und Virulenz unterschieden. In Entwicklungsländern kommen hauptsächlich *S. flexneri*, *S. dysenteriae* und *S. boydii* vor. In Mitteleuropa dominiert *S. sonnei*.

Die Übertragung erfolgt hauptsächlich über Kontakt von Mensch zu Mensch, aber auch über verunreinigtes Trinkwasser und verunreinigte Lebensmittel. Auch sexuelle Übertragungen über oro-anale Kontakte sind möglich.

**Tab. 6.51.1:**  
Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	8	2%	1	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	419	90%	436	90%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	16	3%	13	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	25	5%	33	7%
alle	468	100%	483	100%
Referenzdefinition (B+C)	427	91%	437	90%

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.51.1).

### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden insgesamt 437 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen bleibt damit etwa auf dem Niveau des Vorjahres (427 Erkrankungen). Im zeitlichen Verlauf ist seit 2001 insgesamt eine deutliche Abnahme der Fallzahlen zu beobachten (s. Abb. 6.51.1).

### Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 0,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2016: 0,5) und war damit niedriger als der Median der 5 Vorjahre (0,7).

In den meisten Bundesländern wurden 2017 niedrigere Shigellose-Inzidenzen als in den 5 Vorjahren beobachtet. In Hamburg, Thüringen, Brandenburg, Schleswig-Holstein und Mecklenburg-Vorpommern war die Inzidenz 2017 höher als der Median der 5 Vorjahre. Im Saarland war die Inzidenz unverändert (s. Abb. 6.51.2). Die höchsten Inzidenzen wurden im Jahr 2017, wie bereits zu-

**Abb. 6.51.1:**  
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017

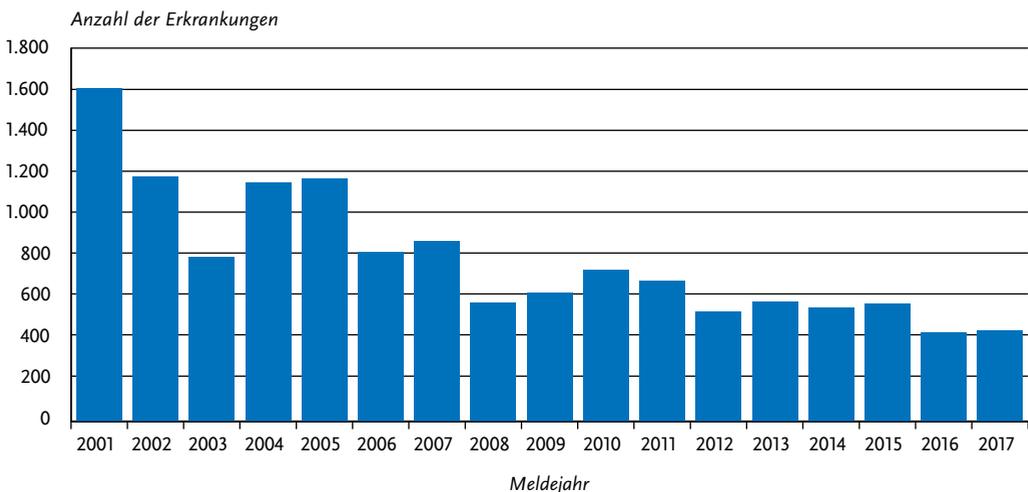
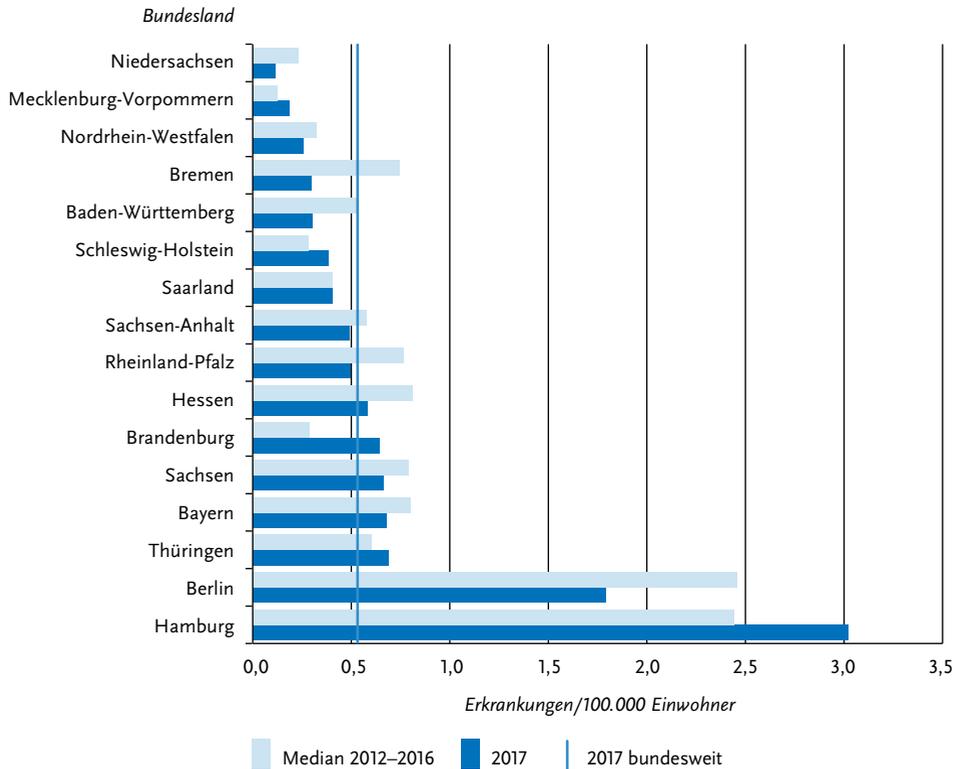


Abb. 6.51.2:  
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=437) im Vergleich mit den Vorjahren



vor, in Hamburg und Berlin (3,0 und 1,8 Erkr./100.000 Einw.) registriert. Zudem lagen die Shigellose-Inzidenzen auch in Thüringen, Bayern, Sachsen, Brandenburg und Hessen über dem bundesweiten Median.

Bei 364 Erkrankungen (83 %) lagen insgesamt 375 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 121 Nennungen (32 %) wurde Deutschland am häufigsten als Infektionsland angegeben. Es folgten Ägypten (12 %), Indien (7 %), Marokko und Mexiko (jeweils 3 %) (s. Tab. 6.51.2).

### Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Shigellosen zeigte jeweils einen Gipfel bei Kindern und jungen Erwachsenen. Bei Kindern lag die höchste Inzidenz bei den unter 5-Jährigen (0,6 Erkr./100.000 Einw., n=21).

Bei Erwachsenen wurden die höchsten Inzidenzen bei den 20- bis 39-Jährigen registriert (0,9 Erkr./100.000 Einw., n=189).

Insgesamt waren mehr männliche (55 %) als weibliche Personen (45 %) betroffen. In der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen war die Inzidenz bei Männern deutlich höher (1,1 Erkr./100.000 Einw.) als bei Frauen (0,7) (s. Abb. 6.51.3).

### Nachgewiesene Erreger

Bei 376 Erkrankungen (86 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um Infektionen mit *S. sonnei* (71 %), *S. flexneri* (23 %), *S. boydii* (5 %) und *S. dysenteriae* (2 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* (2016: 68 %) und *S. boydii* (2016: 3 %) leicht zugenommen, während der Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* leicht (2016: 26 %) ab-

Tab. 6.51.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2017 (Mehrfachnennungen möglich, 364 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	121	32 %
Ägypten	45	12 %
Indien	25	7 %
Marokko	13	3 %
Mexiko	13	3 %
Spanien	10	3 %
Tansania	7	2 %
Kenia	7	2 %
Indonesien	6	2 %
Äthiopien	6	2 %
Peru	6	2 %
Andere	116	31 %
<b>Summe</b>	<b>375</b>	<b>100 %</b>

genommen hat. Der Anteil an *S. dysenteriae*-Infektionen (2016: 2 %) blieb in etwa gleich.

### Klinische Aspekte

Für 437 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (99 %) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (70 %), Fieber (43 %) und Erbrechen (16 %). Im Jahr 2017 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

### Ausbrüche

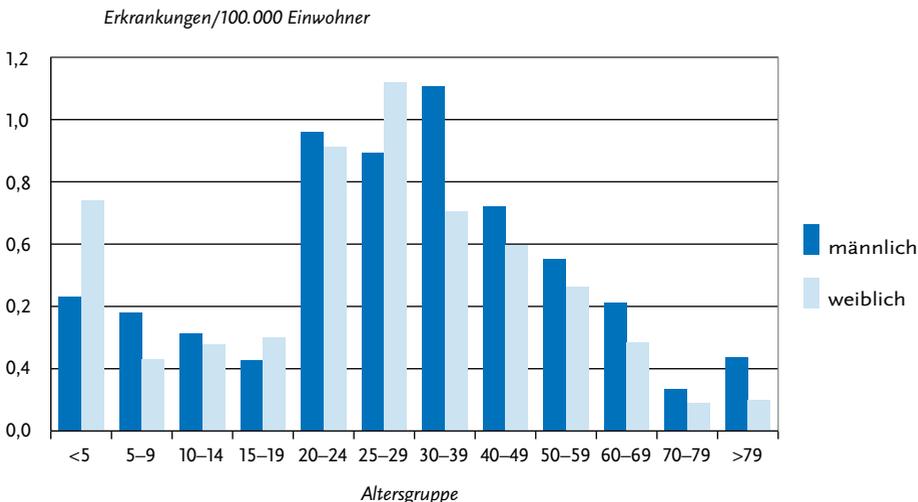
Es wurden 8 Ausbrüche mit insgesamt 19 Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr hat sowohl die Anzahl der Ausbrüche (2016: 11) als auch die Anzahl der davon betroffenen Erkrankungen (2016: 31) abgenommen. Drei Ausbrüche betrafen 3 Erkrankte, die übrigen 5 Ausbrüche jeweils 2.

### Datenqualität

Durch die Meldepflicht werden nur Shigellosen erfasst, die in Deutschland labordiagnostisch nachgewiesen wurden. Entsprechend werden Infektionen, die von Reisenden aus Deutschland im Ausland erworben und dort noch vor der Rückkehr erfolgreich behandelt wurden, in der Regel nicht erfasst.

Abb. 6.51.3:

Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=434)



**Fazit**

Die Anzahl der Shigellose-Erkrankungen lag etwa auf dem Niveau des Vorjahres, in den Jahren zuvor war ein abnehmender Trend verzeichnet worden.

**Literaturhinweise**

Njamkepo E, Fawal N, Tran-Dien A, et al.: *Global phylogeography and evolutionary history of Shigella dysenteriae type 1*. *Nature Microbiology* 2016;1:16027.  
 RKI: *Reiseassoziierte Krankheiten* 2015. *Epid Bull* 2016; 39:431-444.  
*RKI-Ratgeber für Ärzte* (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

**6.52 Syphilis**

- ▶ Fälle 2017: 7.476
- ▶ Seit 2010 deutlicher Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- ▶ 93% der Erkrankungen wurden in Deutschland erworben.
- ▶ Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben

**Kurzbeschreibung**

Die Syphilis ist eine bakterielle, durch die Spirochätenart *Treponema pallidum* verursachte Erkrankung, die nur beim Menschen vorkommt und sexuell, durch Blut und intrauterin von der Mutter auf das Kind übertragbar ist. Sie verläuft typischerweise in drei Stadien: ein so genannter Primäraffekt (ein meist schmerzloses Geschwür an der Eintrittsstelle) bildet sich wenige Tage bis Wochen nach der Infektion, im Sekundärstadium macht sich die Erkrankung durch Allgemeinsymptome und Hauterscheinungen bemerkbar und im Tertiärstadium (Jahre nach der Erstinfektion) kann es zur Schädigung des Gehirns und der Blutgefäße kommen.

Symptomfreie Phasen werden als Latenz bezeichnet. In Abhängigkeit von der seit der Infektion vergangenen Zeitspanne wird zwischen Früh- (bis etwa ein Jahr nach der Infektion) und

Spätlatenz unterschieden. Infektiös sind Personen im Primär- und Sekundärstadium sowie während der Frühlatenz. Die Infektion kann durch Antibiotika geheilt werden; wiederholte Infektionen sind möglich.

**Fallkriterien**

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG werden Nachweise von *Treponema pallidum* direkt an das RKI gemeldet. Die eingegangenen Meldungen werden nach Fallkriterien bewertet. Alle Fälle sind labordiagnostisch bestätigt, es liegen aber nicht zwingend Angaben zur klinischen Symptomatik vor. Folgende Meldungen werden ausgeschlossen: Serumnarben (mit zum Teil noch hohen Resttitern), vermutete Doppelmeldungen und vermutete Fälle von nicht ausreichend therapierter Syphilis (*Syphilis non satis curata*).

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Meldungen, die die Fallkriterien erfüllen.

Die Syphilis-Meldungen werden seit 2017 mit Hilfe eines Algorithmus geprüft und die Meldungen, die sich wahrscheinlich auf den gleichen Fall beziehen, automatisiert zu einem Fall zusammengeführt. Die Regeln des Algorithmus beruhen auf den auch bisher für das Verfahren angewandten Regeln, die wiederum auf den S2k-Leitlinien zur Diagnostik und Therapie der Syphilis beruhen. Für die im Folgenden berichteten Daten wurde wie bereits für das Infektionsepidemiologische Jahrbuch 2017 der Algorithmus einheitlich auf alle seit Einführung des IfSG eingegangenen Syphilis-Meldungen angewandt. Damit ergeben sich im Vergleich zu früheren Publikationen auch für die Vorjahre Veränderungen in der Anzahl und den Charakteristika der berichteten Fälle.

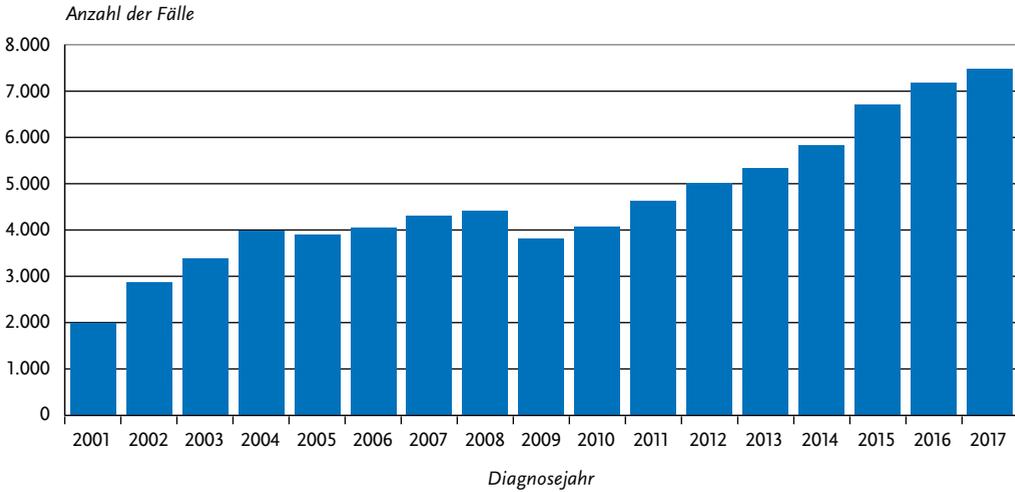
**Zeitlicher Verlauf**

Im Jahr 2017 wurden dem RKI 7.476 Syphilis-Fälle gemeldet, 298 (4,2%) mehr als im Vorjahr. Damit setzt sich der seit 2010 beobachtbare Anstieg der Fallzahlen weiter fort, wenn auch nicht in gleichem Umfang wie in den 3 Vorjahren (s. Abb. 6.52.1).

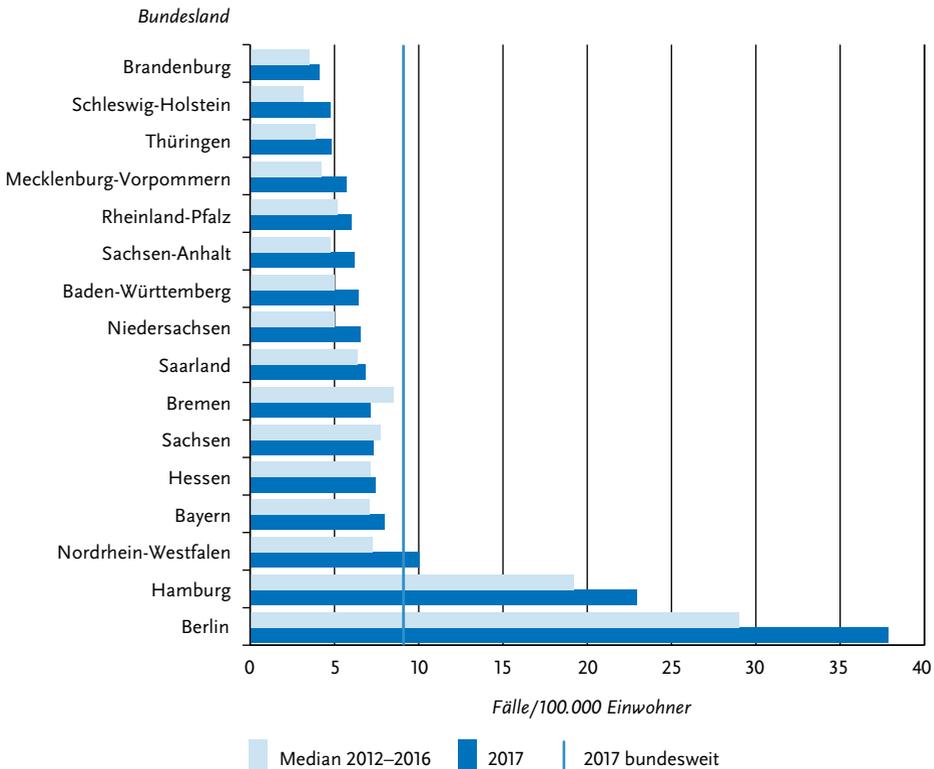
**Geografische Verteilung**

Bundesweit lag die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2017 mit 9,1 Fällen pro 100.000 Einwohner deutlich über dem Median der 5 Vorjahre (7,2). Ein solcher, zum Teil deutlicher Anstieg war in 14 Bundeslän-

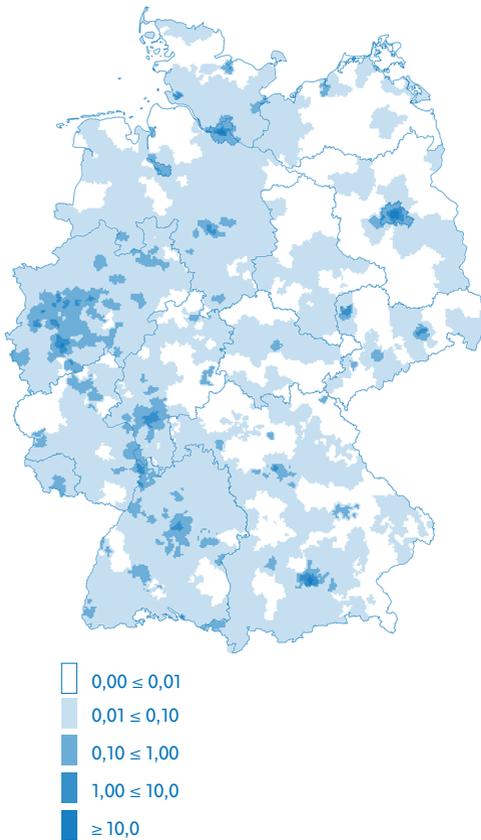
**Abb. 6.52.1:**  
**Gemeldete Syphilis-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2017**



**Abb. 6.52.2:**  
**Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=7.476) im Vergleich mit den Vorjahren**



**Abb. 6.52.3:**  
**Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach**  
**Postleitzbereich (geglättet), Deutschland, 2017 (n=7.476)**



dern zu beobachten, mit Ausnahme von Bremen und Sachsen. Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (38) und Hamburg (23) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz auch in Nordrhein-Westfalen (10). Am niedrigsten lagen die Inzidenzen in Schleswig-Holstein (4,8), Thüringen (4,8) und Brandenburg (4,1; s. Abb. 6.52.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von über 20 Fällen/100.000 Einw. waren außer in Berlin und Hamburg noch in den Städten Köln (39), München (35), Trier (25), Frankfurt (24), Mannheim (24), Düsseldorf (21) und Stuttgart (21) zu verzeichnen (s. Abb. 6.52.3).

Für 5.389 Fälle (72 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die

meisten Nennungen (5.047; 93 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (35 Nennungen), Thailand (34), Rumänien und Brasilien (je 28), Polen (14), Italien (13), die Niederlande und die USA (je 12) sowie die Schweiz (11).

### Demografische Verteilung

Der Anteil der Frauen an den Syphilis-Fällen lag bei 6,4 % und blieb somit im Vergleich zum Vorjahr (6,3 %) annähernd stabil. Die absolute Anzahl von Syphilis-Fällen unter den Frauen stieg damit im Vergleich zum Vorjahr um 6,6 % auf 480. Die Anzahl der Fälle unter den Männern (6.994) stieg um 4,2 %. Mit 17 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,2). Die höchste Inzidenz (38) wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen (32) und der 40- bis 49-Jährigen (31) waren ähnlich stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen die höchste Inzidenz (3,5) auf, gefolgt von den 25- bis 29-Jährigen und den 30- bis 39-Jährigen (je 2,8) (s. Abb. 6.52.4).

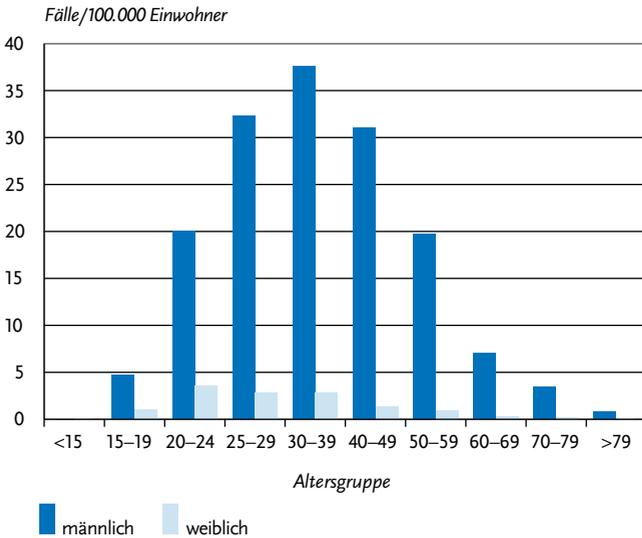
### Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 77 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Fälle, die wahrscheinlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) übertragen wurden, 82 % aus und lag damit etwa auf dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 16 %.

Bei MSM stieg die Anzahl der Fälle gegenüber 2016 in 9 Bundesländern in unterschiedlichem Ausmaß weiter an. Die Fallzahlen unter MSM stiegen prozentual besonders stark in Rheinland-Pfalz (24 %), Niedersachsen (20 %), Hamburg (17 %), Bayern, Schleswig-Holstein sowie Bremen (je 15 %) an.

Im Vergleich zum Vorjahr fiel die Anzahl von Fällen, bei denen Prostitutionskontakte als wahrscheinliche Infektionsquelle angegeben wurden (n=115), im Vergleich zum Vorjahr um 11 %. Die Zahl der Fälle, die wahrscheinlich im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden (n=79), stieg um 25 %. Insgesamt handelte es sich um kleine Fallzahlen, bei denen Angaben im Kontext der Prostitution gemacht wurden.

**Abb. 6.52.4:**  
**Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=7.465)**



Die Zahl der bei Neugeborenen bzw. Kindern diagnostizierten Fälle von konnataler Syphilis lag in den Jahren 2001 bis 2005 zwischen 5 und 6 Fällen pro Jahr. In den Jahren 2006 bis 2016 wurden jeweils zwischen ein und 5 Fälle konnataler Syphilis bei Neugeborenen gemeldet. Im Jahr 2017 waren es 3 Fälle.

Bei einem Drittel der Fälle aus dem Jahr 2017 wurde eine HIV-Koinfektion angegeben (33%). Dieser Anteil war bei Fällen mit wahrscheinlichem Infektionsweg MSM mit 48% deutlich höher als bei Fällen mit wahrscheinlich heterosexuellem Infektionsweg (7,0%).

**Datenqualität**

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, stieg von 9.065 im Jahr 2016 auf 9.359 im Jahr 2017 an. Das Verhältnis von Erstmeldungen zu fallidenischen Meldungen blieb dabei seit dem Jahr 2011 annähernd stabil.

Die entsprechende Entscheidung und Zuordnung war angesichts des Fehlens einer eindeutigen fallbezogenen Kodierung schwierig und wird auf Grundlage des oben genannten Algorithmus getroffen, der auf Basis soziodemografischer, la-

bordiagnostischer und klinischer Merkmale die eingehenden Meldungen dahingehend prüft, ob sie sich auf einen bereits gemeldeten Fall beziehen.

**Fazit**

Der seit 2010 beobachtete Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland setzte sich auch im Jahr 2017 weiter fort. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf, auch hier zum Teil mit deutlichen Anstiegen gegenüber dem Vorjahr. Diese Anstiege waren im Jahr 2017, wie in den Vorjahren, fast ausschließlich auf Infektionen bei MSM zurückzuführen.

Die aktuelle epidemiologische Lage der Syphilis in Deutschland ähnelt der Situation in anderen westeuropäischen Staaten. Auch hier kam es zu andauernden Anstiegen von Syphilis-Fällen in den letzten Jahren, mit MSM als hauptbetroffene Gruppe.

Das Syphilis-Screening im Rahmen der Schwangerschafts-Vorsorgeuntersuchungen ist in Deutschland von hoher Wirksamkeit zur Vermeidung konnataler Syphilis-Fälle: im Jahr 2017 wurden nur 3 solcher Fälle gemeldet.

Der anhaltende Anstieg der gemeldeten Syphilis-Infektionen zeigt, wie wichtig eine frühzeitige Diagnose und Behandlung von Syphilis-Infektionen ist, um Infektionsketten möglichst frühzeitig zu unterbrechen. Das Bewusstsein für Syphilis sollte daher sowohl beim ärztlichen Personal als auch bei den betroffenen Gruppen gestärkt werden. Laut Leitlinien der STI-Fachgesellschaft sollte MSM in Abhängigkeit von der Anzahl der Sexualpartner ein regelmäßiges Screening auf Syphilis, aber auch andere STI wie Chlamydien, Gonorrhö, Hepatitis C und HIV alle 3 bis 12 Monate angeboten werden.

### Literaturhinweise

- Bremer V, Dudareva-Vizule S, Buder S, an der Heiden M, Jansen K: *Sexuell übertragbare Infektionen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:948-957.
- ECDC (2017): *Syphilis—annual epidemiological report for 2015*. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/syphilis-annual-epidemiological-report-2015>
- Meyer T, Schüttler C, Straube E, et al.: *Schnelltest-Diagnostik sexuell übertragbarer Infektionen in niedrighschwelligen Einrichtungen*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:245-254.
- Jansen K, Schmidt AJ, Drewes J, Bremer V, Marcus U: *Increased incidence of syphilis in men who have sex with men and risk management strategies, Germany, 2015*. Euro Surveill 2016. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.43.30382>
- Deutsche STI-Gesellschaft (2014): *Szk-Leitlinie: Diagnostik und Therapie der Syphilis*. AWMF-Leitlinie 059/002. [www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html](http://www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html)
- RKI-Ratgeber (2007). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.53 Tollwut

### Kurzbeschreibung

Die Tollwut wird durch neurotrope Viren der Familie der Rhabdoviren, Genus Lyssaviren, verursacht. Innerhalb des Genus Lyssaviren existieren verschiedene Virusspezies, die typischerweise durch den Speichel infizierter Tiere übertragen werden, z. B. das Rabiesvirus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt dabei durch einen Biss oder durch Verunreinigung von Wunden oder Hautabschürfungen. Tollwut kann – auch noch nach der Übertragung – durch Impfung verhindert werden, verläuft aber in der Regel tödlich, sobald typische Krankheitszeichen (z. B. Lähmun-

gen, Krämpfe, Lichtscheu und Abneigung gegen Wasser) aufgetreten sind.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurde dem RKI keine Erkrankung an Tollwut übermittelt.

In Deutschland sind seit dem Jahr 2001 insgesamt 6 Tollwuterkrankungen übermittelt worden. Zuletzt verstarb im Jahr 2007 ein 55-jähriger Mann an Tollwut, nachdem er von einem streunenden Hund in Marokko gebissen worden war. Im Jahr 2005 wurden insgesamt 4 miteinander in Zusammenhang stehende Erkrankungen an Tollwut übermittelt. Betroffen waren eine 26-jährige Frau, die sich in Indien aufgehalten hatte und nach deren Hirntod Organe zur Transplantation entnommen worden waren, da zu diesem Zeitpunkt noch kein Anhalt für eine Tollwuterkrankung vorgelegen hatte, sowie 3 ihrer Organempfänger. Im Jahr 2004 erkrankte und verstarb ein 51-jähriger Mann, der sich mit hoher Wahrscheinlichkeit in Indien infiziert hatte.

### Literaturhinweise

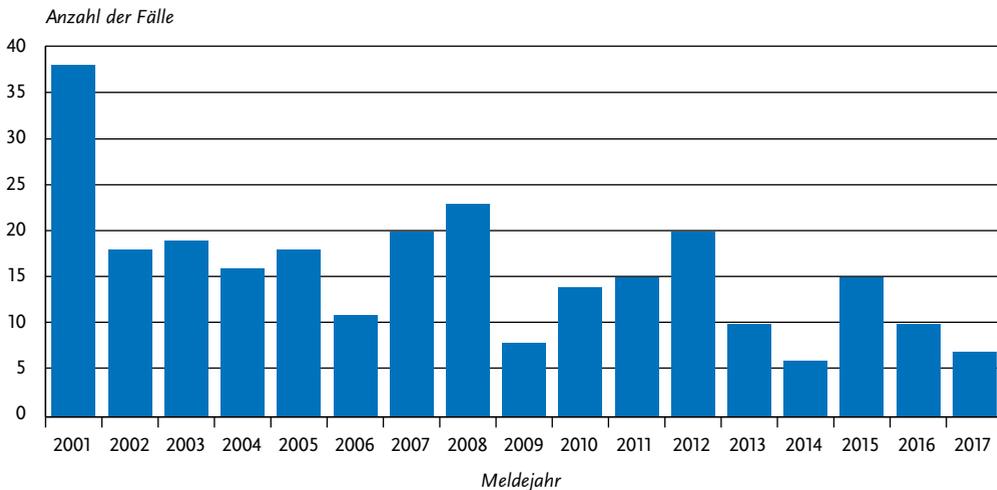
- WHO: *Rabies fact sheet*. [www.who.int/mediacentre/factsheets/fs099/en](http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs099/en)
- WHO: *Expert Consultation on Rabies, Second report*. World Health Organ Tech Rep 2013; <http://apps.who.int/iris/handle/10665/85346>
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333-380.
- RKI: *Tollwut in Deutschland: Gelöstes Problem oder versteckte Gefahr?* Epid Bull 2011; 8:57-61.
- RKI: *Zur diagnostischen Sicherung von Tollwuterkrankungen beim Menschen*. Epid Bull 2005; 13:114-115.
- RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.54 Toxoplasmose, konnatale Infektion

### Kurzbeschreibung

Die Toxoplasmose wird durch den Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen. Die Übertragung kann durch ungenügend gegartes kontaminiertes Fleisch oder den Umgang mit infizierten Katzen erfolgen. Beim gesunden Erwachsenen verläuft die Infektion in der Regel ohne Symptome, jedoch kann eine erstmalige Infektion in der Schwangerschaft zu schweren Schädigungen (z. B. der Augen

**Abb. 6.54.1:**  
**Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Diagnosejahr, Deutschland, 2001 bis 2017**



oder des Gehirns) beim Ungeborenen führen, die zum Teil erst nach Jahren in Erscheinung treten.

Alle Fälle, für die ein direkter Erregernachweis oder ein Nachweis spezifischer IgM- bzw. IgA-Antikörper vorliegt, werden – soweit es sich um Neugeborene oder Säuglinge handelt – als konnatale Toxoplasmose gewertet. Für eine konnatale Infektion sprechen auch die mittels vergleichendem Immunoblot (parallele Testung von mütterlichem und kindlichem Serum) nachgewiesenen IgG-Antikörper des Neugeborenen oder die Persistenz oder Konzentrationserhöhung von IgG-Serumantikörpern im postnatalen Verlauf.

#### **Situation in Deutschland**

Für das Jahr 2017 wurden dem RKI 7 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.54.1). Die Meldungen kamen aus 5 Bundesländern. Drei Fälle wurden aus Niedersachsen gemeldet und je 1 Fall aus Thüringen, Rheinland-Pfalz, Baden-Württemberg und Bayern. Es waren 4 Jungen und 3 Mädchen betroffen. Für 5 Fälle wurde ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben, dies war für alle Deutschland.

#### **Datenqualität**

Es ist von einer sehr hohen Untererfassung der konnatalen Toxoplasmose durch das Meldesystem auszugehen. Die Anzahl der gemeldeten Diagnosen ist von der Durchführung einer erregerspezifischen Diagnostik abhängig. Darüber hinaus ist bei der Bewertung der gemeldeten Angaben zu berücksichtigen, dass mögliche später auftretende Symptome bei bekannten Fällen über die Meldungen gemäß § 7 Abs. 3 IfSG nicht erfasst werden können, da diese nichtnamentlich an das RKI erfolgen und somit Ergänzungen nicht nachgemeldet werden können.

#### **Literaturhinweise**

- Wilking H, Thamm M, Stark K, Aebischer T, Seeber F: Prevalence, incidence estimations, and risk factors of *Toxoplasma gondii* infection in Germany: a representative, cross-sectional, serological study. *Sci Rep* 2016;6:22551.  
 RKI-Ratgeber (2018). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.55 Trichinellose

### Kurzbeschreibung

Die Trichinellose (oder Trichinose) wird durch einen Nematoden (Fadenwurm) der Spezies *Trichinella* hervorgerufen. Der Mensch infiziert sich durch den Verzehr von nicht ausreichend durcherhitztem kontaminierten Fleisch, insbesondere vom Wildschwein oder Schwein. Die aufgenommenen Larven werden im Darm freigesetzt und wandern bevorzugt in Muskelzellen, wo sie sich verkapseln. Das kann zunächst mit Bauchbeschwerden, später mit Muskelschmerzen und Schwellungen im Augenbereich einhergehen. Aufgrund der weitverbreiteten modernen Haltungsformen in der Schweinemast und der im Rahmen der amtlichen Fleischuntersuchung durchgeführten Trichinenuntersuchungen tritt die Erkrankung in Deutschland selten auf.

### Situation in Deutschland

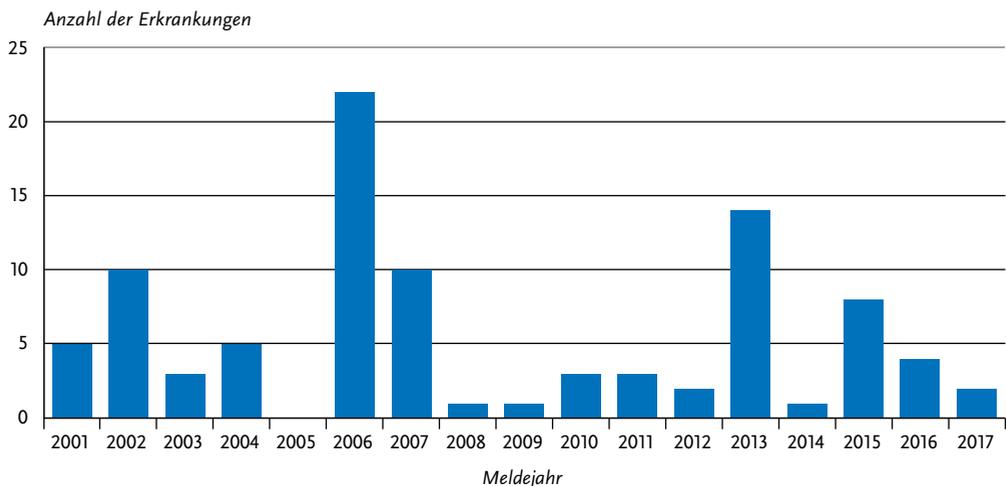
Im Jahr 2017 wurden 2 Trichinellosen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.55.1). Betroffen waren 2 Frauen im Alter von 16 und 63 Jahren. Für eine der Erkrankungen wurde als wahrscheinliches Infektionsland Äthiopien übermittelt. Für die andere Erkrankung konnte kein wahrscheinliches Infektionsland bzw. keine Infektionsquelle ermittelt werden.

### Literaturhinweise

- Faber M, Schink S, Mayer-Scholl A, et al.: *Outbreak of trichinellosis due to wild boar meat and evaluation of the effectiveness of post exposure prophylaxis, Germany, 2013*. Clin Infect Dis 2015; 60: e98-e104.
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431-444.
- RKI-Ratgeber (2013). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

Abb. 6.55.1:

Übermittelte Trichinellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



## 6.56 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: **5.486**
- ▶ Nach deutlichem Anstieg im Jahr 2015 und nahezu identischen Zahlen 2016, sind die Tuberkulose-Fallzahlen im Jahr 2017 wieder leicht rückläufig.
- ▶ Drei Viertel der Erkrankungen traten als Lungentuberkulose auf, davon 81% als offene Form der Lungentuberkulose, 54% der offenen Lungentuberkulosen waren mikroskopisch positiv und damit besonders infektiös.
- ▶ Zwei Häufigkeitsgipfel: Einer im Alter zwischen 15 und 39 Jahren, ein weiterer – kleinerer – bei den über 79-Jährigen.
- ▶ Der Anteil erfolgreicher Behandlungen lag 2016 bei 81% und blieb damit unter dem WHO-Ziel (90%).

### Kurzbeschreibung

Als Tuberkulose werden Erkrankungen bezeichnet, die durch Erreger des *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplexes hervorgerufen werden. Im *Mycobacterium-tuberculosis*-Komplex werden *Mycobacterium tuberculosis*, *M. africanum*, *M. bovis*, *M. microti*, *M. canetti* u. a. zusammengefasst. Die Übertragung der Erreger erfolgt in der Regel aerogen von Mensch zu Mensch. Aus diesem Grund ist die frühzeitige Diagnose der Tuberkulose, im Idealfall bevor sich eine offene Lungentuberku-

lose (infektiöse Form) entwickelt sowie die rasch eingeleitete und konsequent über mindestens 6 Monate durchgeführte Kombinationstherapie zur Unterbrechung von Infektionsketten von besonderer Bedeutung.

Unbehandelt ist die Krankheit durch einen langen, schweren Verlauf gekennzeichnet, der initial häufig mit unspezifischen Symptomen wie Appetitverlust (Gewichtsabnahme), subfebrilen Temperaturen, Nachtschweiß und Husten einhergeht. In Abhängigkeit von den betroffenen Organen ist eine vielfältige Symptomatik möglich.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.56.1).

### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2017 wurden dem RKI 5.486 Tuberkulosen übermittelt. Dies entsprach einer Inzidenz von 6,7 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2016: 7,2 Erkr./100.000 Einw.). Nach dem deutlichen Anstieg im Jahr 2015 und den nahezu identischen Zahlen im Jahr 2016, sind die Erkrankungszahlen im Jahr 2017 wieder leicht rückläufig (2016: 5.949 Erkrankungen) (Abb. 6.56.1).

### Geografische Verteilung

Die Inzidenz war – mit Ausnahme von Bremen – in allen Bundesländern höher als im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.56.2). Insbesondere in den Stadtstaaten Hamburg (13 Erkr./100.000 Einw.), Berlin (12) so-

Tab. 6.56.1:

Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	1.468	24%	1.288	23%
klinisch-epidemiologisch (B)	78	1%	80	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	4.403	72%	4.118	73%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	146	2%	161	3%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	36	1%	30	1%
alle	6.131	100%	5.677	100%
<b>Referenzdefinition (A+B+C)</b>	<b>5.949</b>	<b>97%</b>	<b>5.486</b>	<b>97%</b>

Abb. 6.56.1:  
Übermittelte Tuberkulosen, Deutschland, 2001 bis 2017

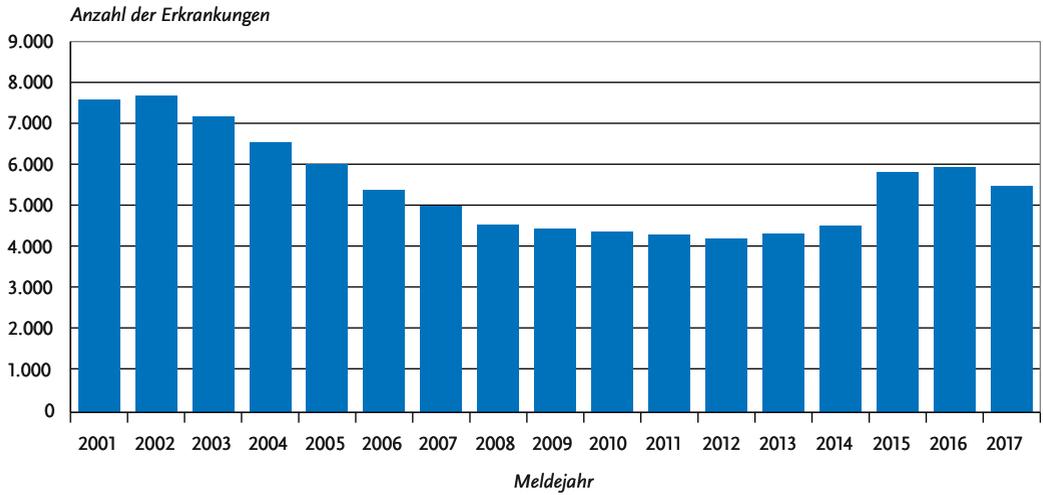
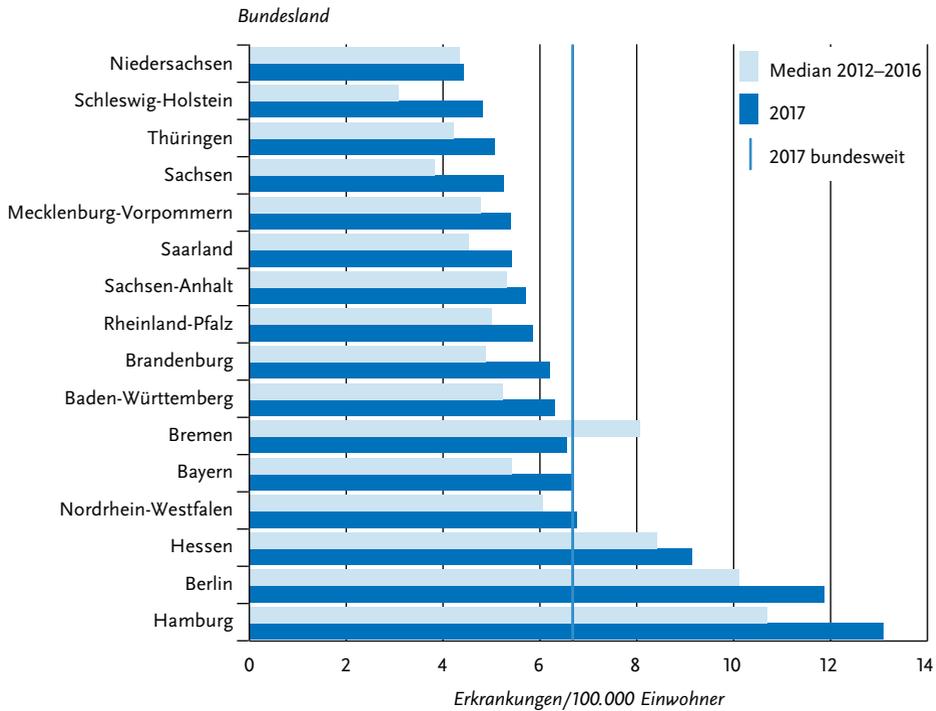


Abb. 6.56.2:  
Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=5.486)  
im Vergleich mit den Vorjahren



wie im Bundesland Hessen (9,1) lag die Inzidenz deutlich über der bundesweiten Inzidenz von 6,7. Die Länder mit den niedrigsten Inzidenzen waren Niedersachsen (4,4) und Schleswig-Holstein (4,8).

### Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 238 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (228) leicht erhöht. Jungen erkrankten etwas häufiger als Mädchen (126 gegenüber 112 Erkrankungen). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 2,2 Erkr./100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war die höchste Inzidenz mit 3,6 bei Kleinkindern unter 5 Jahren zu verzeichnen (131 Erkrankungen).

Bei den Erwachsenen fanden sich Häufigkeitsgipfel im Alter zwischen 15 und 39 Jahren, wobei die Gesamtinzidenz in der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen mit 18 Erkr./100.000 Einw. am höchsten war. Ein weiterer – wenngleich deutlich geringerer Gipfel – ließ sich bei den über 79-Jährigen beobachten. In dieser Altersgruppe lag die Inzidenz bei 7,0. Die Gesamtinzidenz bei männlichen Erkrankten betrug 9,1 und war damit mehr als doppelt so hoch wie bei den weiblichen Erkrankten (4,3). Die deutlich höhere Erkrankungshäufigkeit bei Jungen und Männern manifestierte sich ab dem 15. Lebensjahr (s. Abb. 6.56.3).

### Nachgewiesene Erreger

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *M. tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 3.385 (62%) der 5.486 Erkrankungen vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 97% (3.277 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. africanum* war bei 60 Erkrankten (1,8%) angegeben worden; *M. bovis* wurde 46-mal (1,3%), *M. microti* und *M. canetti* jeweils zweimal genannt.

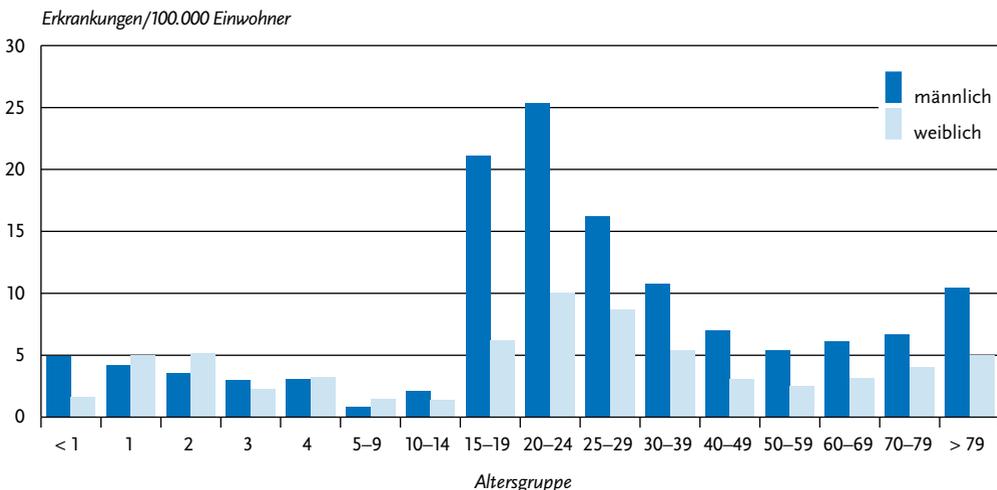
Für 778 Erkrankungen wurde lediglich die Angabe »*M. tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

Im Jahr 2017 wurden 109 Fälle von multiresistenter Tuberkulose (MDR-TB; gleichzeitige Resistenz gegenüber mindestens Isoniazid und Rifampicin) registriert.

### Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 74% (3.892 von 5.267 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose als Lungentuberkulose auf, während sich 26% der Erkrankungen (1.375 von 5.267) ausschließlich extrapulmonal manifestierten. Dabei waren die Lymphknoten mit insgesamt 14% der Erkrankungen (718 von 5.267 aller Erkrankungen) am häufigsten betroffen – extrathorakale Lymphknoten: 9,3% (512 Er-

Abb. 6.56.3: Übermittelte Tuberkulosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=5.465)



krankungen); intrathorakale Lymphknoten: 3,8 % (206 Erkrankungen). Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen Form 81 % (3.133 von 3.892 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 54 % (1.690 von 3.133 Erkrankungen) um die besonders infektiöse, mikroskopisch positive Form. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 20 % (759 von 3.892 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde in 102 von 5.353 Erkrankungen mit entsprechender Angabe übermittelt. Dies entsprach einer Letalität von 1,9 %, wobei diese bei den über 79-Jährigen mit 10 % (32 Todesfälle) am höchsten war. Eine vergleichbare Zahl von Todesfällen wurde auch in der Altersgruppe der 70–79-Jährigen verzeichnet (33 Todesfälle, Letalität 8 %). Bei Kindern und jungen Erwachsenen im Alter unter 25 Jahren wurden 3 krankheitsbedingte Todesfälle verzeichnet.

### **Ausbrüche**

Für das Jahr 2017 wurden 67 Ausbrüche mit insgesamt 193 Erkrankungen übermittelt. Es gab einen Ausbruch mit 10, einen Ausbruch mit 8 und einen Ausbruch mit 7 assoziierten übermittelten Erkrankungen. Bei den restlichen 64 Ausbrüchen (mit insgesamt 168 Erkrankungen) handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis 6 assoziierten Erkrankungen. Die Anzahl der Ausbrüche, die für das Jahr 2016 übermittelt wurden, wurde von ursprünglich 61 mit insgesamt 160 Erkrankungen (Datenstand: 01.03.2017) auf nunmehr 79 Ausbrüche mit insgesamt 223 Erkrankungen aktualisiert.

### **Behandlungsergebnis für 2016**

Die folgenden Ergebnisse gelten für das Jahr 2016. Entsprechende Daten für 2017 lagen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Von den im Jahr 2016 gemäß Referenzdefinition übermittelten 5.949 Erkrankungen wurden für 5.025 Erkrankungen (85 %) Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt (2015: 90 %; 5.231 von 5.834 Erkrankungen). Eine erfolgreiche Behandlung – d. h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 4.067 Erkrankte (81 %) übermittelt. Im Vergleich zum Jahr 2015 (4.228

Erkrankungen; 81 %) hat sich der Anteil der erfolgreich abgeschlossenen Behandlungen nicht geändert. Die Zielsetzung der WHO, die einen 90 %igen Behandlungserfolg vorsieht, wurde in Deutschland nicht erreicht. Das galt nicht für Kinder unter 15 Jahren. Hier lag der Anteil erfolgreicher Behandlungen bei 91 % (170 Erkrankungen) und damit etwas über dem entsprechenden Anteil des Vorjahres (2015: 150 Erkrankungen; 83 %).

Bei 243 Erkrankungen (4,8 %) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 218 Patienten (4,3 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 153 Erkrankungen (3,0 %), ähnlich wie im Vorjahr (2015: 166 Erkrankungen; 3,2 %), wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Bei 2 Erkrankungen (0,0 %; 2015: 5 Erkrankungen; 0,1 %) wurde ein Versagen der Behandlung übermittelt. Insgesamt 342 Patienten (6,8 %) waren vor oder während der Behandlung an Tuberkulose (119 Erkrankungen; 2,4 %), oder an anderen Ursachen (223 Erkrankungen; 4,4 %) verstorben.

### **Datenqualität**

Das Behandlungsergebnis wird nach internationaler Vereinbarung frühestens 12 Monate nach Abschluss des Meldejahres ausgewertet. Aus diesem Grund können die bundesweiten Daten für das Behandlungsergebnis jeweils erst mit einer entsprechenden zeitlichen Verzögerung publiziert werden.

Der Anteil von Fällen, die nicht die Referenzdefinition erfüllen, ist mit 3,3 % (191 Fälle) gegenüber dem Vorjahr (3,0 %, 182 Fälle) weitgehend gleich geblieben. Insgesamt bedarf es aber einer weiteren Verbesserung der Datenqualität und Vollständigkeit verschiedener Einzelparameter.

### **Fazit**

Nach dem deutlichen Anstieg im Jahr 2015 und den nahezu identischen Zahlen im Jahr 2016, ist die Anzahl der Tuberkulosen im Jahr 2017 wieder leicht rückläufig. Die gegenwärtigen Zahlen hängen u. a. mit den aktuellen Migrationsbewegungen und zusammen.

Der hohe Anteil offener, und damit infektiöser Lungentuberkulosen zeigt, dass die Tuberku-

lose in Deutschland ein relevantes Gesundheitsproblem darstellt. Aufgrund einer besonderen Anfälligkeit von Kindern, und da Erkrankungen bei Kindern als Indikator für aktuell fortbestehende Infektionsketten gelten, bedarf die Kindertuberkulose stets einer erhöhten Aufmerksamkeit. Die Datenvollständigkeit zum Behandlungsergebnis war für das Jahr 2016 geringer als im Vorjahr. Der Anteil der erfolgreich abgeschlossenen Behandlungen hat sich im Vergleich zum Jahr 2015 nicht geändert. Eine abgeschlossene Behandlung ist entscheidend für die Genesung der Patienten, für eine Vermeidung von sekundär resistenter Tuberkulose sowie für den Infektionsschutz. Alle Anstrengungen sind daher vonnöten, das Behandlungsergebnis zu verbessern und die Daten zu vervollständigen.

Um weitere Fortschritte in der Tuberkulosekontrolle zu erreichen, bedarf es einer unverzüglichen Diagnose der Tuberkulose bei erkrankten Personen sowie einer konsequenten Umsetzung der geltenden Empfehlungen zur Umgebungsuntersuchung und zur Prävention und Therapie der Tuberkulose. Wichtig ist außerdem, dass die Erfahrungen und das Wissen im Umgang mit dieser Erkrankung in Fachkreisen erhalten bleiben und durch eine entsprechende Ausbildung in Studium und Beruf gefördert werden.

## Literaturhinweise

- WHO (2017): *Global Tuberculosis Report 2017*. [www.who.int/tb/publications/global\\_report/en](http://www.who.int/tb/publications/global_report/en)
- ECDC/WHO (2018): *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2018, 2016 data*. <http://ecdc.europa.eu/sites/portal/files/documents/ecdc-tuberculosis-surveillance-monitoring-Europe-2018-19mar2018pdf>
- Kuehne A, Hauer B, Brodhun B, Haas W, Fiebig L: *Find and treat or find and lose? Tuberculosis treatment outcomes among screened newly arrived asylum seekers in Germany 2002 to 2014*. *Euro Surveill* 2018; 43. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2018.23.11.17-00042
- Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Fiebig L, Haas W: *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2016, 2017*. [www.rki.de/tb-berichte](http://www.rki.de/tb-berichte)
- Andrés M, Göhring-Zwacka E, Fiebig L, et al.: *Integration of molecular typing results into tuberculosis surveillance in Germany – A pilot study*. *PLoS One* 2017; 12:e0188356.
- Walker TM, Merker M, Knoblauch AM, et al.: *A cluster of multidrug-resistant Mycobacterium tuberculosis among patients arriving in Europe from the Horn of Africa: a molecular epidemiological study*. *Lancet Infect Dis* 218; 18. doi: 10.1016/S1473-3099(18)30004-5
- Hauer B, Perumal N: *Welttuberkulosestag 2018 – Tuberkulose bleibt eine Herausforderung – auch für Deutschland*. *Epid Bull* 2018; 11/12:109–111.
- Fiebig L, Hauer B, Miguel MA, Haas W: *Tuberkulosescreeing bei Asylsuchenden in Deutschland 2015*. *Epid Bull* 2017; 43:491–494.
- Stadtmüller S, Schröder J, Ehlers S: *Eine Schätzung der Prävalenz von Tuberkulose bei Asylsuchenden in Deutschland*. *Epid Bull* 2017; 43:487–491.
- RKI-Ratgeber. 2013. [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.57 Tularämie

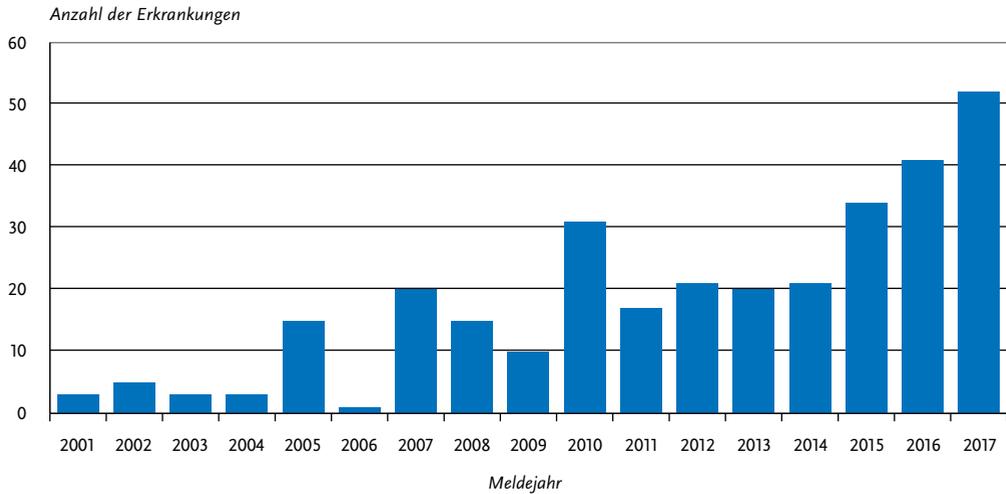
### Kurzbeschreibung

Die Tularämie, auch Hasenpest genannt, wird durch das Bakterium *Francisella tularensis* hervorgerufen. Die Infektion kann durch Haut- oder Schleimhautkontakt mit infektiösem Tiermaterial (z. B. beim Abhäuten), durch Verzehr von nicht ausreichend erhitztem kontaminierten Fleisch (Hasen), anderen Lebensmitteln oder durch Aufnahme von kontaminiertem Wasser, durch Inhalation von infektiösem Staub (aus Erde, Stroh oder Heu), Kontakt mit kontaminierten blutsaugenden Parasiten (Zecken, Mücken, Fliegen) oder beim Umgang mit den Erregern im Labor erfolgen. Das Krankheitsbild hängt unter anderem von der Eintrittspforte des Erregers ab und kann sehr verschiedenartig sein (z. B. Geschwür an der Eintrittsstelle, vergrößerte Lymphknoten, Lungenentzündung). Ohne antibiotische Behandlung kann die Sterblichkeit über 30 % betragen.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurden 52 Erkrankungen an Tularämie übermittelt, die höchste Fallzahl seit 2001 (s. Abb. 6.57.1). Die Erkrankten kamen aus 7 Bundesländern, wobei zusammen 36 Fälle (69 %) aus Baden-Württemberg und Bayern übermittelt wurden. Für 37 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für 2 Erkrankungen Österreich und für jeweils eine Erkrankung Spanien, Italien und Dänemark. Betroffen waren 36 Personen männlichen und 16 Personen weiblichen Geschlechts verschiedener Altersgruppen. Der jüngste Erkrankte war ein 3-jähriger Junge mit Kontakt zu Hasen. Der älteste Erkrankte war 88 Jahre alt und ist im Rahmen der Erkrankung verstorben, eine Infektionsquelle ließ sich nicht ermitteln.

Abb. 6.57.1:  
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



Zwei Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankten wurden übermittelt. Bei einem Ausbruch scheint der Kontakt zu Zecken ursächlich gewesen zu sein. In 2017 wurde ein Todesfall übermittelt (siehe oben).

### Literaturhinweise

- Faber M, Heuner K, Jacob D, Grunow R: *Tularemia in Germany – a re-emerging zoonosis*. Front Cell Infect Microbiol 2018; 8. doi: 10.3389/fcimb.2018.00040
- Borde JP, Zange S, Antwerpen MH, et al.: *Five cases of vector-borne Francisella tularensis holarctica infections in southwestern Germany and genetic diversity*. Ticks Tick Borne Dis 2017; 8:808-812.
- Kuehn A, Schulze C, Kutzer P, et al.: *Tularaemia seroprevalence of captured and wild animals in Germany: the fox (Vulpes vulpes) as a biological indicator*. Epidemiol Infect 2013; 141:833-840.
- RKI: *Tularämie – eine differentialdiagnostische Herausforderung*. Epid Bull 2015; 46:491-492.
- RKI-Ratgeber (2016). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.58 Typhus abdominalis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 78
- ▶ Im Vergleich zu 2016 leichter Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankungen bei Nichtgeimpften
- ▶ Höchste Inzidenz bei Erwachsenen zwischen 20 und 39 Jahren
- ▶ 5 Ausbrüche, davon ein Ausbruch mit 3 Erkrankungen im Zusammenhang mit einer Veranstaltung in Italien

### Kurzbeschreibung

Typhus abdominalis wird durch das Serovar Typhi der Bakterienart *Salmonella enterica* verursacht. Es handelt sich um eine systemische Erkrankung, die mit hohem Fieber, Kopfschmerzen und Benommenheit einhergehen kann. Einziges bekanntes Erregerreservoir ist der Mensch. Die Übertragung erfolgt vorwiegend durch verunreinigte Lebensmittel oder verunreinigtes Wasser; dagegen ist die direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der Patienten zu Dauerausschei-

**Tab. 6.58.1:**  
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	1	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	60	94%	77	90%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3	5%	8	9%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	2%	0	0%
alle	64	100%	86	100%
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>60</b>	<b>94%</b>	<b>78</b>	<b>91%</b>

dern werden. Selten kann dies auch nach einer Antibiotikabehandlung vorkommen.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.58.1).

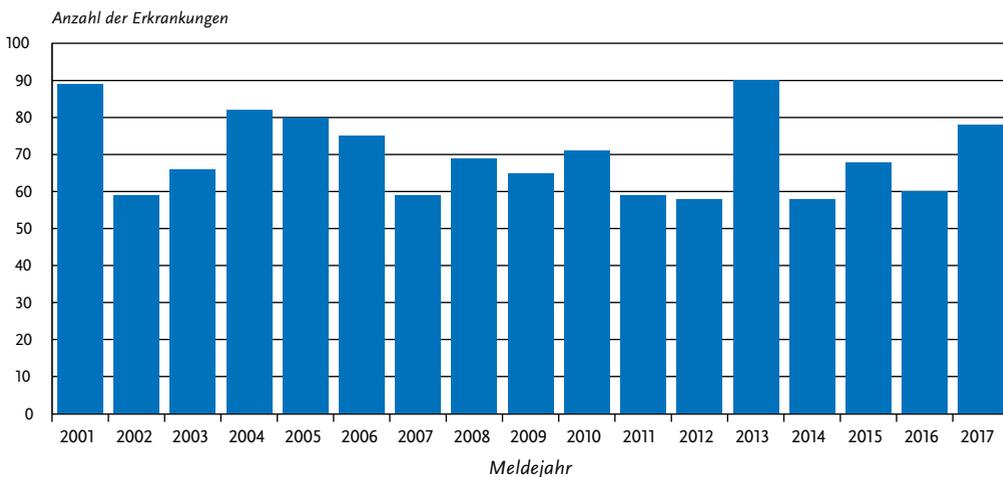
### Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2017 wurden 78 Erkrankungen übermittelt. Dies liegt etwas über dem Durchschnitt der Anzahl der jährlichen Erkrankungen seit dem Jahr 2001 (s. Abb. 6.58.1). Die höchsten Erkrankungszahlen traten in den Monaten März, April, Mai und September auf.

### Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz betrug 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Mit Ausnahme vom Saarland, von Mecklenburg-Vorpommern, Brandenburg und Thüringen wurden aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden in Hamburg, Bremen und Berlin verzeichnet. Für 77 übermittelte Erkrankungen (99%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei entfielen 66% der Nennungen auf Infektionsländer in Asien. Die 3 am häufigsten genannten wahrscheinlichen Infektionsländer waren Indien (29), Mexiko (10) und Pakistan (7).

**Abb. 6.58.1:**  
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



**Demografische Verteilung**

54 % der Erkrankungen traten bei 20- bis 39-jährigen auf. Von den Erkrankten waren 38 (49 %) männlich und 40 (51 %) weiblich.

**Klinische Aspekte**

Das am häufigsten genannte Symptom war Fieber (92 %), gefolgt von Durchfall (77 %), Bauchschmerzen (53 %), Kopfschmerzen (45 %), Husten (22 %) und Obstipation (8 %). Es wurden keine Todesfälle aufgrund von Typhus abdominalis übermittelt.

**Impfstatus**

Für 66 (85 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen waren 63 (95 %) nicht gegen Typhus geimpft. Die 3 als geimpft übermittelten Erkrankten hatten jeweils 2, 5 und 6 Jahre vor Erkrankungsbeginn Typhus-Totimpfstoff erhalten.

**Ausbrüche**

Im Jahr 2017 wurden 5 Ausbrüche von Typhus abdominalis übermittelt. Vier Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankungen traten im Zusammenhang mit Asienreisen auf. Der fünfte Ausbruch mit 3 jungen Erwachsenen war Teil eines internationalen Ausbruchsgeschehens, das im Zusammenhang mit dem Rainbow Gathering in Italien aufgetreten war.

**Fazit**

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Nichtgeimpften.

**Literaturhinweise**

ECDC (2018): *Typhoid fever outbreak linked to Rainbow gathering in Northern Italy*. <https://ecdc.europa.eu/en/news-events/typhoid-fever-outbreak-linked-rainbow-gathering-northern-italy>

Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten* 2015. *Epid Bull* 2016; 39:431-441.

RKI-Ratgeber (2015). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

**6.59 Virale Hämorrhagische Fieber**

Die an dieser Stelle bislang berichteten Fälle von Chikungunyavirus-Erkrankungen werden seit dem Jahrbuch 2017 in einem eigenen Kapitel dargestellt (siehe Kapitel 6.7).

**Lassafieber****Kurzbeschreibung**

Das Lassavirus gehört in die Familie der Arenaviren. Lassafieber kommt natürlicherweise nur in Westafrika vor, wo sich in manchen Regionen bei der Hälfte der Bevölkerung Antikörper nachweisen lassen. Das tierische Reservoir ist ein Kleinnagetier. Die Übertragung erfolgt in der Regel durch Kontakt mit infektiösen Tierausscheidungen oder Patientenblut. Die Mehrzahl der Erkrankungen verläuft relativ mild mit grippeähnlichen Symptomen. Bei jedem fünften Infizierten kommt es allerdings zu schweren Verläufen mit einer Gesamtsterblichkeit von etwa 15 %.

**Situation in Deutschland**

Zuletzt wurden 2 Lassafieber-Erkrankungen im Jahr 2016 übermittelt: ein Patient, der zur medizinischen Behandlung aus Togo eingeflogen wurde und wenige Stunden nach Ankunft verstorben war, sowie ein in Deutschland infizierter Sekundärfall, der die Erkrankung überlebt hat.

**Ebola- und Marburgfieber****Kurzbeschreibung**

Ebola- und Marburgviren bilden zusammen die Familie der Filoviren. Ebolaviren kommen in einigen zentral- und westafrikanischen Ländern vor, Marburgviren in Zentralafrika. Sie können beim Menschen zu schweren, fieberhaften Krankheitsverläufen mit Blutungen führen. Bei den bisher untersuchten Ausbrüchen lag die Sterblichkeit zwischen 30 und 90 %. Zu Beginn eines Ausbruchs erfolgen eine oder einige wenige Infektionen beim Menschen durch Kontakt zu infizierten Menschenaffen oder Fledermäusen. Die weitere Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt dann in der Regel durch Kontakt mit erregerehaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten.

### **Situation in Deutschland**

Im Jahr 2017 wurden dem RKI keine Ebola- oder Marburgfieber-Erkrankungen übermittelt.

Im Jahr 2014 wurden im Zusammenhang mit dem Ausbruch in Westafrika 3 Ebola- oder Marburgfieber-Erkrankungen übermittelt. Es handelte sich um internationales medizinisches Personal nicht-deutscher Staatsangehörigkeit, das sich in Westafrika mit dem Ebolavirus infiziert hatte und zur medizinischen Behandlung nach Deutschland evakuiert worden war.

## **Gelbfieber**

### **Kurzbeschreibung**

Das Gelbfiebervirus gehört in die Familie der Flaviviren und ist im tropischen Afrika sowie im tropischen Südamerika endemisch verbreitet. Es wird durch Mücken übertragen. Die Krankheit ist durch hohes Fieber, Muskel-, Rücken- und Kopfschmerzen gekennzeichnet. Bei schweren Verläufen kommt es zu einer Leberentzündung mit Gelbsucht, Schädigung verschiedener Organe sowie inneren und äußeren Blutungen (Hämorrhagien). Die Sterblichkeit kann dann 60 bis 70 % betragen. Es gibt eine wirksame Impfung. Zuletzt kam es 2016 in Afrika (in Angola und der Demokratischen Republik Kongo) und 2016/2017 in Südamerika (insbesondere in Brasilien) zu großen Ausbrüchen, die auch einzelne Reisende aus Europa betrafen.

### **Situation in Deutschland**

In den Jahren 2001 bis 2017 wurde dem RKI keine Gelbfieber-Erkrankung übermittelt.

## **Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber**

### **Kurzbeschreibung**

Das Krim-Kongo-Virus gehört in die Familie der Bunyaviren. Eine Infektion mit diesem Virus ruft eine Erkrankung hervor, die häufig als hämorrhagisches Fieber verläuft. Die Erkrankung ist nach kurzer Inkubationszeit von einem bis maximal 12 Tagen hauptsächlich durch hohes Fieber charakterisiert. Hämorrhagische Verläufe gehen meist mit Leberschäden einher und sind nicht selten tödlich.

*Hyalomma*-Zecken sind für das Virus zugleich Reservoir und Vektor. Eine Virusvermehrung findet in verschiedenen Wild- und Nutztieren statt. In Endemiegebieten infiziert sich der Mensch meist durch engen Kontakt zu Nutztieren und (ungenügend erhitzten) Tierprodukten. Eine Übertragung durch Zeckenstich ist ebenfalls möglich. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen betreffen vor allem medizinisches Personal mit engem Kontakt zu Erkrankten (Blut, andere Körperflüssigkeiten). Endemiegebiete umfassen Teile Afrikas und Asiens (z. B. Naher Osten, Kleinasien) sowie Regionen in Südost-Europa. Auch in Zentralspanien sind Übertragungen bekannt.

### **Situation in Deutschland**

Im Jahr 2017 wurde dem RKI keine Erkrankung an Krim-Kongo-Hämorrhagischem-Fieber übermittelt.

Zwei Krim-Kongo-Virus-Infektionen wurden im Jahr 2009 übermittelt. Ein Erkrankter war ein US-Soldat, der sich in Afghanistan infiziert hatte und verstarb; ein in der Türkei infizierter Mann überlebte.

## **Rift-Valley-Fieber**

### **Kurzbeschreibung**

Das Rift-Valley-Fieber-Virus gehört in die Familie der Bunyaviren. Die Erkrankung tritt meist in Ostafrika und im arabischen Raum auf. Das Virus ist hochpathogen für Rinder, Schafe und Ziegen und wird bei Tieren vor allem durch Mücken übertragen. Infektionen des Menschen treten meist im Zusammenhang mit Tiererepidemien auf. Beim Menschen kann das Virus außer durch Vektoren auch durch kontaminierte Aerosole oder direkten Kontakt zu infizierten Tieren sowie (ungenügend erhitzten) tierischen Lebensmitteln übertragen werden. Die Inkubationszeit beträgt 3 bis 7 Tage. Zumeist verläuft das Rift-Valley-Fieber beim Menschen als unspezifische febrile Erkrankung, begleitet von Kopf- und Muskelschmerzen. Bei etwa 10 % der Patienten kommt es zu Läsionen der Retina, was eine permanente Einschränkung des Sehvermögens zur Folge haben kann. Bei jeweils etwa 1 % der Patienten ist mit einem fulminanten, häufig tödlichen hämorrhagischen Verlauf mit Hepatitis bzw. einer schweren Enzephalitis zu rechnen.

### Situation in Deutschland

Im Jahr 2017 wurde dem RKI keine Rift-Valley-Fieber-Erkrankung übermittelt.

Zuletzt wurde im Jahr 2008 eine asymptomatische Infektion mit Rift-Valley-Fieber-Virus als Ko-Infektion zu einer letalen Hepatitis-A-Virus-Infektion übermittelt. Die Infektion wurde wahrscheinlich in Kenia erworben.

### Literaturhinweise

- Ehlfes L, George M, Samosny G, et al.: *Management of a Lassa fever outbreak, Rhineland-Palatinate, Germany, 2016*. Euro Surveill 2017. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.16-00728
- Lehmann C, Kochanek M, Abdulla D, et al.: *Control measures following a case of imported Lassa fever from Togo, North Rhine Westphalia, Germany, 2016*. Euro Surveill. 2017. Euro Surveill 2017. doi: <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00088>
- Wolff S, Schultze T, Fehling SK, et al.: *Genome sequence of Lassa virus isolated from the first domestically acquired case in Germany*. Genome Announc 2016; 4:e00938-16. doi: 10.1128/genomeA.00938-16
- RKI: *Neuerungen in den aktuellen Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2016/2017*. Epid Bull 2016; 35:341–346.
- RKI: *Lassavirus-Infektion bei weiteren Kontaktpersonen des in Köln Verstorbenen nicht bestätigt*. [www.rki.de/DE/Content/InfAZ/L/Lassa/Lassavirus-Infektion.html](http://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/L/Lassa/Lassavirus-Infektion.html)
- RKI: *Zu einer importierten Lassafieber-Erkrankung*. Epid Bull 2016; 10/11:94.
- RKI-Ratgeber (2011). [www.rki.de/ratgeber](http://www.rki.de/ratgeber)

## 6.60 Windpocken



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 22.206
- ▶ Leichter Rückgang der Fallzahlen im Vergleich zum Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter von 0 bis 9 Jahren
- ▶ Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- ▶ 1.081 Ausbrüche mit 4.579 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Windpocken (Varizellen) sind die klinische Manifestation einer exogenen Erstinfektion mit dem Varicella-Zoster-Virus (VZV). Windpocken sind

hochansteckend. Die Übertragung erfolgt durch Tröpfchen, aerogen oder durch Schmierinfektion von Hautläsionen oder (sehr selten) auch diaplazentar. Das klinische Bild ist durch einen sich ausbreitenden Ausschlag an Haut und Schleimhäuten gekennzeichnet, beginnend im Gesicht und am Rumpf, bei dem Hautläsionen in verschiedenen Stadien (Papeln, Pusteln, Bläschen, Schorf) gleichzeitig vorhanden sein können.

Das Virus verbleibt in den Nervenzellkörpern (Ganglien) und führt bei endogener Reaktivierung zu einem zweiten Krankheitsbild, der Gürtelrose (Herpes zoster).

Während Windpocken in den östlichen Bundesländern bereits gemäß Landesverordnungen meldepflichtig waren, besteht erst seit dem 29.03.2013 gemäß IfSG eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore.

### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Windpocken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Zahlen in der Tabelle 6.60.1 können von vorher veröffentlichten Zahlen abweichen, da zur besseren Unterscheidung von Windpocken und Herpes Zoster rückwirkend bis 2013 eine Neubewertung aller Fallmeldungen vorgenommen wurde, die sich am spezifischen Bild der beiden Krankheitsformen orientierte.

### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2017 wurden insgesamt 22.206 Windpocken-Erkrankungen übermittelt. Die Windpocken-Erkrankungen traten saisonal auf, mit den meisten Erkrankungen im Winter und Frühjahr und den wenigsten Erkrankungen im Sommer. Das Maximum lag in der 2. Meldewoche mit 711 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 34. Meldewoche mit 182 Erkrankungen (s. Abb. 6.60.1). Die Gesamtzahl der übermittelten Erkrankungen war niedriger als in den Vorjahren.

### Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Windpocken-Erkrankungen unterschied sich nur gering von der im Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz lag mit 27 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner leicht unter dem Median der Vorjahresinzidenzen von 28. In 3 Bundesländern (Bremen, Bayern und Schles-

**Tab. 6.6o.1:**  
Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	17.556	69 %	16.166	73 %
klinisch-epidemiologisch (B)	5.662	22 %	4.597	21 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.818	7 %	1.443	6 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	280	1 %	40	0 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	129	1 %	16	0 %
alle	25.445	100 %	22.262	100 %
<b>Referenzdefinition (A+B+C)</b>	<b>25.036</b>	<b>98 %</b>	<b>22.206</b>	<b>100 %</b>

wig-Holstein) lagen die Inzidenzen 2017 über denen der Vorjahre, in allen anderen Bundesländern lagen sie darunter. Wie in den Vorjahren bestanden zwischen den Bundesländern große Inzidenzunterschiede mit den höchsten Inzidenzen in Bremen (55), gefolgt von Berlin (44), Sachsen (41) und Bayern (40) und den niedrigsten in Mecklenburg-Vorpommern (10) und im Saarland (11). Auch die Inzidenz in Baden-Württemberg (30) lag über dem Bundesdurchschnitt. In den übrigen 9 Bun-

desländern lagen die Inzidenzen in einer Spanne zwischen 17 (Rheinland-Pfalz) und 27 (Hamburg) (s. Abb. 6.6o.2).

#### Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war in allen Altersgruppen niedriger als im Vorjahr. Die Altersverteilung der Erkrankungen glich der aus dem Vorjahr: 72 % der übermittelten Erkrankungen betrafen Kinder im Alter von 0 bis 9 Jahren. Dementspre-

**Abb. 6.6o.1:**  
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2016 bis 2017 im Vergleich mit den Vorjahren

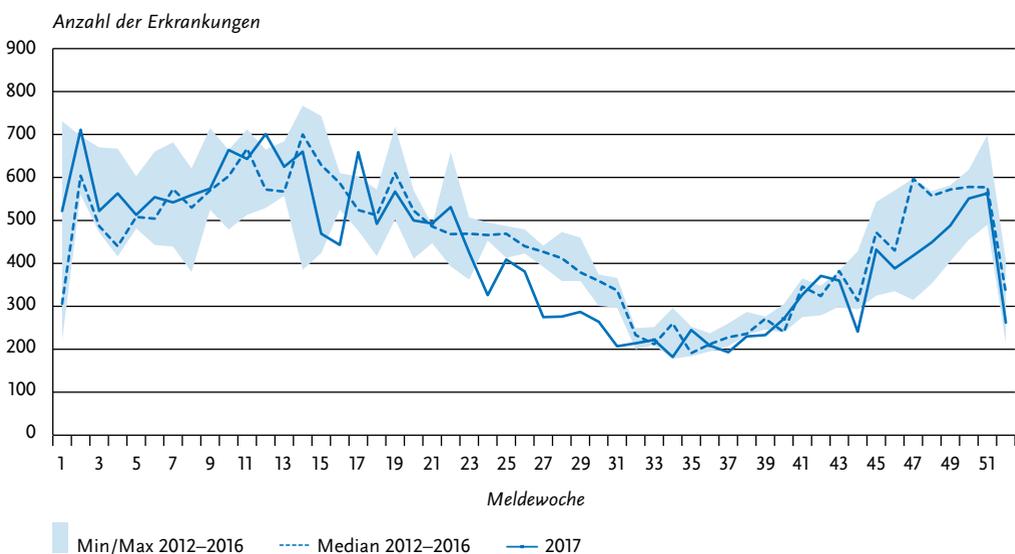
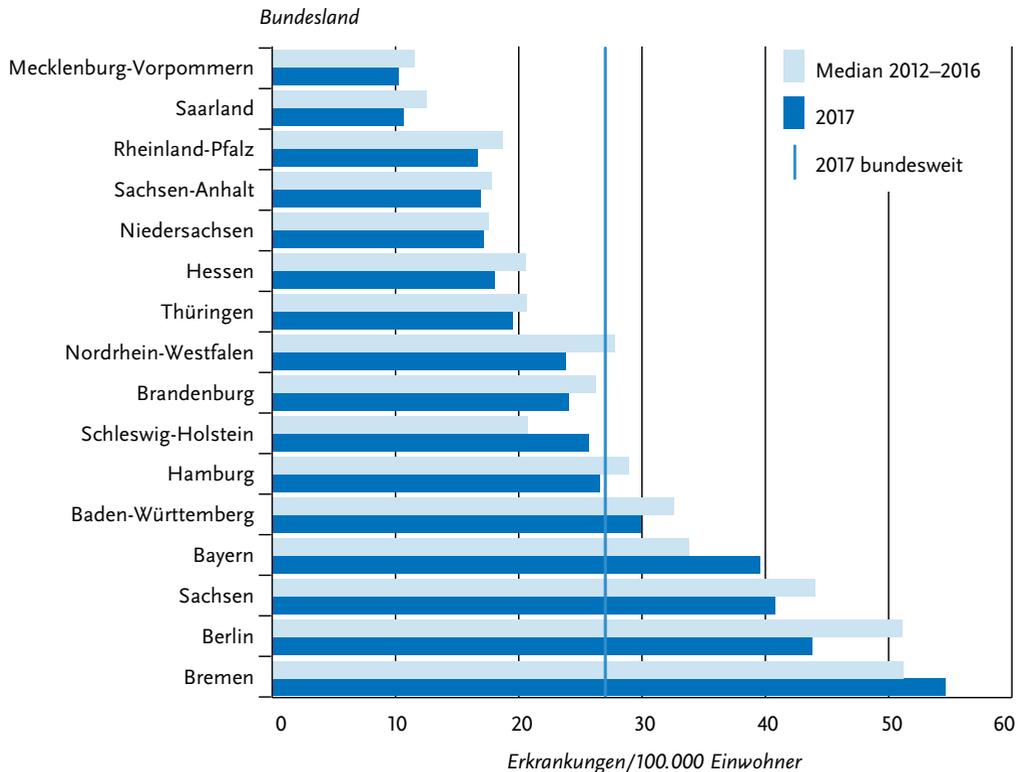


Abb. 6.6o.2:  
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=22.202)  
im Vergleich zu den Vorjahren



chend waren die altersspezifischen Inzidenzen in diesen Altersgruppen am höchsten und stiegen von 171 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im ersten Lebensjahr auf einen Gipfel von 283 im Alter von 4 Jahren an; bei den 5- bis 9-Jährigen lag die Inzidenz noch bei 228. Ab einem Alter von 10 Jahren ging die Inzidenz deutlich auf 81 bei den 10- bis 14-Jährigen und auf 19 bei den 15- bis 19-Jährigen zurück. Sie lag bei den 20- bis 39-Jährigen zwischen 6 und 7, bei den 40- bis 49-Jährigen unter 4 und ab einem Alter von 50 Jahren bei 2 und darunter. Geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede waren in allen Altersgruppen nur gering ausgeprägt, wobei die Gesamtinzidenz bei Jungen und Männern leicht über der bei Mädchen und Frauen lag (28 zu 26; Abb. 6.6o.3).

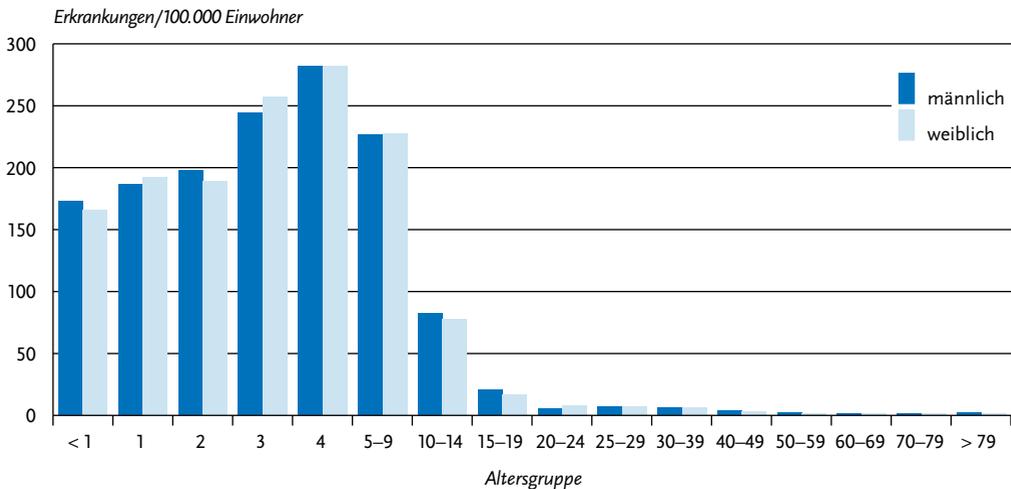
#### Klinische Aspekte

Im Jahr 2017 wurden 2 Todesfälle an Windpocken übermittelt: eine 59-Jährige und eine 82-jährige Frau verstarben an Windpocken.

#### Impfstatus

Seit 2004 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) die Impfung gegen Windpocken für alle Kinder im Alter von 11 bis 14 Monaten mit einer und seit 2009 mit einer zweiten Impfdosis im Alter von 15 bis 23 Monaten. Fehlende Impfungen können jederzeit im Kindesalter nachgeholt werden. Darüber hinaus ist die 2-malige Impfung für weitere Personengruppen empfohlen, die für Windpocken empfänglich sind und entweder selbst ein erhöhtes Risiko für Windpocken-assoziierte Komplikationen aufweisen oder als Über-

Abb. 6.6o.3:  
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=22.033)



träger der Windpocken auf solche Risikogruppen infrage kommen. Für die Impfung stehen Kombinationsimpfstoffe gegen Masern, Mumps, Röteln und Varizellen sowie monovalente Varizellen-Impfstoffe zur Verfügung. Wenn die Standardimpfung bei Kleinkindern nicht wie empfohlen zeitgleich zur Masern-Mumps-Röteln-Impfung erfolgt, ist ein Mindestabstand von 4 Wochen zu dieser einzuhalten. Der Impfschutz ist spätestens 42 Tage nach der Impfung hergestellt.

Treten Windpocken mehr als 42 Tage nach der Impfung auf, wird von einem Impfdurchbruch gesprochen. Bei Erkrankungsbeginn bis zu 42 Tage nach Impfung befanden sich die zuvor Exponierten zum Zeitpunkt der Impfung entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt zu einem an Varizellen Erkrankten und die Impfung konnte den Ausbruch der Windpocken nicht mehr verhindern oder es kam zu den sog. Impfvarizellen als direkte, aber seltene Folge der Impfung.

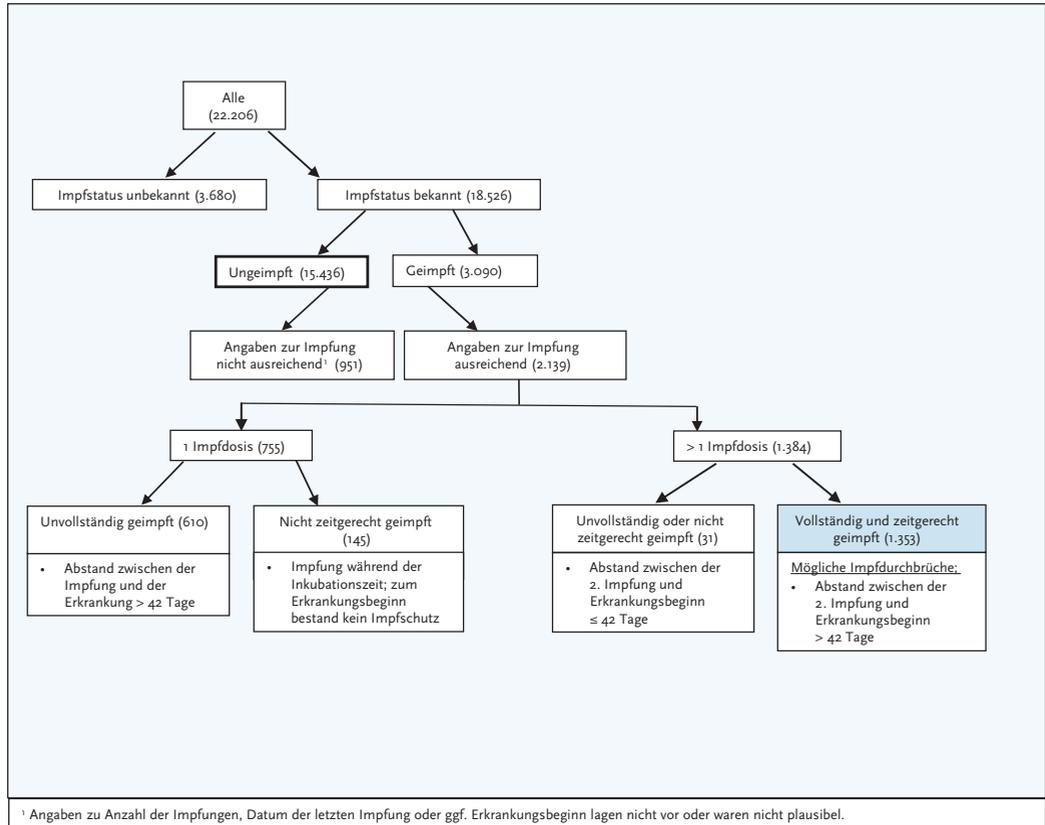
Angaben zum Impfschutz lagen bei 18.526 (83%) von 22.206 Erkrankungen vor; die meisten Erkrankten (n=15.436; 83% der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz) waren nicht geimpft. Von den 3.090 als geimpft übermittelten Erkrankten waren bei 951 (31%) die Angaben zum Impfstatus unvollständig oder nicht valide (381-mal lagen keine oder keine konsistenten Angaben

zur Anzahl der Impfungen vor; 570-mal war das Impfdatum nicht oder nicht konsistent angegeben worden), sodass für diese Erkrankten keine Einschätzung über den Impfstatus zum Zeitpunkt der Erkrankung vorgenommen werden konnte. Von den 2.139 verbleibenden Erkrankten waren 145 während der Inkubationszeit erstmalig geimpft. Für 610 Erkrankte kann ein unvollständiger Impfschutz mit nur einer Impfung zum Zeitpunkt der Infektion angenommen werden. Unvollständig geimpft waren auch 31 Erkrankte, die ihre zweite Impfung weniger als 42 Tage vor Erkrankungsbeginn erhalten hatten. Als wahrscheinliche Impfdurchbrüche müssen 1.353 Erkrankungen nach 2 zeitgerechten Impfungen eingestuft werden (Abb. 6.6o.4).

### Ausbrüche

Etwa 21% (n=4.579) der Erkrankungen waren insgesamt 1.081 Häufungen zugeordnet. Dabei gab es 245 Häufungen mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen, die zusammen 2.526 Erkrankungen umfassten. Der größte registrierte Ausbruch umfasste 40 Fälle im Alter von 10 Monaten bis 11 Jahren und ereignete sich in der kreisfreien Stadt Stuttgart im Zeitraum von Ende September 2017 bis Anfang Januar 2018. In einem Windpockenausbruch in der kreisfreien Stadt Wupper-

**Abb. 6.6o.4**  
**Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2017 (n=22.206)**



tal erkrankten zwischen Oktober 2017 und Januar 2018 eine 44-jährige Frau und 35 Kinder im Alter von 5 Monaten bis 9 Jahren. Ein Ausbruch in einem Kindergarten im Kreis Steinburg begann im Dezember 2017 und war zum Zeitpunkt der Datenerhebung (01.03.2018) noch nicht beendet. Bis dahin waren 36 Erkrankungen bei Kindern im Alter von 9 Monaten bis 12 Jahren erfasst worden.

Es gab 20 weitere Häufungen mit 20 und mehr Erkrankten. Alle Ausbrüche dauerten über mehrere Wochen bis Monate an.

**Datenqualität**

Eine genaue Abgrenzung der beiden Krankheitsformen Windpocken und Herpes Zoster, die beide durch das Varicella-Zoster-Virus hervorgerufen werden, ist schwierig und die Zuordnung wurde

aufgrund der übermittelten klinischen Kriterien berechnet.

**Fazit**

Windpocken gehören zu den meldepflichtigen Krankheiten mit großen Fallzahlen. Der leichte Inzidenzrückgang kann auf natürliche Schwankungen in der Erregerzirkulation zurückzuführen sein. Die großen Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern deuten zum einen auf eine noch unterschiedliche Umsetzung der Meldepflicht hin, sind aber auch durch regionale Ausbrüche sowie durch unterschiedliche regionale Impfquoten beeinflusst.

Die Bundesländer mit den niedrigsten Windpocken-Inzidenzen 2017 (Mecklenburg-Vorpommern und das Saarland) boten die zweit- bzw.

drithöchsten Windpocken-Impfquoten für die 1. Impfdosis zum Schuleingang 2015. Die höchsten Impfquoten wurden in Sachsen-Anhalt erzielt wo die Windpocken-Inzidenz 2017 ebenfalls weit unter dem Bundesdurchschnitt lag. Für 2 Impfdosen lag die höchste Impfquote in Mecklenburg-Vorpommern, gefolgt von Brandenburg und Sachsen-Anhalt. Umgekehrt gehörten die Bundesländer mit den niedrigsten Impfquoten (Bremen, Sachsen, Bayern, Baden-Württemberg, Berlin) zu den Bundesländern, deren Windpocken-Inzidenzen über dem Bundesdurchschnitt lagen.

Die überwiegende Anzahl der im Jahr 2017 Erkrankten war nicht geimpft und gehörte hauptsächlich zu den Altersgruppen, für die seit mehr als 10 Jahren eine Impfempfehlung besteht. Die Zahl der übermittelten Windpocken-Erkrankungen mit 2-maliger Impfung erscheint vor dem Hintergrund hoch, dass die Impfeffektivität für zwei Impfdosen bei 95 % liegt. In Laboruntersuchungen von Pustelabstrichen von Geimpften mit klinischem Bild für Windpocken waren die Proben von 2-mal Geimpften in der PCR häufiger negativ als die einmal Geimpften. Das spricht zum einen dafür, dass bei 2-mal Geimpften das klinische Bild häufig falsch positiv für Windpocken gewertet wird. Zum anderen ist das Virus bei 2-mal Geimpften offenbar nur über einen sehr kurzen Zeitraum nachweisbar, so dass auch die Übertragungswahrscheinlichkeit geringer ist. Windpocken führen häufig zu Ausbrüchen in Gemeinschaftseinrichtungen, die lang anhalten können und damit nicht nur den normalen Betrieb der Einrichtungen empfindlich beeinträchtigen, sondern es werden auch besonders vulnerable Gruppen (z. B. Säuglinge, ungeschützte Schwangere oder Personen mit geschwächtem Immunsystem), bei denen die Erkrankung in der Regel einen schweren Verlauf nimmt, einem erhöhten Risiko ausgesetzt, an Windpocken zu erkranken.

## Literaturhinweise

- Siedler A, Rieck T: *Varizellenimpfempfehlungen der Ständigen Impfkommission werden befolgt*. Monatsschr Kinderheilkd 2018. doi: 10.1007/s00112-018-0472-8
- Hecht J, Siedler A: *Die Epidemiologie der Varizellen in Deutschland unter Einfluss der Varizellen-Impfempfehlung. Auswertung der Sentinel- und Meldepflichtdaten 2002–2014*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:118–126.
- Horn J, Karch A, Damm O, et al.: *Current and future effects of varicella and herpes zoster vaccination in Germany – insights from a mathematical model in a country with universal varicella vaccination*. Hum Vaccin Immunother 2016; 12:1766–1776.
- Siedler A, Dettmann M: *Hospitalization with varicella and shingles before and after introduction of general childhood varicella vaccination in Germany*. Hum Vaccin Immunother 2014; 10:3594–3600.
- Siedler A, Rieck T, Tolksdorf K: *Strong Additional Effect of a Second Varicella Vaccine Dose in Children in Germany, 2009–2014*. J Pediatr 2016; 173:202–206.
- Siedler A, Dettmann M, Tolksdorf K, Polte C, Walter C, Ehlers B: *Laboratory investigations of vaccinated patients with varicella*. Vaccine 2015; 33:1968–1973. doi: 10.1016/j.vaccine.2015.02.057
- STIKO: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2017/2018*. Epid Bull 2017; 34:333–380.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2016*. Epid Bull 2018; 16:151–156.
- RKI: *Ergebnisse der Modellierung langfristiger epidemiologischer Auswirkungen der Varizellenimpfung in Deutschland*. Epid Bull 2016; 19:167–169.
- RKI-Ratgeber (2017). www.rki.de/ratgeber

## 6.61 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 2.586
- ▶ Deutliche Abnahme der Fallzahlen bis 2012; seit 2012 zwischen 2.500 und 2.800 Erkrankungen/Jahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren, insbesondere bei einjährigen Kindern
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede bei Kindern unter 5 Jahren zwischen den Bundesländern
- ▶ 10 Ausbrüche mit 22 Erkrankungen

### Kurzbeschreibung

Die enterale Yersiniose wird durch Bakterien der Gattung *Yersinia*, insbesondere *Y. enterocolitica*, seltener durch *Y. pseudotuberculosis*, hervorgerufen. Die Infektion kann über kontaminierte Lebensmittel vorwiegend tierischer Herkunft, kontaminiertes Trinkwasser oder in seltenen Fällen direkt über infizierte Personen erfolgen. Zum klinischen Bild gehören u. a. Durchfälle, Bauchschmerzen und Fieber. Als Folgeerkrankungen können Gelenkentzündungen (reaktive Arthritis)

**Tab. 6.61.1:**  
Übermittelte Yersiniose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2016 und 2017

Kategorie	2016		2017	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	10	0%	7	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.763	89%	2.579	90%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	75	2%	70	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	244	8%	219	8%
alle	3.092	100%	2.875	100%
<b>Referenzdefinition (B+C)</b>	<b>2.773</b>	<b>90%</b>	<b>2.586</b>	<b>90%</b>

oder Entzündungen des Unterhautfettgewebes (Erythema nodosum) auftreten.

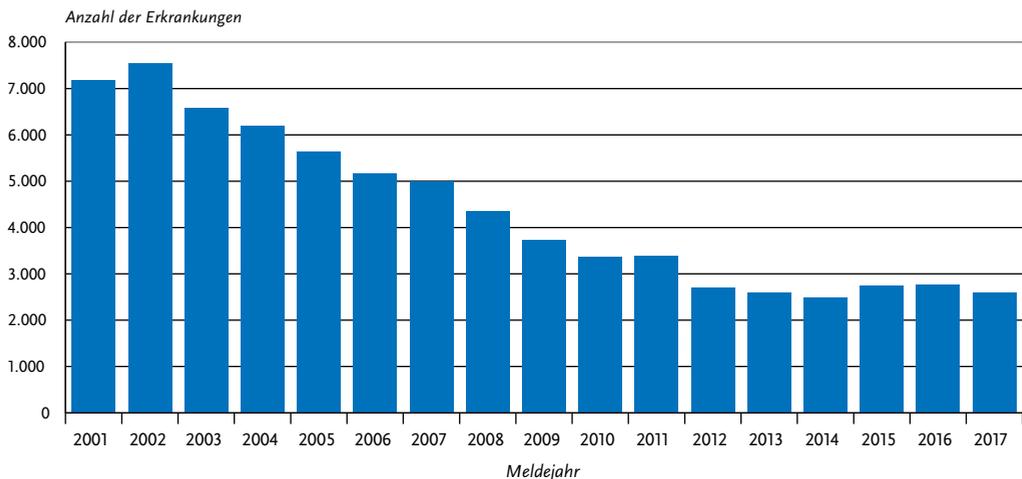
#### Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Yersiniose-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.61.1). Seit einer Änderung des Infektionsschutzgesetzes im Juli 2017 sind zusätzlich zum Nachweis von *Y. enterocolitica* auch Nachweise von anderen darmpathogenen Yersinien meldepflichtig geworden. Damit werden nun auch *Y. pseudotuberculosis*-Infektionen erfasst.

#### Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2017 wurden 2.586 Erkrankungen übermittelt (2016: 2.773). Dies entspricht einer Inzidenz von 3,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz ist im Vergleich zum Vorjahr leicht gesunken. Nach einem stetig fallenden Trend der Erkrankungszahlen seit 2002, mit Ausnahme von 2011, ist die Anzahl der jährlich übermittelten Erkrankungen seit 2012 in etwa gleich geblieben (zwischen 2.500 und 2.800 Erkrankungen) (s. Abb. 6.61.1). Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war nicht erkennbar.

**Abb. 6.61.1:**  
Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2017



**Geografische Verteilung**

In den ostdeutschen Flächenbundesländern sowie in Hamburg lag die Inzidenz im Jahr 2017 über der bundesweiten Inzidenz (3,1 Erkr./100.000 Einw.). Besonders hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thüringen (11), Sachsen (9) und Sachsen-Anhalt (9) registriert (Abb. 6.61.2). In diesen Bundesländern wurde eine besonders hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 82; Sachsen-Anhalt: 70; Sachsen: 64). In 5 Bundesländern lag die Inzidenz 2017 über dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre: Bremen (143%), Mecklenburg-Vorpommern (32%), Sachsen-Anhalt (15%), Sachsen (13%) und Hessen (2%). In den übrigen Bundesländern war im Vergleich zum Median der Vorjahre ein Rückgang zu verzeichnen. Die relative Abnahme der Erkrankungszahlen war in Schleswig-Holstein (27%), Rheinland-Pfalz (23%) und im Saarland (16%) am größten (s. Abb. 6.61.2).

Bei 1.276 Erkrankungen (49%) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 91% der Nennungen auf Deutschland und 4% auf ein anderes europäisches Land entfielen. Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Spanien (17 Nennungen), Bulgarien und Griechenland (jeweils 8) sowie Kroatien und Italien (jeweils 7). Bei den nicht-europäischen Ländern wurden Kuba (10) und Ägypten (4) am häufigsten angegeben.

**Demografische Verteilung**

Die altersspezifische Inzidenz zeigt die höchsten Werte bei Kindern unter 5 Jahren mit einem Gipfel bei den Ein- und 2-Jährigen. Die Inzidenz geht mit zunehmendem Alter zurück und verbleibt im Erwachsenenalter auf niedrigem Niveau (s. Abb. 6.61.3). Männliche Personen (56%) waren häufiger betroffen als weibliche Personen (44%) und hatten dementsprechend auch eine höhere Inzidenz (3,6 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,7).

**Abb. 6.61.2:** Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2017 (n=2.586) im Vergleich mit den Vorjahren

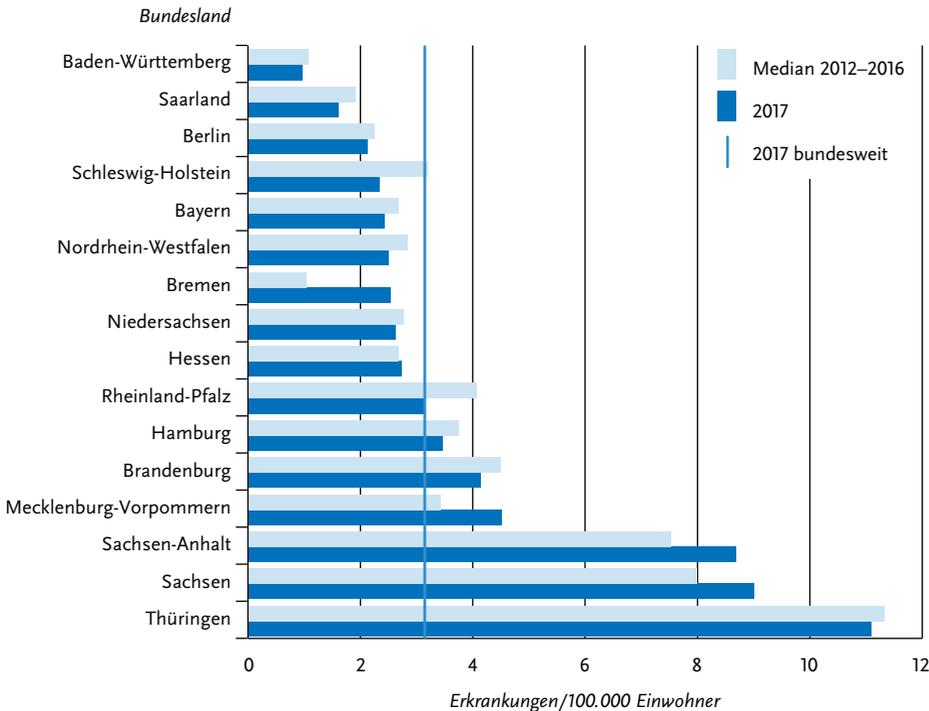
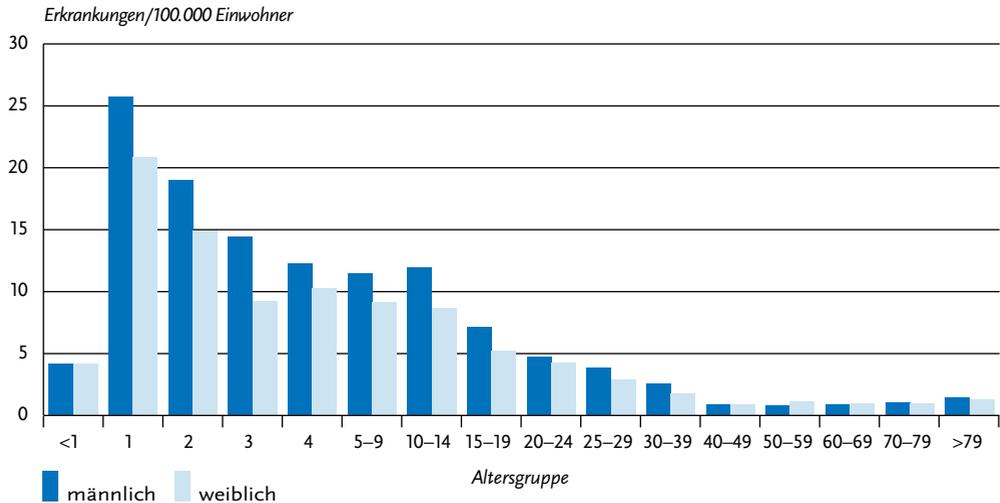


Abb. 6.61.3:  
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=2.584)



### Nachgewiesene Erreger

Für 1.913 Erkrankungen (74%) wurden die *Yersinia*-Spezies übermittelt. Bei allen Yersiniosen mit einer Angabe zur Spezies wurde *Y. enterocolitica* genannt. Bei 1.641 (86%) der Erkrankungen durch *Y. enterocolitica* mit Angaben zum Serotyp wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (10%, n=185) oder O:5,27 (2%, n=46) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erreger, wurde bei 2% der Erkrankungen nachgewiesen (n=41).

### Klinische Aspekte

Für alle 2.586 Yersiniosen wurden Symptome angegeben (5.508 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (86%), Bauchschmerzen (75%) und Fieber (32%). Im Jahr 2017 wurde kein Todesfall in Zusammenhang mit einer Yersiniose als „krankheitsbedingt verstorben“ übermittelt.

### Ausbrüche

Es wurden 10 Ausbrüche mit insgesamt 22 Erkrankungen übermittelt (2016: 9 Ausbrüche mit 22 Erkrankungen). In 2 Ausbrüchen waren jeweils 3 Personen betroffen, in 8 Ausbrüchen jeweils nur 2 Personen. Von den Ausbrüchen mit

Angaben zum Infektionsumfeld (9) ereigneten sich die meisten (n=7) in Privathaushalten.

### Fazit

Die Anzahl der übermittelten Yersiniosen hatte in den Jahren von 2002 bis 2012, mit Ausnahme von 2011, kontinuierlich abgenommen. Seit 2012 schwankt die jährliche Anzahl der Erkrankungen im Bereich zwischen etwa 2.500 und 2.800. Nach wie vor sind Kinder unter 5 Jahren am häufigsten betroffen. Vor allem in dieser Altersgruppe gibt es große Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern.

### Literaturhinweise

- Rosner BM, Werber D, Höhle M, Stark K: *Clinical aspects and self-reported symptoms of sequelae of Yersinia enterocolitica infections in a population-based study, Germany 2009-2010*. BMC Infect Dis 2013; 13:112.
- Rosner BM, Stark K, Höhle M, Werber D: *Risk factors for sporadic Yersinia enterocolitica infections, Germany 2009-2010*. Epidemiol Infect 2012; 140:1738-1747.
- Rosner BM, Stark K, Werber D: *Epidemiology of reported Yersinia enterocolitica infections in Germany, 2001-2008*. BMC Public Health 2010; 10:337.
- RKI: *Yersiniose – Risikofaktoren in Deutschland*. Epid Bull 2012; 6:47-51.

## 6.62 Zikavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2017: 69
- ▶ alle Erkrankungen v. a. aus Süd- und Mittelamerika (insbesondere Karibik) importiert
- ▶ Fast 80 % der Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 25- bis 59-Jährigen auf.
- ▶ Insbesondere in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen waren Frauen überproportional häufig betroffen.

### Kurzbeschreibung

Das Zikavirus wird vorwiegend von *Aedes-aegypti*-Mücken in vielen Ländern der Tropen und der tropennahen Subtropen übertragen. Auch die sexuelle Übertragung ist möglich. Spätestens 2015 kam es zu einer Einschleppung auf den amerikanischen Kontinent und in Folge zu großen Ausbrüchen in vielen Ländern Süd- und Mittelamerikas bis in die südlichen USA. Zikavirus kann eine akute Erkrankung verursachen, die meist nur mit mildem Fieber, Hautausschlag und Kopf- und Gliederschmerzen einhergeht. Viele Infektionen bleiben völlig asymptomatisch. Schwere Verläufe oder Todesfälle sind extrem selten. Durch Übertritt des Virus auf den Fötus, vor allem in der frühen Schwangerschaft, kann es zu schweren Fehlbildungen beim Kind kommen (z. B. Mikrozephalie). Die Prävention konzentriert sich deshalb darauf, die Infektion von Schwangeren zu verhindern. Ein Impfstoff ist noch nicht verfügbar.

### Falldefinition

Infektionen mit Zikavirus wurden erstmalig 2015 vereinzelt auf Basis des § 7 Abs. 2 IfSG gemeldet. Seit dem 01.05.2016 besteht eine Meldepflicht für labordiagnostizierte akute Infektionen gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung. Die elektronische Übermittlung der Fälle an das RKI war zunächst nur in einer Auffangkategorie möglich, in der z. B. kaum strukturierte Daten zu Symptomen und zum Labornachweis eingegeben werden konnten. Auch bis Ende des Jahres 2017 konnten noch nicht alle Gesundheitsämter Fälle in der neuen Zikavirus-Kategorie übermitteln. Für die Referenzdefinition werden alle Erkrankungen

gewertet, die mit einem Labornachweis übermittelt wurden und die die klinische Falldefinition erfüllen. Klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle wurden ausgeschlossen.

### Zeitlicher Verlauf

Im Meldejahr 2017 wurden 69 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt (2016: 222). Die Inzidenz betrug damit 0,08 Erkrankungen/100.000 Einwohner. Erkrankungen wurden das ganze Jahr hindurch übermittelt, mit höheren Erkrankungszahlen in den Monaten Januar (10), Februar (8), September (7) und Dezember (7).

### Geografische Verteilung

Aus 11 der 16 Bundesländer wurden Zikavirus-Erkrankungen übermittelt. Gegenüber der bundesweiten Inzidenz berichteten die Stadtstaaten Bremen, Berlin und Hamburg stark überdurchschnittliche Inzidenzen (0,45, 0,23 und 0,22 Erkr./100.000 Einw.) sowie Bayern und Hessen leicht überdurchschnittliche Inzidenzen (0,13 und 0,11 Erkr./100.000 Einw.). Aus Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, dem Saarland, Sachsen-Anhalt und Thüringen wurden 2017 keine Zikavirus-Erkrankungen übermittelt.

Die wahrscheinlichen Infektionsländer lagen 48-mal (70 %) in Mittelamerika inklusive der Karibik, 9-mal (13 %) auf dem südamerikanischen Festland, 9-mal (13 %) in Asien und 3-mal in Afrika (4,3 %). Südamerikanische Infektionsländer wurden vor allem bei im April übermittelten Erkrankungen genannt. Erkrankungen mit wahrscheinlichen Infektionsländern in Asien wurden hauptsächlich von August bis November sowie Februar und April übermittelt.

Unter den am häufigsten genannten Infektionsländern finden sich aus deutscher Perspektive zahlenmäßig bedeutende Tourismusziele wie Kuba (29 Nennungen), aber auch von Deutschland aus im Vergleich weniger häufig besuchte Tourismusziele wie das autonome Land Curaçao im Königreich der Niederlande (n=7), Ecuador (n=5) und Costa Rica (n=4) (s. Tab. 6.62.1).

### Demografische Verteilung

Von den Erkrankten waren 37 (54 %) weiblich und 32 (46 %) männlich. Die Altersspanne betrug 16 bis 71 Jahre. 53 (77 %) Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 25- bis 59-Jährigen auf. In

Tab. 6.62.1:

Am häufigsten genannte Infektionsländer und Überseeterritorien der übermittelten Zikavirus-Erkrankungen, Deutschland, 2017 (Mehrfachnennungen möglich, 69 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Kuba	29	40 %
Niederlande (Curaçao)	7	10 %
Ecuador	5	7 %
Costa Rica	4	6 %
Philippinen	2	3 %
Barbados	2	3 %
Brasilien	2	3 %
Thailand	2	3 %
Andere	19	26 %
<b>Summe</b>	<b>72</b>	<b>100 %</b>

der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen wurden Frauen disproportional häufig diagnostiziert, während dies in der Altersgruppe der 25 bis 29-Jährigen deutlich häufiger bei Männern der Fall war (s. Abb. 6.62.1).

### Klinische Aspekte

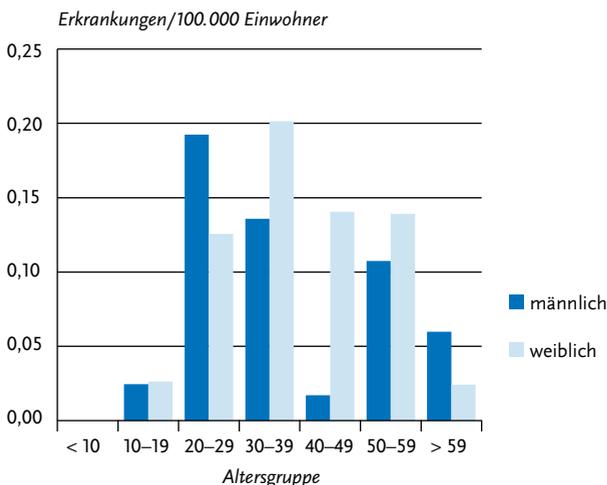
Es wurden 2017 in Deutschland keine schwerwiegenden Verläufe von Zikavirus-Erkrankungen bekannt, ein Guillain-Barré-Syndrom wurde bei keinem Fall übermittelt. Von 66 Erkrankungen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus wurde bei 4 Erkrankungen (6%) eine Hospitalisierung vermerkt. Eine weibliche Erkrankte wurde als schwanger übermittelt. Informationen über eventuelle Fehlbildungen bei Kindern liegen dem RKI nicht vor. Es wurde kein Todesfall übermittelt.

### Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass neben asymptomatischen Infektionen auch viele Erkrankungen mit wenigen oder leichteren Symptomen ohne Labordiagnose und damit ohne Meldung blieben. Der höhere Anteil weiblicher Fälle ist vermutlich Ausdruck des größeren Anreizes, auch bei leichten Symptomen eine labordiagnostische Diagnose einzuholen (unter dem Aspekt einer bestehenden oder geplanten Schwangerschaft). Zikavirus-Erkrankungen bei Reiserückkehrern aus Ländern, in denen aktuell keine Zikavirus-Ausbruchsgeschehen bekannt sind (z. B. in Asien und Afrika), werden vermutlich häufig nicht erkannt.

Abb. 6.62.1:

Übermittelte Zikavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2017 (n=69)



### Fazit

Reisende aus Deutschland waren 2017 vor allem von den Zikavirus-Ausbrüchen in Ländern in Süd- und Mittelamerika betroffen. Die Anzahl der nach Deutschland importierten Zikavirus-Infektionen hängt stark von der den Schwankungen unterworfenen epidemiologischen Situation in den Reiseländern sowie der Veränderung von Reiseströmen ab.

### Literaturhinweise

- Frank C, Faber M, Stark K: *Causal or not: applying the Bradford Hill aspects of evidence to the association between Zika virus and microcephaly*. EMBO Mol Med 2016; 8:305–307.
- Frank C, Cadar D, Schlaphof A, et al.: *Sexual transmission of Zika virus in Germany, April 2016*. Euro Surveill 2016. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2016.21.23.30252
- Wilking H, Faber M, Stark K, et al.: *Zikavirus-Infektionen: Tropische Krankheit mit Relevanz für Deutschland*. Dtsch Arztebl 2016; 113:547–549.
- RKI: *Zikavirus-Infektion bei einer Reiserückkehrerin aus Vietnam*. Epid Bull 2016; 42:467.
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.

## 6.63 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung

### Middle East Respiratory Syndrome (MERS)

#### Kurzbeschreibung

Das Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) ist seit dem Jahr 2012 bekannt, als es erstmals bei einem in Jeddah, Saudi-Arabien, behandelten Patienten mit akuter Pneumonie und Nierenversagen identifiziert wurde. Bis zum 13.03.2018 registrierte die WHO 2.143 Fälle, davon starben 750 (35%).

Ein Großteil der bekannten Fälle mit Information zu Alter und Geschlecht waren über 40 Jahre alte Männer. Das Erkrankungs- und demografische Spektrum der bekannten Fälle ist stark durch Surveillance-Aktivitäten und die dabei angewendeten Falldefinitionen beeinflusst. Eine typische Erkrankung beginnt mit Fieber und Husten, gefolgt von Atemnot. Häufig treten auch gastrointestinale Symptome auf. Die meisten Pa-

tienten entwickeln eine schwere Lungenerkrankung, insgesamt reicht das Krankheitsspektrum jedoch von asymptomatischen und leichten Infektionen bis zu tödlichen Verläufen. Der Großteil der Patienten, insbesondere derjenigen mit schwerem Krankheitsverlauf, hatte eine zugrundeliegende Erkrankung, wie z. B. chronisches Nierenversagen, Diabetes mellitus oder eine Herzerkrankung.

Sämtliche bekannte Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel zuzuordnen sind. Auch der große südkoreanische Ausbruch im Jahr 2015 entstand nach dem Import der Erkrankung durch eine südkoreanische Person, die mehrere Länder der arabischen Halbinsel bereist hatte. Neben Saudi-Arabien, welches etwa 80% aller Erkrankungen an die WHO meldete, berichteten 26 weitere Länder von mindestens einem Fall. Wenige importierte Erkrankungen wurden auch in europäischen Ländern (Deutschland, Frankreich, Italien, Österreich und im Vereinigten Königreich) identifiziert und in Einzelfällen kam es zu Sekundärinfektionen durch importierte Fälle.

Das epidemiologische Profil hat sich im Jahr 2017 nicht geändert. Erkrankungen beim Menschen ereignen sich sporadisch im Rahmen einer Übertragung durch Dromedare (als Zoonose) und sind vermutlich auch der Ausgangspunkt für Häufungen (Cluster). Aktuelle wissenschaftliche Studien deuten darauf hin, dass Dromedare eine Wirtsspezies für MERS-CoV sind und eine wichtige Rolle für menschliche Erkrankungen darstellen. Dennoch können infizierte Dromedare selbst völlig symptomlos sein. Sowohl ihre genaue Rolle bei der Übertragung des Virus als auch die genauen Übertragungswege sind noch unbekannt.

Hauptsächlich erfolgte die Übertragung bei den meisten Erkrankungen jedoch von Mensch zu Mensch, insbesondere unter Besuchern, Patienten oder Mitarbeitern von Gesundheitseinrichtungen, in denen Patienten mit MERS vorstellig, gepflegt oder behandelt wurden. Bis jetzt wurden die meisten Fälle im Rahmen von Krankenhausausbrüchen gemeldet.

Bei einigen dieser Ausbrüche waren mehr als 100 Personen betroffen. Nach 2 großen Krankenhaus-assoziierten Ausbrüchen in Südkorea und Riad (Saudi-Arabien) im Jahr 2015 ereigneten sich auch 2016 und 2017 wieder – allerdings eher klei-

nerer – Krankenhaus-assoziierte Ausbrüche. Aufgrund verbesserter Infektionspräventions- und Kontrollmaßnahmen in den Krankenhäusern ist die Anzahl der im Krankenhaus erworbenen Fälle von MERS im Vergleich zu den Vorjahren deutlich zurückgegangen. Übertragungen im Haushaltsbereich sind dokumentiert, kommen jedoch eher selten vor. Bei einem nicht unerheblichen Teil der Infektionen war die Infektionsquelle unbekannt, da keiner der genannten Übertragungswege in Zusammenhang mit den Infektionen gebracht werden konnte. Wichtig für die globale Risikoeinschätzung – aber auch für Deutschland – ist, dass es bisher noch keine Hinweise auf eine anhaltende Übertragung von Mensch zu Mensch gibt, auch nicht in Ländern der arabischen Halbinsel.

### Situation in Deutschland

Nach Deutschland importierte Erkrankungen sind jederzeit möglich, da ca. 1 Million Personen jährlich aus den Ländern der arabischen Halbinsel nach Deutschland einfliegen. Touristen, die die arabische Halbinsel besuchen, sind vor allem dann einem erhöhten Risiko ausgesetzt, wenn sie Kamelmärkte besuchen, Kamelmilch konsumieren oder auf andere Art und Weise Kontakt mit dromedarischen Kamelen, deren Produkten oder Ausscheidungen haben. Im Oktober 2012 und im März 2013 wurden 2 Patienten, die ihre Infektion auf der arabischen Halbinsel erworben hatten, in deutschen Krankenhäusern behandelt, davon verstarb ein Patient. Die Untersuchung von Kontaktpersonen ergab in keinem der beiden Fälle einen Hinweis auf Sekundärinfektionen. Im März 2015 wurde in Deutschland zum dritten Mal ein MERS-Fall diagnostiziert. Es handelte sich um einen 65 Jahre alten Deutschen, der in die Vereinigten Arabischen Emirate gereist war. Nachdem der Patient die eigentliche MERS-CoV-Infektion überwunden hatte, verstarb er an den Spätfolgen der Erkrankung. Als relevante Exposition kommt vor allem der Besuch eines Kamelmarktes in Betracht. In

einer Blutprobe einer engen Kontaktperson, die ebenfalls an der Reise teilgenommen hatte, wurden Antikörper gegen MERS-CoV nachgewiesen. Die Person war ebenfalls mit MERS-CoV infiziert, hatte jedoch keine respiratorischen Symptome gezeigt; der Übertragungsweg ist unklar. Bei allen weiteren Kontaktpersonen, einschließlich des medizinischen Personals, konnte keine Infektion mit MERS-CoV festgestellt werden. Im Jahr 2017 wurde kein MERS-Fall übermittelt.

### Literaturhinweise

- Cho H, Excler JL, Kim JH, Yoon IK: *Development of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus vaccines – advances and challenges*. Hum Vaccin Immunother 2018; 1:304-313. doi: 10.1080/21645515.2017.1389362
- Al-Osail AM, Al-Wazzah MJ: *The history and epidemiology of Middle East respiratory syndrome corona virus*. Multidisciplinary Respiratory Medicine. 2017;12(1):20. Multidisciplinary Respir Med 2017; 12. doi: 10.1186/s40248-017-0101-8
- WHO (2018): *Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)*. [www.who.int/emergencies/mers-cov/en](http://www.who.int/emergencies/mers-cov/en)
- Majumder MS, Brownstein JS, Finkelstein SN, Larson RC, Bourouiba L: *Nosocomial amplification of MERS-coronavirus in South Korea*, 2015. Trans R Soc Trop Med Hyg 2017; 111:261-269. doi: 10.1093/trstmh/trx046
- Arabi YM, Balkhy HH, Hayden FG, et al.: *Middle East Respiratory Syndrome*. N Engl J Med 2017; 376:584-594. doi: 10.1056/NEJMs1408795
- WHO (2017): *Middle East respiratory syndrome coronavirus: Case definition for reporting to WHO*. [www.who.int/csr/disease/coronavirus\\_infections/case\\_definition/en](http://www.who.int/csr/disease/coronavirus_infections/case_definition/en)
- ECDC: *Severe respiratory disease associated with Middle East respiratory syndrome coronavirus, 21st update. Rapid Risk assessment*. 2015. <https://ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-public-health-risks-related-communicable-diseases-during>
- Reuss A, Litterst A, Drosten C, et al.: *Contact investigation for imported case of Middle East respiratory syndrome, Germany*. Emerg Infect Dis 2014; 20:620-625. doi: 10.3201/eid2004.131375
- Buchholz U, Muller MA, Nitsche A, Sanewski A, Wevering N, Bauer-Balci T: *Contact investigation of a case of human novel coronavirus infection treated in a German hospital, October-November 2012*. Euro Surveill 2013. doi: 10.2807/es.e18.08.20406-en
- RKI: *Webseite zu MERS*. [www.rki.de/mers](http://www.rki.de/mers)

## Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2017  
Robert Koch-Institut, Berlin, 2018

### Herausgeber

Robert Koch-Institut  
Nordufer 20  
13353 Berlin Internet: [www.rki.de](http://www.rki.de)  
E-Mail: [zentrale@rki.de](mailto:zentrale@rki.de)  
Twitter: @rki\_de

### Redaktion

Michaela Diercke, Abteilung für Infektionsepidemiologie

### Satz

L101 Mediengestaltung, Fürstenwalde/Spree

### Druck

ruksaldruck, Berlin

### Bezugsquelle

Das Jahrbuch ist online abrufbar unter [www.rki.de/jahrbuch](http://www.rki.de/jahrbuch).  
Es kann gegen Einsendung eines rückadressierten und mit 2,60 € frankierten Umschlags (DIN A4) angefordert werden bei:  
Robert Koch-Institut, Abteilung für Infektionsepidemiologie, Kennwort »Jahrbuch«, Nordufer 20, 13353 Berlin

### Nachdruck

Nachdrucke aus dem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch sowie die Verwendung von Daten aus [SurvStat@RKI](mailto:SurvStat@RKI) in Veröffentlichungen sind unter Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen Zwecken. Ein Belegexemplar wird erbeten.

### Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut. Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2017, Berlin 2018

### ISBN

ISBN: 978-3-89606-291-8  
DOI: 10.17886/rkipubl-2018-001

### Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek

Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.dnb.de> abrufbar.



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

Im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden die bundesweit einheitlich erfassten und an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten zusammengestellt und bewertet. Grundlage dazu ist das Infektionsschutzgesetz, welches auch festlegt, dass das RKI Falldefinitionen erstellt. Auf deren Grundlage wird an den Gesundheitsämtern entschieden, welche eingegangenen Meldungen an die zuständige Landesbehörde und von dort an das RKI übermittelt und welche Fälle gemäß Referenzdefinition vom RKI veröffentlicht werden. Diese Daten werden jedes Jahr zusammengestellt und in diesem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht.