



Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016

**Infektionsepidemiologisches
Jahrbuch meldepflichtiger
Krankheiten für 2016**

Datenstand: 1. März 2017

Vorwort

Das Jahr 2016 hat einige wichtige Änderungen im Meldesystem mit sich gebracht.

In Anpassung an die epidemiologische Situation sind neue Meldepflichten eingeführt worden. Die zunehmende Verbreitung von klinisch relevanten Antibiotikaresistenzen und die Zunahme von nosokomialen Infektionen erfordern, dass bundesweite Daten gesammelt werden. So können Präventions- und Infektionsschutzmaßnahmen gezielt entwickelt und deren Effekte evaluiert werden. Seit dem 01.05.2016 sind deshalb der Nachweis von Carbapenem-nichtempfindlichen *Acinetobacter* spp. und Enterobakterien sowie *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf meldepflichtig.

Unsere Welt wächst immer enger zusammen. Durch die fortschreitende Globalisierung und die Zunahme von Handel und Reisen können sich leider auch viele Krankheitserreger leichter und schneller verbreiten. Es ist deshalb möglich, dass bislang wenig beachtete Krankheitserreger ihr Vorkommen stark verändern; der Zikavirus-Ausbruch 2015/16 in Südamerika ist ein gutes Beispiel dafür.

Durch Arboviren verursachte Tropenkrankheiten werden regelmäßig auch nach Deutschland importiert. Hierzu gehören etwa Infektionen mit dem Denguevirus, Chikungunyavirus oder Zika-virus. In den letzten Jahren wurde nun auch der Überträger einiger tropischer Infektionskrankheiten, die Asiatische Tigermücke, in Deutschland entdeckt. Dies bedeutet, dass wir in Zukunft eine Übertragung von Viren durch diesen Vektor in Deutschland nicht mehr ausschließen können. Die Meldepflicht für Nachweise von Arboviren soll deshalb gewährleisten, dass entsprechende Kontrollmaßnahmen, wie z. B. Schritte zur Vektorbekämpfung, rechtzeitig eingeleitet werden können.

Wir sollten uns aber auch in Zukunft darüber bewusst sein, dass durch jede neue Meldepflicht

zusätzliche Ressourcen im Öffentlichen Gesundheitsdienst benötigt werden. Jede Meldung löst eine Reihe von Aktivitäten aus, die sowohl die Ermittlung weiterer Informationen für die Beurteilung der epidemiologischen Situation als auch das Einleiten von Infektionsschutzmaßnahmen umfassen. Die hohe Qualität und schnelle Verfügbarkeit der Daten kann also nur durch ausreichend und qualifizierte Mitarbeiter in den Gesundheitsämtern aufrechterhalten werden.

Neben dieser intellektuellen Ressource kann das Meldewesen seine volle Wirkung aber nur entfalten, wenn es technisch umfassend modernisiert wird. Nur so kann die Arbeit in den Gesundheitsämtern und der Meldeprozess für Ärzte und Labore erleichtert werden. Die ersten Weichen dafür wurden im Jahr 2016 mit dem Beginn des Projekts zur Einführung des Deutschen Elektronischen Meldesystems für den Infektionsschutz (DEMIS) gestellt. Im Rahmen der Digitalisierung des Meldesystems sollen die Meldungen spätestens ab dem Jahr 2020 elektronisch erfolgen. Meldedaten können so vollständiger, schneller und in besserer Qualität bei den Gesundheitsbehörden vorliegen. Dies bedeutet nicht nur, dass Infektionsschutzmaßnahmen schneller eingeleitet werden, sondern auch dass sich die Vollständigkeit und Qualität der Daten im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch verbessern.

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

Vorwort	3
Inhalt	5
Beteiligte Mitarbeiter	7
Abkürzungen	8
1 Zusammenfassung/Executive Summary	9
2 Meldewesen und Erhebung der Meldedaten	13
2.1 Gesetzliche Grundlagen	13
2.2 Datengrundlage	19
2.3 Veröffentlichung der Meldedaten	26
3 Datenqualität	27
3.1 EDV-technische Unterstützung	27
3.2 Sicherung der Datenqualität	28
3.3 Vollständigkeit der Erfassung	29
3.4 Vollständigkeit der Datensätze	31
3.5 Zeitnähe	32
3.6 Prozentuale Ergebnisdarstellung	34
4 Krankheitsübergreifende Auswertung	35
4.1 Inzidenzen	35
4.2 Verteilung nach krankheitsübergreifenden epidemiologischen Aspekten	35
4.3 Klinische Aspekte	39
5 Ausbrüche	43
5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche	44
5.2 Gruppen von Ausbrüchen	44
6 Spezielle Krankheiten	51
6.1 Adenovirus-Konjunktivitis	51
6.2 Botulismus	54
6.3 Brucellose	55
6.4 Campylobacter-Enteritis	56
6.5 Cholera	60
6.6 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)	61
6.7 Denguefieber	63
6.8 Diphtherie	66
6.9 Echinokokkose	67
6.10 EHEC-Erkrankung	70
6.11 Fleckfieber	74
6.12 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)	75

6.13	Giardiasis	80
6.14	<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	83
6.15	Hantavirus-Erkrankung	88
6.16	Hepatitis A	90
6.17	Hepatitis B	95
6.18	Hepatitis C	101
6.19	Hepatitis D	106
6.20	Hepatitis E	108
6.21	HIV-Infektion	111
6.22	HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	116
6.23	Influenza	119
6.24	Keuchhusten	127
6.25	Kryptosporidiose	133
6.26	Läuserückfallfieber	137
6.27	Legionellose	138
6.28	Lepra	143
6.29	Leptospirose	144
6.30	Listeriose	146
6.31	Malaria	150
6.32	Masern	153
6.33	Meningokokken, invasive Infektion	160
6.34	Milzbrand	166
6.35	Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	167
6.36	Mumps	170
6.37	Norovirus-Gastroenteritis	175
6.38	Ornithose	180
6.39	Paratyphus	181
6.40	Pest	182
6.41	Poliomyelitis	182
6.42	Q-Fieber	183
6.43	Rotavirus-Gastroenteritis	185
6.44	Röteln	191
6.45	Salmonellose	195
6.46	Shigellose	199
6.47	Syphilis	203
6.48	Tollwut	207
6.49	Toxoplasmose, konnatale Infektion	208
6.50	Trichinellose	209
6.51	Tuberkulose	210
6.52	Tularämie	214
6.53	Typhus abdominalis	215
6.54	Virale Hämorrhagische Fieber	217
6.55	Windpocken	220
6.56	Yersiniose	226
6.57	Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung	229
7	Stichwortverzeichnis	239
	Impressum	243

Autoren

Sandra Beermann
Susanne Behnke
Lena Bös
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
Barbara Gunsenheimer-Bartmeyer
Sebastian Haller
Jane Hecht
Wiebke Hellenbrand
Klaus Jansen
Anja Klingenberg
Judith Koch
Raskit Lachmann
Anja von Laer
Ulrich Marcus
Dorothea Matysiak-Klose
Kai Michaelis
Astrid Milde-Busch
Kathrin Nowak
Annicka Reuss
Bettina Rosner
Navina Sarma
Anika Schielke
Nicole Schmidt
Viktoria Schönfeld
Juliane Seidel
Anette Siedler
Klaus Stark
Gyde Steffen

Anja Takla
Janine Thoullass
Kristin Tolksdorf
Sabine Vygen-Bonnet
Jan Walter
Miriam Wiese-Posselt
Hendrik Wilking
Ruth Zimmermann
Beate Zoch

Redaktion

Doris Altmann
Maria an der Heiden
Sandra Beermann
Hermann Claus
Michaela Diercke
Andreas Gilsdorf
Ulrike Grote
Astrid Milde-Busch
Inge Mücke
Nadine Püschel
Sabine Ritter

Weitere Mitarbeiter

Kerstin Dehmel
Pauline Gau
Alexandra Holzer
Christian Kollan
Elke Missa
Kerstin Prahm
Ute Preuß

Abkürzungen

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

1 Zusammenfassung

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

Im Mai 2016 wurden mit der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung neue Meldepflichten eingeführt und mit bestehenden Meldepflichten aus weiteren Verordnungen zusammengeführt:

Neue/erweiterte Meldepflichten für Ärzte:

- ▶ Krankheitsverdacht, Erkrankung sowie Tod an zoonotischer Influenza,
- ▶ Erkrankung sowie Tod an einer *Clostridium-difficile*-Infektion mit klinisch schwerem Verlauf.

Neue/erweiterte Meldepflichten für Labore:

- ▶ Nachweis von Chikungunyavirus, Denguevirus, West-Nil-Virus, Zikavirus und sonstigen Arboviren, soweit der Nachweis auf eine akute Infektion hinweist,
- ▶ direkter Nachweis von Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA) aus Blut oder Liquor,
- ▶ Infektion oder Kolonisation mit Carbapenem-nichtempfindlichen *Acinetobacter* spp. oder Enterobacteriaceae.

Daten für invasive **MRSA-Infektionen**, ***Clostridium-difficile*-Erkrankungen** mit klinisch schwerem Verlauf, **Chikungunyavirus-** und **Zikavirus-Erkrankungen** liegen z. T. aufgrund zuvor bestehender Meldepflichten bereits für das gesamte Jahr 2016 vor und können im aktuellen Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2016 veröffentlicht werden. Für die **Carbapenem-nichtempfindlichen Erreger** hingegen wurden erst neue Kategorien in der Meldesoftware eingeführt, so dass die Daten für diese Erreger erst im nächsten Infektionsepidemiologischen Jahrbuch veröffentlicht werden können. Fälle von **zoonotischer Influenza** wurden im Jahr 2016 nicht übermittelt.

Neben den notwendigen Anpassungen des Infektionsepidemiologischen Jahrbuchs an aktuelle Änderungen im Meldesystem bemühen wir uns darüber hinaus, das Jahrbuch stetig weiter zu verbessern. Aus diesem Grund haben wir zum Infek-

tionsepidemiologischen Jahrbuch 2015 eine Online-Befragung unter den Leserinnen und Lesern durchgeführt, um die Nutzer und deren Bedarfe besser kennen zu lernen. Neben ärztlich Tätigen in Kliniken und im niedergelassenen Bereich sowie Beschäftigten im Öffentlichen Gesundheitsdienst wird das Jahrbuch z. B. auch von interessierten Bürgerinnen und Bürgern, von Studierenden und von Medienvertretern genutzt. Die Daten aus dem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch werden für verschiedene Zwecke verwendet. Diese reichen von der Vorbereitung von Vorträgen und wissenschaftlichen Veröffentlichungen über die Aneignung von Wissen für das Studium oder die Ausbildung bis hin zur Presse- und Öffentlichkeitsarbeit. Als Verbesserungsvorschlag wurde u. a. der Wunsch nach zusätzlichen interaktiven Formaten geäußert.

Eine Neuerung wurde bereits für das aktuelle Infektionsepidemiologische Jahrbuch eingeführt. Um den Leserinnen und Lesern einen schnelleren Überblick über die Kapitel zu ermöglichen, haben wir am Anfang jedes längeren Kapitels das Übersichtsfeld »Auf einen Blick« eingefügt. Hier sind die wichtigsten Inhalte zu der entsprechenden Krankheit zusammengefasst.

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.

Steigende Fallzahlen waren im Jahr 2016 u. a. bei ***Campylobacter-Enteritis***, **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 Rückgang der invasiven **MRSA-Infektionen** beigetragen haben. Ebenso hat die Implementierung von Infektionsschutzmaßnahmen, u. a. im Bereich der Lebensmittelproduktion, wahrscheinlich einen Einfluss auf die sinkenden **Salmonello-**

se-Fallzahlen. Der deutliche Rückgang der Fallzahlen der **Rotavirus-Gastroenteritis**, insbesondere bei den unter 2-jährigen Kindern, kann vermutlich auf die gesteigerte Inanspruchnahme der seit Sommer 2013 von der Ständigen Impfkommission am RKI (STIKO) empfohlenen Impfung für Säuglinge zurückgeführt werden.

Bei einem Großteil der impfpräventablen Krankheiten, z. B. **FSME**, **Hepatitis A**, **Windpocken**, 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.

Die molekulare Surveillance spielt auch bei der Erkennung von Ausbruchsgeschehen eine immer wichtigere Rolle. So konnte bei einem seit 2012 beobachteten Ausbruch von **Listeriosen** mit identischem Feintypisierungsmuster (Pulsfeld-Gelelektrophorese) und identischem Sequenztyp (Whole genome sequencing) der *Listeria-monocytogenes*-Isolate im Jahr 2016 ein fleischverarbeitender Betrieb als wahrscheinliche Quelle identifiziert und somit das Ausbruchsgeschehen aufgeklärt werden. Vor diesem Hintergrund sollten für alle meldepflichtigen Erreger vermehrt Erregerisolate an die Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlaborare eingesandt werden.

Weitere bemerkenswerte Ausbruchsgeschehen waren u. a. ein **Legionellose**-Ausbruch in Bremen mit insgesamt 24 Erkrankungen, darunter

2 Todesfällen, ein **Botulismus**-Ausbruch wahrscheinlich im Zusammenhang mit dem Verzehr von Plötzen, bei dem 4 deutsche Fälle, aber auch 2 Erkrankte aus Spanien betroffen waren, sowie ein Ausbruch mit 6 **Tularämie**-Erkrankungen, der im Rahmen einer Weinlese im Zusammenhang mit dem Verzehr von kontaminiertem Traubenmost auftrat.

Im Februar 2016 wurde ein Patient mit **Lassa-fieber**, der sich im westafrikanischen Togo infiziert hatte, in Deutschland behandelt und verstarb hier. Nach seinem Tod wurde bei einer Person mit beruflichem Kontakt zum Leichnam eine Lassavirus-Infektion bestätigt. Diese Kontaktperson wurde auf einer Isolierstation behandelt und hat die Erkrankung überlebt. Dies ist die erste dokumentierte Übertragung von Lassavirus in Deutschland. Bei den weiteren Kontaktpersonen zu beiden Erkrankten traten keine weiteren Infektionen auf.

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. Durch den vermehrten Zuzug von Asylsuchenden sowie zum Teil durch deren Screening werden Krankheiten, die in den Herkunftsländern häufiger auftreten, auch im deutschen Meldesystem häufiger erfasst, z. B. **Hepatitis B**, **HIV**, **Malaria** und **Tuberkulose**. Hier kann ein Teil des Anstiegs der Fallzahlen in den Jahren 2015/16 im Vergleich mit den Vorjahren vermutlich zu einem gewissen Anteil auf die Migrationsbewegungen zurückgeführt werden. Aber auch die Änderungen der Falldefinitionen, die seit 2015 nur schrittweise in den Gesundheitsämtern implementiert werden, beeinflussen die Fallzahlen, z. B. bei **Hepatitis B** und **Hepatitis C**.

Executive Summary

This Infectious Disease Epidemiology Annual Report provides a summary of notifications of infectious diseases reported to the Robert Koch Institute in 2016.

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

New/extended notification requirements for doctors:

- ▶ Suspected disease, disease or death from zoonotic influenza
- ▶ Disease or death from a *Clostridium-difficile*-infection with severe clinical course

New/extended notification requirements for laboratory:

- ▶ Detection of chikungunya virus, dengue virus, West Nile virus, Zika virus and other arboviruses when acute infection is indicated.
- ▶ Direct detection of Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) from blood or cerebrospinal fluid.
- ▶ Infection or colonization with Carbapenem-resistant *Acinetobacter* spp. or Enterobacteriaceae.

Data for invasive **MRSA** infections, ***Clostridium difficile*** infections with severe clinical course, **chikungunya virus disease** and **Zika virus disease** are already available for the entire year of 2016 due to previously existing notification requirements and can therefore be published in the current Annual Report. For the **Carbapenem-resistant pathogens**, on the other hand, new reporting categories were introduced, so these data can only be published in the next Annual Report. No cases of **zoonotic influenza** were reported in 2016.

In addition to adapting the Annual Report to current changes in the notification system, we also strive to continually improve the Annual Report. For this reason, we conducted an online survey of the readers of the 2015 Annual Report in order to get a better understanding of the users and their needs. In addition to medical practitioners in hos-

pitals and the private sector, as well as employees of the public health service, the Annual Report is read by interested citizens, students and media representatives. The data from the Annual Report are used for various purposes. These range from the preparation of lectures and scientific publications and the acquisition of knowledge for study or training to their use for press and public relations work. As a suggestion for improvement, the desire for additional interactive formats was expressed.

One change has already been introduced to this Annual Report. In order to provide readers with a quick overview of the chapters, we have added an »At a glance« section at the beginning of each long chapter. In this overview, the most important content from the chapter is summarized.

As in the previous year, the gastrointestinal diseases – **norovirus gastroenteritis**, ***Campylobacter enteritis*** and **rotavirus gastroenteritis**, as well as the vaccine-preventable diseases – **influenza** and **chickenpox**, were among the five most commonly reported notifiable diseases.

Rising case numbers of ***Campylobacter enteritis***, **hepatitis E** and **whooping cough** were observed in 2016. For other notifiable diseases, a significant drop in the number of cases was observed over the last few years, not least due to effective infection control measures. The improved implementation of hygiene measures in hospitals likely contributed to the reduction in **invasive MRSA infections**.

Similarly, the implementation of infection control measures in the area of food production probably influenced the declining trend in **salmonellosis** cases. The significant reduction in **rotavirus gastroenteritis cases**, particularly among children under 2 years old, can be presumed to be a consequence of increased uptake of rotavirus vaccination as recommended for infants by the Standing Immunization Commission at the RKI (STIKO) since summer 2013.

For a large number of the vaccine-preventable diseases, e.g. **tick-borne encephalitis**, **hepatitis A**, **chickenpox**, disease mostly occurred in non-vaccinated patients, even though effective vaccination is available. 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 the recommended vaccinations and for the decision on necessary vaccinations against additional serogroups and essential booster vaccinations.

Molecular surveillance plays an increasingly important role in the detection of outbreaks. For an outbreak of **listeriosis**, which was ongoing since 2012 with indistinguishable typing profiles (Pulsed-field gel electrophoresis) and identical sequence type (whole genome sequencing), a meat-processing plant was identified as possible source in 2016. This said, more pathogen isolates should be sent to the National Reference Centers and Consultant Laboratories for all notifiable pathogens.

Other notable outbreaks were: a **legionellosis** outbreak in Bremen with a total of 24 cases, including 2 deaths; a **botulism** outbreak probably associated with the consumption of roach involving 4 cases in Germany and 2 in Spain; and an outbreak of 6 **tularemia** cases which occurred during grape harvesting and was associated with the consumption of contaminated grape juice.

In February 2016, a patient with **Lassa fever** who had been infected in Togo, West Africa, was

treated and died in Germany. After his death, a **Lassa virus** infection was confirmed in another person with professional contact with the corpse of the deceased. The patient was treated at an isolation facility and survived the disease. This was the first documented transmission of **Lassa virus** in Germany. No further infections occurred in the contact persons of both patients.

Next to disease trends and outbreaks, there are other influences on case numbers which need to be taken into account in the interpretation of the case numbers. With the increase in incoming asylum seekers, as well as partly due to their increased disease screening, diseases that occur more frequently in the countries of origin are also more frequently recorded in the German notification system, e.g. **hepatitis B**, **HIV**, **malaria** and **tuberculosis**. A proportion of the increase in the number of cases of these diseases in 2015/16 can be attributed to the migratory movements as compared with previous years. However, the change in the case definitions of certain notifiable diseases in 2015 which was only step-wise implemented at local public health authorities also influences the number of cases e.g. for **hepatitis B** and **hepatitis C**.

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 (außer Tuberkulose), 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 Krankheitserregern 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 nichtnamentlich 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.

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.

Da diese Verordnung im Mai 2016 in Kraft getreten ist, liegen für das Meldejahr 2016 keine vollständigen Daten für die neuen Kategorien vor und es werden im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2016 keine Daten für die neuen Kategorien veröffentlicht. Ausnahmen sind *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf und Zikavirus-Erkrankungen, zu denen im Kapitel 6.57 »Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung« Daten ausgewertet und veröffentlicht werden.

Zur Meldung verpflichtete Personen

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

Meldepflichtig für Meldungen von Krankheitsverdacht, Erkrankung und Tod (gemäß §§ 6, 7o IfSG)

- ▶ Feststellende Ärzte
- ▶ Leiter von Einrichtungen der pathologisch-anatomischen Diagnostik
- ▶ Tierärzte (§ 6 Abs. 1 Nr. 4 IfSG; bei Tollwut)
- ▶ Angehörige anderer Heilberufe
- ▶ Leiter von Pflegeeinrichtungen, Justizvollzugsanstalten, Heimen, Lagern o. a.
- ▶ Heilpraktiker
- ▶ Standortärzte der Bundeswehr

Meldepflichtig für Meldungen von Erregernachweisen (gemäß § 7 IfSG)

- ▶ Leiter von Laboratorien oder sonstigen Untersuchungsstellen (einschließlich Untersuchungsstellen der Bundeswehr)
- ▶ 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

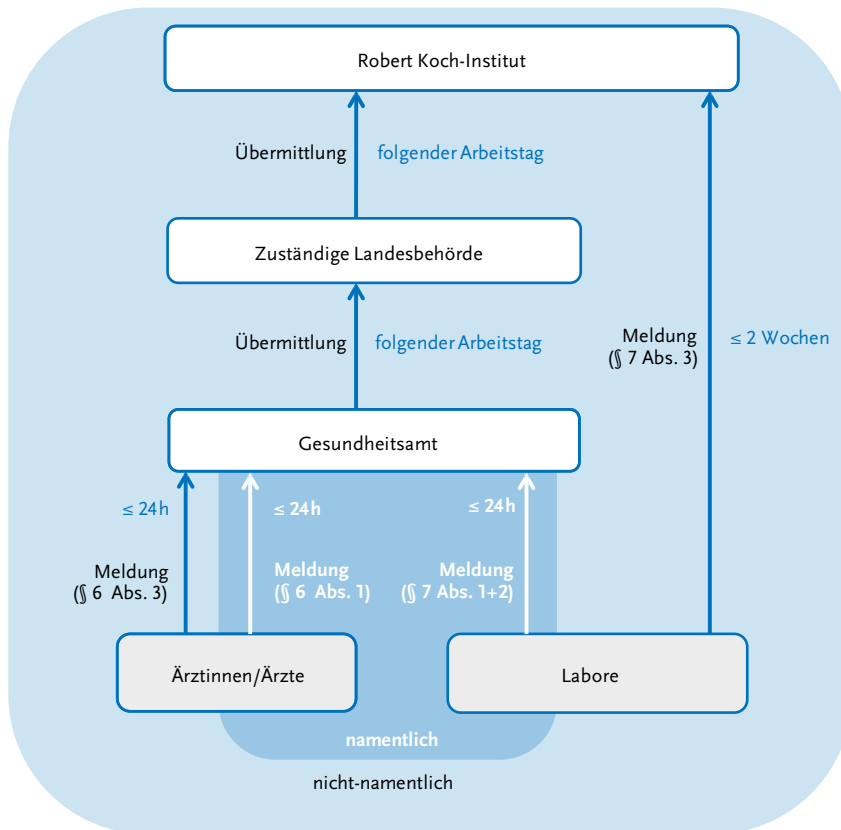
Zur Meldung verpflichtete Personen melden die in § 6 Abs. 1 Nr. 1 IfSG benannten Krankheiten oder die in § 7 Abs. 1 IfSG festgelegten Nachweise von Krankheitserregern namentlich an das zuständige Gesundheitsamt (s. Abb. 2.1.1). Bei Arztmeldungen erfolgt die Meldung an das für den Aufenthalt des Betroffenen zuständige Gesundheitsamt (s. Kap. 2.2). Bei Meldungen von Laboren ist das Gesundheitsamt des Einsenders des Untersuchungsmaterials zuständig. Dieses Gesundheitsamt unterrichtet das für den Wohnort bzw. gewöhnlichen Aufenthalt der betroffenen Person zuständige Gesundheitsamt. Die Meldung hat unverzüglich, spätestens innerhalb von 24 Stunden zu erfolgen. Das Gesundheitsamt führt eigene Ermittlungen zum Meldefall durch und ordnet entsprechende Infektionsschutzmaßnahmen an.

Erfüllt eine Meldung die vom RKI erstellten Kriterien (s. Kap. 2.2), 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 nummerier-

Abb. 2.1.1:
Melde- und Übermittlungsweg gemäß IfSG



te Durchschlagbögen vom RKI zur Verfügung gestellt. Während das meldende Labor das erste Blatt des Meldebogens an das RKI sendet, soll der ein-sendende 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 durch die Ärztinnen und Ärzte oder die Labore 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 ³
	Arzt- meldung ¹	Labor- meldung ²	Labor- meldung ²	
6.1 Adenovirus-Konjunktivitis		■		■
6.2 Botulismus	■	■		■
6.3 Brucellose		■		■
6.4 <i>Campylobacter</i> -Enteritis		■		
6.5 Cholera	■	■		■
6.6 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)/ vCJK (variante CJK)	■			■
6.7 Denguefieber	■ ⁴	■ ¹¹		■
6.8 Diphtherie	■	■		■
6.9 Echinokokkose			■	■
6.10 EHEC-Erkrankung (außer HUS)		■		
6.11 Fleckfieber		■		■
6.12 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)		■		■
6.13 Giardiasis		■		
6.14 <i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion		■		■
6.15 Hantavirus-Erkrankung	■ ⁴	■		■
6.16 Hepatitis A	■	■		
6.17 Hepatitis B	■	■		
6.18 Hepatitis C	■	■		
6.19 Hepatitis D	■	■		■
6.20 Hepatitis E	■	■		
6.21 HIV-Infektion			■	■
6.22 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	■	■ ⁵		■
6.23 Influenza	■ ⁶	■ ¹¹		
6.24 Keuchhusten ⁷	■	■		■ ¹²
6.25 Kryptosporidiose		■		
6.26 Läuserückfallfieber		■		■
6.27 Legionellose		■		
6.28 Lepra		■		■
6.29 Leptospirose		■		■
6.30 Listeriose		■		
6.31 Malaria			■	■
6.32 Masern	■	■		
6.33 Meningokokken, invasive Infektion	■	■		
6.34 Milzbrand	■	■		■

	Namentliche Meldung an das Gesundheitsamt		Nichtnamentliche Meldung an das RKI		Einzelfall- kontrolle am RKI ¹³
	Arzt- meldung ¹	Labor- meldung ²		Labor- meldung ²	
6.35 Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion		■			
6.36 Mumps ⁷	■	■			
6.37 Norovirus-Gastroenteritis		■			
6.38 Ornithose		■			■
6.39 Paratyphus	■	■			■
6.40 Pest	■	■			■
6.41 Poliomyelitis	■	■			■
6.42 Q-Fieber		■			■
6.43 Rotavirus-Gastroenteritis		■			
6.44 Röteln, konnatale Infektion ⁸ Röteln, postnatale Infektion ⁷	■ ■	■ ■			■
6.45 Salmonellose		■			
6.46 Shigellose		■			
6.47 Syphilis				■	■
6.48 Tollwut	■	■			■
6.49 Toxoplasmose, konnatale Infektion				■	■
6.50 Trichinellose		■			■
6.51 Tuberkulose	■ ⁹	■			
6.52 Tularämie		■			■
6.53 Typhus abdominalis	■	■			■
6.54 Virale hämorrhagische Fieber, sonstige ¹⁰	■	■			■
6.55 Windpocken ⁷	■	■			
6.56 Yersiniose		■			
6.57 <i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwerer Verlauf	■ ¹¹				
Middle East Respiratory Syndrome (MERS)	■ ¹³				
Zikavirus-Erkrankung		■ ¹¹			■

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 Nur bei hämorrhagischem Verlauf

5 Betrifft Nachweise meldepflichtiger Erreger

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

7 Bundesweite Meldepflicht seit 29.03.2013

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

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

10 Gilt auch für Ebola-Fieber, Gelbfieber, Lassafieber und Marburgfieber

11 Gemäß IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung

12 Bei unter 1-jährigen

13 Meldepflicht gemäß § 6 Abs. 1 Nr. 5a IfSG

Nichtnamentliche Meldung an das Gesundheitsamt

Das gehäufte Auftreten nosokomialer Infektionen ist gemäß § 6 Abs. 3 IfSG dem Gesundheitsamt nichtnamentlich als Ausbruch zu melden. 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 (s. Tab. 2.1.2 und 2.1.3).

Literaturhinweise

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. eco-med Medizin, Landsberg/Lech; 2013

Tab. 2.1.2:

Melde- und Übermittlungsinhalte für namentliche Meldungen an das Gesundheitsamt

	Namentliche Arztmeldung	Namentliche Labormeldung	Übermittlung
Personendaten	▶ Name/Vorname des Patienten ▶ Geschlecht ▶ Geburtsdatum ▶ Anschrift ▶ Bei Tuberkulose Geburtsland und Staatsangehörigkeit	▶ Name/Vorname des Patienten ▶ Geschlecht ▶ Geburtsdatum ▶ Anschrift	– ▶ Geschlecht ▶ Monat/Jahr der Geburt ▶ Zuständiges Gesundheitsamt ▶ Bei Tuberkulose Geburtsland und Staatsangehörigkeit
Diagnose	▶ (Verdachts-)Diagnose ▶ Tag der Erkrankung oder der Diagnose, ggf. des Todes	▶ Untersuchungsbefund ▶ Eingangsdatum ▶ Untersuchungsmaterial ▶ Nachweismethode	▶ Diagnose ▶ Tag der Erkrankung oder der Diagnose, ggf. des Todes
Mögliche Infektionsquelle und Exposition	▶ Wahrscheinliche Infektionsquelle ▶ Infektionsland ▶ Blut-, Organ-, Gewebespende (in den letzten 6 Monaten)	–	▶ Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko ▶ Infektionsland ▶ Zugehörigkeit zu Erkrankungshäufung
Kontaktdaten	▶ Kontaktdaten des Meldenden ▶ Kontaktdaten des Labors	▶ Kontaktdaten des Meldenden ▶ Kontaktdaten des einsendenden Arztes/Krankenhauses	–
Weitere Angaben	▶ Aufenthalt in Krankenhaus oder anderer Einrichtung der stationären Pflege ▶ Tätigkeit in Einrichtungen im Sinne der §§ 23, 36, 42 IfSG ▶ Betreuung in Gemeinschaftseinrichtung (§ 33 IfSG)	▶ Vorliegen einer chronischen Hepatitis C	▶ Krankenhausaufenthalt

Tab. 2.1.3:
Melde- und Übermittlungsinhalte für nichtnamentliche Meldungen von gehäuftem Auftreten nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt sowie für nichtnamentliche Meldungen direkt an das RKI

Nichtnamentliche Meldung von gehäuftem Auftreten nosokomialer Infektionen an das Gesundheitsamt		Übermittlung von gehäuftem Auftreten nosokomialer Infektionen	Nichtnamentliche Meldung an das RKI
Personendaten		► Zahl der Betroffenen	► Fallbezogene Verschlüsselung (nur bei HIV) ► Geschlecht ► Monat/Jahr der Geburt ► Erste drei Ziffern der PLZ der Hauptwohnung
Diagnose	► Untersuchungsbefund ► Monat/Jahr der einzelnen Diagnosen	► Untersuchungsbefund ► Monat/Jahr der einzelnen Diagnosen	► Untersuchungsbefund ► Monat/Jahr der Diagnose ► Untersuchungsmaterial ► Nachweismethode
Mögliche Infektionsquelle und Exposition	► Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko	► Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko	► Wahrscheinlicher/-s Infektionsweg/-risiko ► Infektionsland
Kontaktdaten	► Kontaktdaten des Meldenden ► Kontaktdaten der betroffenen Einrichtung	► zuständiges Gesundheitsamt	► Kontaktdaten des Meldenden
Weitere Angaben			► Bei Malaria Angaben zur Expositions-/Chemoprophylaxe

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

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/ifsg-meldanpv/gesamt.pdf>.

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 gehäuftens 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.) bei Annahme bestimmter infektionsepidemiologisch bedeutsamer Sachverhalte (§ 34 Abs. 6 IfSG)
- Fallerfassung durch Ermittlungen der Gesundheitsbehörden, z. B. bei Ausbrüchen (§ 6 Abs. 1 Nr. 2 b, § 7 Abs. 2, § 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 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 § 4 Abs. 2 Nr. 2 a IfSG erstellte Kriterien. 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. 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.

Falldefinitions-kategorien

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

A. Klinisch diagnostizierte Erkrankung

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

B. Klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankung

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

C. Klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankung

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

D. Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei nicht erfülltem klinischen Bild

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

E. Labordiagnostisch nachgewiesene Infektion bei unbekanntem klinischen Bild

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

In der Darstellung der Daten im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch wird auf diese Einordnung Bezug genommen. Die Möglichkeit, nach den einzelnen Falldefinitions-kategorien 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 Falldefinitions-kategorie 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 angege-

ben – 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-labordiagnostisch 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 labordiagnostisch 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.

Bei den Übermittlungskategorien, bei denen die Referenzdefinition 2015 geändert wurde, wurde die Tabelle der übermittelten Fälle nach Kategorie der Falldefinition erweitert. Dort ist dargestellt, wie viele Fälle gemäß Falldefinition mit Stand 2015 und wie viele gemäß älterer Falldefinitions-versionen bewertet und übermittelt wurden.

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

Tab. 2.2.1:
Zuordnung der meldepflichtigen Krankheiten zur Referenzdefinition gemäß Falldefinitions-kategorien

Meldepflichtige Krankheit	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, Läuserückfall-fieber, Legionellose, Leptospirose, Milzbrand, Ornithose, Paratyphus, Q-Fieber, Rotavirus-Gastroenteritis, Röteln (postnatale Infektion), Salmonellose, Shigellose, Tollwut, Trichinellose, Tularämie, Typhus, Yersiniose, Zikavirus-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 (koninatale Infektion), Tuberkulose, vCJK, Windpocken	■	■	■		
Hepatitis B, Hepatitis C, Hepatitis D, MRSA (invasive Infektion), Poliomyelitis			■	■	■
<i>Haemophilus influenzae</i> (invasive Infektion), Listeriose, Pest		■	■	■	■
CJK, Meningokokken (invasive Infektion)	■	■	■	■	■

Krankheiten werden auch Erregernachweise ohne klinisches Bild ausgewiesen. Das betrifft vor allem HIV-Infektionen und Syphilis.

Literaturhinweise

Diercke M: *Meldepflicht von Infektionskrankheiten: Weniger Aufwand für den Arzt*. Dtsch Ärztebl 2015; 112:A-1170/B-978/C-950.

Diercke M, Benzler J, Schöneberg I, et al.: *Falldefinitionen für die Surveillance meldepflichtiger Infektionskrankheiten in Deutschland, Ausgabe 2015*. Bundesgesundheitsbl-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 2014; 57:1107–1110.

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

Meldewoche

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 2016 fallen 52 Wochen, wobei die Meldewoche 1 mit dem 04.01.2016 (einem Montag) beginnt und die Meldewoche 52 mit dem 01.01.2017 (einem Sonntag) endet. Die ersten 3 Tage des Kalenderjahres 2016 werden dem Meldejahr 2015 zugeordnet, und 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 Mel-

dung, 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.

Zeitlicher Verlauf

In den krankheitsspezifischen Kapiteln werden sowohl saisonale Schwankungen als auch Trends beschrieben.

Zuordnung nach Ort

Namentlich zu meldende Krankheiten und Erregernachweise werden örtlich dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt des Hauptwohnsitzes des Patienten zugeordnet, was in der Regel dem Zuständigkeitsbereich des übermittelnden Gesundheitsamtes entspricht (s. Kap. 2.1). 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 reisessoziierten 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. Während bei konnataler Toxoplasmose 100 %, bei Syphilis und Echinokokkose jeweils bei 93 % der Fälle Angaben zur PLZ des Patienten vorhanden waren, stand diese Information nur für 88 % der Malaria-Infektionen und 74 % der gemeldeten HIV-Infektionen zur Verfügung. Die Zuordnung nach der PLZ des meldenden Labors erfolgte im Jahr 2016 nur für sehr wenige der gemeldeten Fälle.

Die PLZ erlaubt nicht immer eine eindeutige Zuordnung zum Bundesland, da einzelne Postleitzahlbereiche Bundeslandsgrenzen überschreiten. In diesen Fällen wurden die Postleitzahlbereiche auf der Basis der Bevölkerungsverteilung jeweils einem Bundesland zugeordnet. Aufgrund der beschriebenen Hindernisse werden die nichtnamentlichen Meldungen in der Regel lediglich dem Bundesland, nicht jedoch dem Landkreis bzw. der kreisfreien Stadt zugeordnet.

Tab. 2.2.2:

Informationsquellen für die örtliche Zuordnung nichtnamentlich an das RKI gemeldeter Erregernachweise, Deutschland, 2016

Krankheit	Anzahl berücksichtigter Fälle	Nach PLZ des Patienten-Wohnortes	Nach PLZ des ein-sendenden Arztes	Nach PLZ des meldenden Labors
Echinokokkose	109	93 %	6 %	2 %
HIV-Infektion	3.419	74 %	21 %	5 %
Malaria	970	88 %	10 %	2 %
Syphilis	7.175	93 %	6 %	1 %
Toxoplasmose, konnatale Infektion	10	100 %	0 %	0 %

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 meisten 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 krankheits-spezifischen Kapitel wird dargestellt, wie stark die jeweiligen Altersgruppen von der Krankheit betroffen sind. Je nach Krankheit werden unterschiedliche Altersgruppen dargestellt. Auf eine Abbildung wird in der Regel verzichtet, wenn die Gesamtfallzahl unter 100 liegt.

Geschlecht

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

Inzidenzen

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

Als Inzidenz wird dabei die Anzahl der übermittelten Fälle pro Jahr bezogen auf 100.000 Personen der jeweils zugrundeliegenden Bevölkerung berechnet. Im Meldesystem können in der Regel nur die Fälle von Infektionskrankheiten erfasst werden, die im medizinischen Versorgungssystem z. B. von niedergelassenen 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 aufgegliedert 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. Weiterhin ist unklar, inwieweit die hohe Anzahl von Asylsuchenden in den Jahren 2015 und 2016 in Deutschland die Bevölkerungsstatistik beeinflusst.

Als Grundlage der Inzidenzberechnungen für das Meldejahr 2016 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 Darstellungen nach Bundesland Inzidenzen statt Fallzahlen verwendet. Dadurch wird nicht nur die Vergleichbarkeit zwischen den Bundesländern mit ihren unterschiedlich großen Bevölkerungszahlen gewährleistet, sondern auch dem Umstand Rechnung getragen, dass sich die Bevölkerungszahlen der einzelnen Bundesländer im Berichtszeitraum unterschiedlich entwickeln können.

Datenstand

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 2016 Fallzahlen für das Jahr 2015 als Vergleich herangezogen werden, wird der Datenstand 01.03.2017 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 2015 geringfügig von der Angabe im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch für 2015 – mit Datenstand 01.03.2016 – 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.

Die Veröffentlichung der nichtnamentlichen Meldungen erfolgt – durchschnittlich um zwei Monate gegenüber dem Diagnosedatum verzögert – in der jeweils ersten Ausgabe des Epidemiologischen Bulletins eines Monats.

3 Datenqualität

3.1 EDV-technische Unterstützung

Die namentlichen Meldungen an das Gesundheitsamt, die über verschiedene Kommunikationswege (z. B. Telefon, Fax, E-Mail) 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 174 (46 %) 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 ano-

nymisiert 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. Im Jahr 2011 wurden mit der Umstellung von SurvNet@RKI Version 2 auf Version 3 umfassende Änderungen implementiert.

Die aktuellen Versionen des Programms sowie die Änderungshistorie sind auf den Internetseiten des RKI abrufbar.

Bis März 2017 wurden in 372 (99 %) Gesundheitsämtern SurvNet@RKI-Version-3-kompatible Softwareprodukte eingeführt (s. Tab. 3.1.1), d. h. 5 Gesundheitsämter nutzen ein veraltetes Produkt. Seit Beginn 2017 werden Daten, die nicht mit SurvNet@RKI-Version-3-kompatibler Software übermittelt wurden, nicht mehr in den offiziellen Statistiken des RKI veröffentlicht. Dies wird jedoch

Tab. 3.1.1:

Verteilung der Softwareprodukte zur Erfassung der Meldedaten in den 377 datenliefernden Gesundheitsämtern

Software	Datenliefernde Gesundheitsämter		Davon Gesundheitsämter mit SurvNet@RKI-Version-3-kompatibler Software		Davon Gesundheitsämter mit Falldefinitionsversion 2015	
	Anzahl	Anteil an Gesamt	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl
SurvNet@RKI	174	46 %	174	100 %	3	171
Gumax	18	5 %	18	100 %	18	0
ISGA	53	14 %	53	100 %	53	0
MikroPro	10	3 %	10	100 %	0	10
Octoware	88	23 %	83	94 %	82	1
Unisoft	34	9 %	34	100 %	34	0
Gesamt	377	100 %	372	99 %	190	172

erst auf die Daten im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2017 Auswirkungen haben.

Am 01.01.2015 sowie nach Einführung der IfSG-MeldAnpV am 01.05.2016 sind aktualisierte Falldefinitionen in Kraft getreten, deren veränderte Spezifikationen auch in der Übermittlungssoftware implementiert werden mussten. Diese Umstellung wurde nur verzögert in den Gesundheitsämtern umgesetzt.

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.

Literaturhinweis

RKI: *SurvNet@RKI – Das Meldesystem zum IfSG – Anwenderhandbuch*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Software/software_node.html

3.2 Sicherung der Datenqualität

Das RKI unterstützt und betreut 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.

Zu den so identifizierten Quellen für Datenfehler werden den Gesundheitsämtern – aber auch den Meldepflichtigen – Informationen, Erläuterungen und Hilfsmittel zur Verfügung gestellt, um derartige Fehler zu vermeiden. Beispiele für entsprechende Angebote des RKI an die Gesundheitsämter sind:

- ▶ Informationsbriefe, in denen Hinweise zur Bearbeitung der Meldedaten gegeben werden
- ▶ SurvNet@RKI-Handbuch
- ▶ Erläuterungen im Rahmen der Einzelfallkontrolle
- ▶ Teilnahme von RKI-Mitarbeitern an Dienstbesprechungen und Schulungen, die meist 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) stets identisch ist, sofern dies übermittlungspflichtige Dateninhalte betrifft.

Literaturhinweise

RKI: *Software – SurvNet@RKI. Postleitzahl-Tool des Robert Koch-Institutes*. 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

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 deutsche Meldewesen (s. Kap. 2) erfasst nur diejenigen Erkrankungen oder Infektionen, die im medizinischen Versorgungssystem, also in der Regel von niedergelassenen Ärzten, Ärzten in Krankenhäusern oder Laboren, erkannt werden. Asym-

ptomatische Infektionen werden in der Regel nur im Rahmen von Routineuntersuchungen (z. B. bei betriebsärztlichen Untersuchungen) oder Umgebungsuntersuchungen bei Ausbrüchen laboridiagnostisch 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 laboridiagnostische 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 §§ 6, 7 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 Aufnahme der 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 Kranken-

häuser 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 Salmonellen 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 Salmonellen, 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

Die gesetzliche Meldepflicht gemäß §§ 6, 7 IfSG soll sicherstellen, dass alle in die Meldepflicht aufgenommenen Tatbestände gemeldet werden, sofern sie den Meldepflichtigen – also in der Regel den Ärzten und Laboren – bekannt werden. Dieser Meldepflicht wird jedoch nicht immer Folge geleistet, 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 Vollständigkeit der Meldungen:

- ▶ Ärzte oder Labore sind sich ihrer Meldepflicht für einzelne Krankheiten 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 Meldesystem für den Infektionsschutz (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 epidemiologischen Überwachung von Infektionskrankheiten sicherzustellen. Für jede meldepflichtige Infektionskrankheit und jeden meldepflichtigen Erregernachweis wird durch die Falldefinition ein Kriterienkatalog zur Verfügung gestellt, auf dessen Grundlage das Gesundheitsamt die Entscheidung fällt, einen Fall zu übermitteln. 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

- 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.
- Platt D, Mangen 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.

3.4 Vollständigkeit der Datensätze

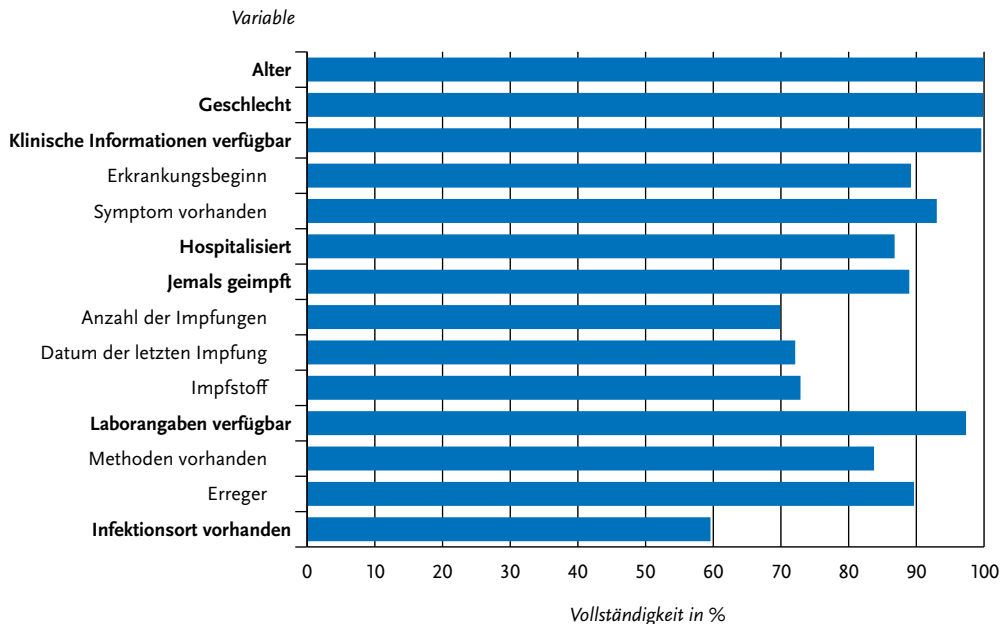
Die Datenqualität ist in einem System mit Einzelfallmeldungen u. a. deshalb von besonderer Bedeutung, weil alle Meldungen eine Fülle von Informationen enthalten, die wertvolle Auswertungen ermöglichen.

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 Erregerigenschaften 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 in über 90 % vollständig. Angaben, 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 89 % bzw. 59 % der Fälle vor (s. Abb. 3.4.1).

Abb. 3.4.1:

Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu ausgewählten Variablen, Deutschland, 2016



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 ge-

meldeten 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 2016 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 für dieses Jahr nur die Fälle ein, die mittels SurvNet@RKI Version 3 oder kompatibler Software vom Gesundheitsamt übermittelt wurden. Im Vergleich zu 2015 hat sich die Zahl dieser Fälle von 243.870 auf 252.641 erhöht, das sind 75 % aller übermittelten Fälle.

Fälle, die nicht mit SurvNet@RKI Version 3 übermittelt werden, erfassen lediglich die Melde-

woche anstelle von datumsgenauen Angaben, somit kann bei diesen kein Zeitintervall in Tagen gemessen werden.

Folgende in der Datenbank am RKI vorliegenden Zeitangaben wurden zur Berechnung der Dauer verwendet:

- ▶ **Erkrankungsdatum:** Datum des Erkrankungsbeginns
- ▶ **Diagnosedatum:** Datum der Diagnose durch einen Arzt oder durch ein Labor (bei differierenden Angaben in der Arzt- oder Labormeldung bzw. in der Meldung aus einer Gemeinschaftseinrichtung das früheste Datum)
- ▶ **Meldedatum:** Datum des Eingangs einer Meldung beim Gesundheitsamt
- ▶ **Falleingabedatum:** Datum der Eingabe des Falls in die Übermittlungssoftware am Gesundheitsamt; entspricht dem Eingabe-Zeitstempel am Gesundheitsamt der ersten übermittelten Version des Falls
- ▶ **Eingangsdatum beim RKI:** Zeitstempel der Übernahme eines Falls in die RKI-Datenbank
- ▶ **Freischaltungsdatum:** Tag, an dem ein Fall, der der Einzelfallkontrolle durch einen Mitarbeiter des RKI unterliegt, zur Veröffentlichung freigegeben wurde.

Eine gesonderte Betrachtung des Meldeverzugs für Krankheiten durch Erreger, die gemäß § 7 Abs. 3 IfSG meldepflichtig sind, entfällt, da bei diesen nichtnamentlich meldepflichtigen Erregernachweisen der Diagnosezeitpunkt lediglich monatsge-

nau angegeben werden darf und die Berechnung deshalb zu ungenau wäre.

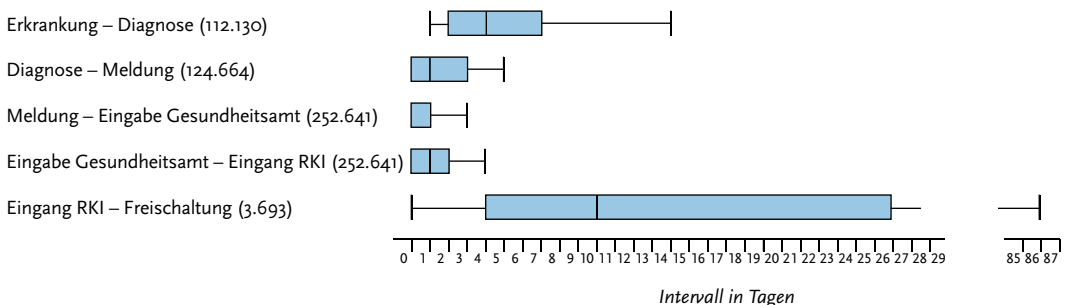
Verzug auf dem Melde- und Übermittlungsweg

Die erste Verzögerung betrifft die Zeitspanne vom Erkrankungsdatum bis zum Diagnosedatum. Sie hängt von Art, Schwere und Verlauf der Erkrankung, vom Verhalten des Erkrankten und von der Art der Diagnosestellung ab und lässt sich demgemäß nur schwer beeinflussen. Dieses Intervall (Erkrankungsbeginn – Diagnosedatum) konnte bei 112.130 (44 %) der Fälle berechnet werden. Im Jahr 2016 dauerte es im Median 4 Tage vom Beginn der Erkrankung bis zum Diagnosedatum. Bei den mittleren 50 % der Fälle, also jenen zwischen dem 25. und dem 75. Perzentil, vergingen zwischen Erkrankungsbeginn und Diagnosestellung 2 (p25) bis 7 Tage (p75).

Der Verzug auf dem Meldeweg, definiert als Zeitraum zwischen Diagnosedatum und Meldedatum, sollte gemäß § 9 Abs. 3 IfSG 24 Stunden nicht überschreiten. Bei 49 % der im Jahr 2016 mittels SurvNet@RKI Version 3 übermittelten Fälle konnte diese Zeitspanne bestimmt werden. Der Median lag wie auch im Vorjahr bei 1 Tag (p25=0; p75=3).

Weitere Verzögerungen können durch die Bearbeitung im Gesundheitsamt (Zeitraum zwischen Meldedatum und Falleingabedatum im Gesundheitsamt) verursacht werden. Bei allen der für 2016 mittels SurvNet@RKI Version 3 übermittelten Fälle konnte das Intervall zwischen Meldeda-

Abb. 3.5.1:
Melde- und Übermittlungsverzug der namentlich meldepflichtigen Krankheiten und Erregernachweise, Deutschland, 2016
(Anzahl der ausgewerteten Fälle in Klammern)



tum und Falleingabedatum bestimmt werden. Im Median belief sich der Verzug auf 0 Tage ($p_{25}=0$, $p_{75}=1$).

Der Verzug auf dem Übermittlungsweg (Zeitraum zwischen dem Falleingabedatum und Eingangsdatum am RKI) betrug im Median 1 Tag ($p_{25}=0$; $p_{75}=2$).

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 3.693 der einer Einzelfallkontrolle unterliegenden Fälle berechnet. Der Median lag bei 10 Tagen ($p_{25}=4$; $p_{75}=26$).

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.

3.6 Prozentuale Ergebnisdarstellung

In den erregerspezifischen Abschnitten in Kapitel 6 werden für einige Variablen nicht nur die absoluten Häufigkeiten, sondern auch relative Häufigkeiten angegeben. Die Summen der Prozentwerte können rundungsbedingt geringfügig von 100 % abweichen.

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« nachgelesen werden. Beim krankheitsübergreifenden Vergleich ist zu beachten, dass für die verschiedenen Krankheiten unterschiedliche Falldefinitionskategorien die Referenzdefinitionen erfüllen (s. Kap. 2.2). So werden z. B. für Norovirus-Gastroenteritis nur klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen gezählt (Falldefinitionskategorie C), während bei anderen gastrointestinalen Krankheiten, wie z. B. bei Rotavirus-Gastroenteritis, neben klinisch-labordiagnostisch bestätigten Erkrankungen (Falldefinitionskategorie C) auch klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen (Falldefinitionskategorie B) die Referenzdefinition erfüllen.

4.1 Inzidenzen

In Abb. 4.1.1 sind die Inzidenzen und Fallzahlen aller meldepflichtigen Krankheiten dargestellt, bei denen im Jahr 2016 mindestens ein Fall aufgetreten ist. Zu den häufigsten Krankheiten gehören hauptsächlich gastrointestinale Krankheiten, wie Norovirus-Gastroenteritis (103 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner), *Campylobacter*-Enteritis (90), Rotavirus-Gastroenteritis (28) und Salmonellose (16), aber auch impfpräventable Krankheiten, wie Influenza (78), Windpocken (30) und Keuchhusten (17).

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 2016 altersgruppenspezifisch dargestellt. Die Gesamtinzidenz war bei Säuglingen und Kindern in den Altersgruppen von 0 bis 4 Jahren am höchsten, gefolgt von der Altersgruppe der Kinder im Alter zwischen 5 und 9 Jahren und 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 2016 dargestellt. Die Übermittlungskategorien sind nach Median (50. Perzentil; Linien) sortiert, und 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). Der Median von weiteren impfpräventablen Krankheiten, wie Mumps und Keuchhusten, lag hingegen bei 25 und 34 Jahren. Sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten, wie Hepatitis B und C, HIV und Syphilis, betrafen im Median v. a. Personen im Alter (Median) zwischen 34 und 43 Jahren. Reiseassoziierte Krankheiten, wie Denguefieber und Malaria, traten bei Personen im Alter (Median) von 30 und 34 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 72 und 80 Jahren.

Abb. 4.1.1:
Inzidenz (logarithmisch) und Anzahl der Fälle aller meldepflichtigen Krankheiten mit mindestens einem Fall,
Deutschland, 2016

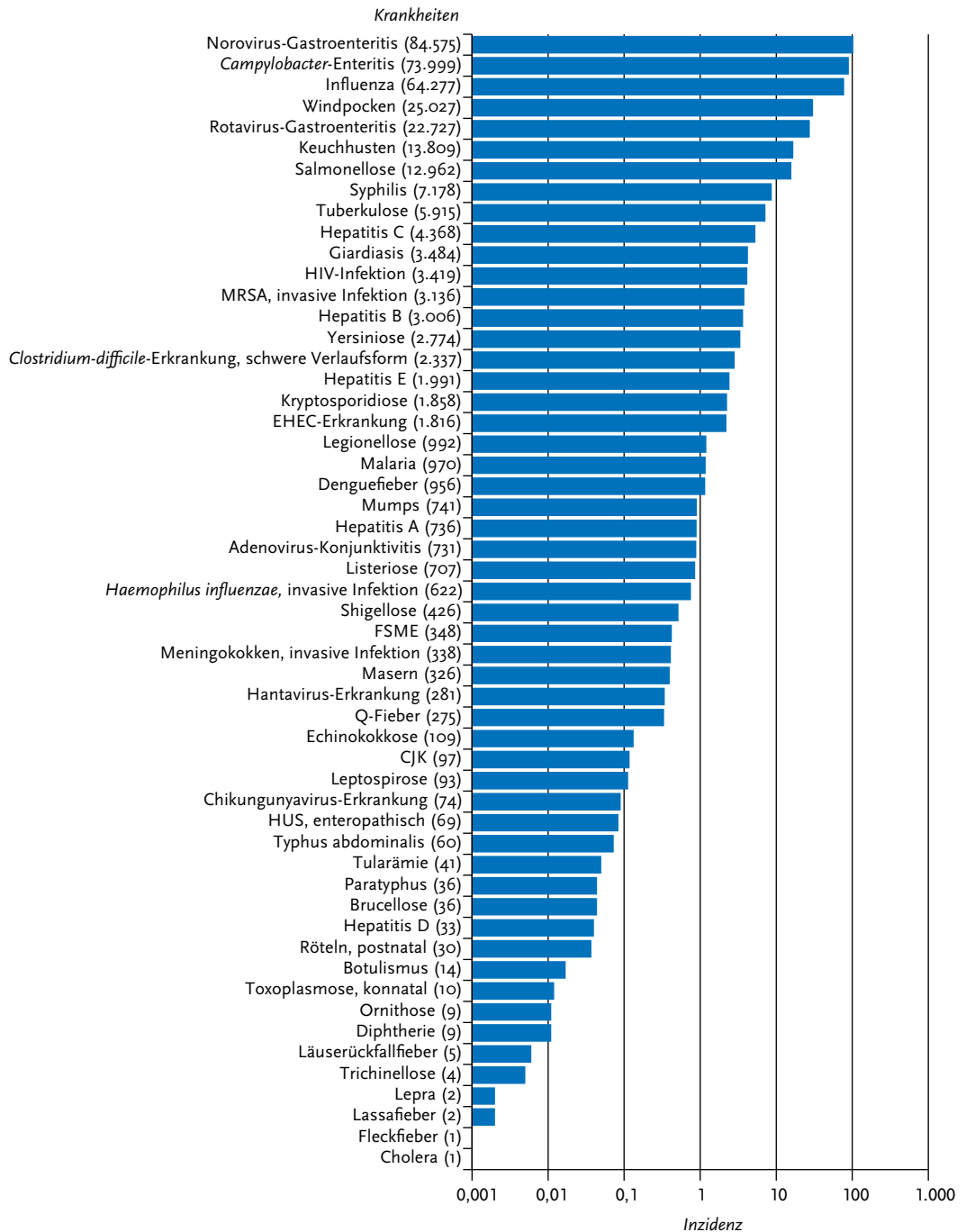


Abb. 4.2.1:
Gesamteinzidenz aller meldepflichtigen Krankheiten nach Altersgruppe, Deutschland, 2016

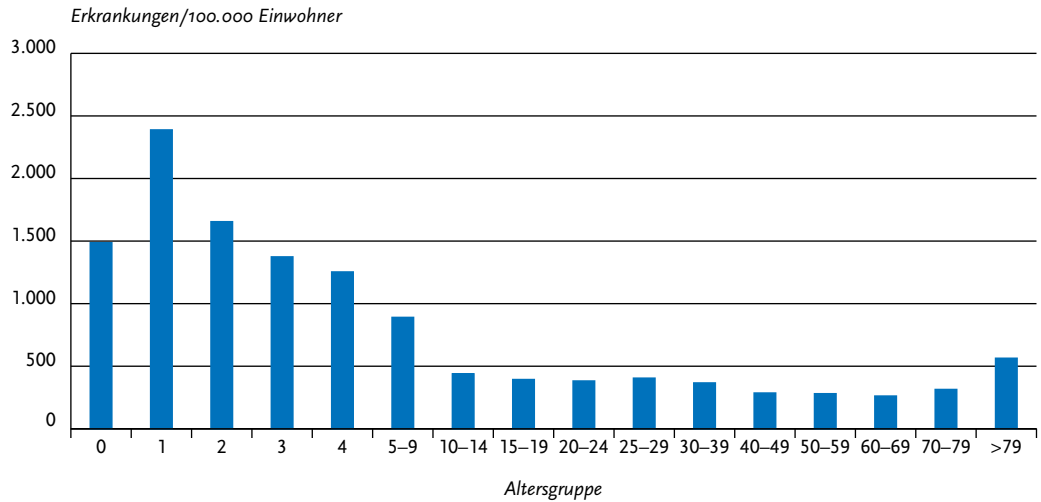
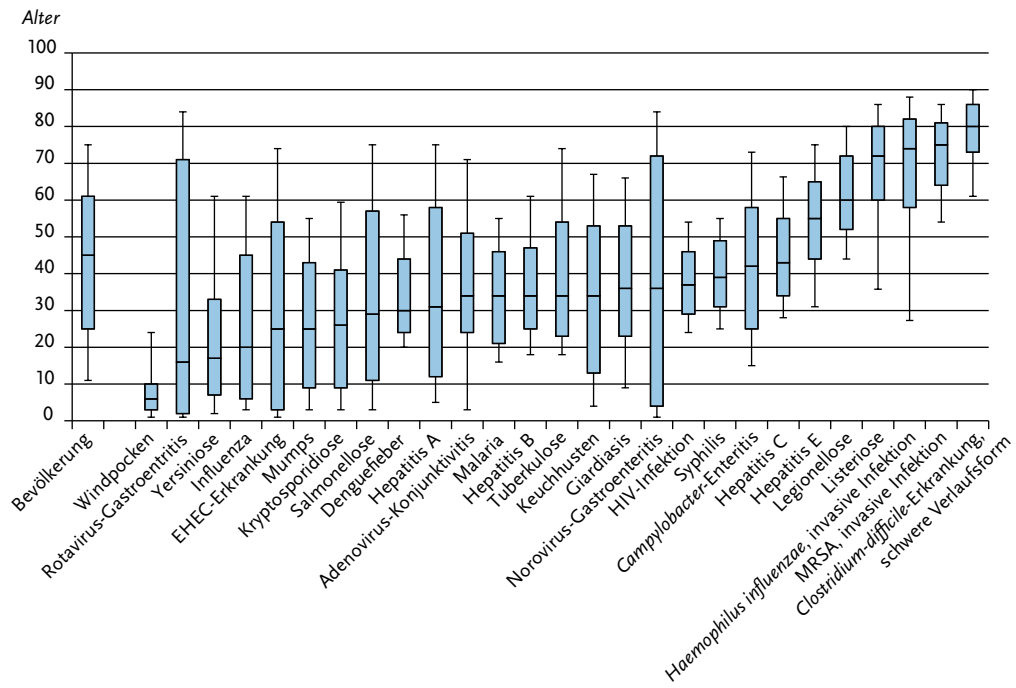


Abb. 4.2.2:
Verteilung der Fälle (Median sowie 10., 25., 75. und 90. Perzentile) nach Alter bei meldepflichtigen Krankheiten mit über 600 Fällen, Deutschland, 2016



Fälle nach Geschlecht

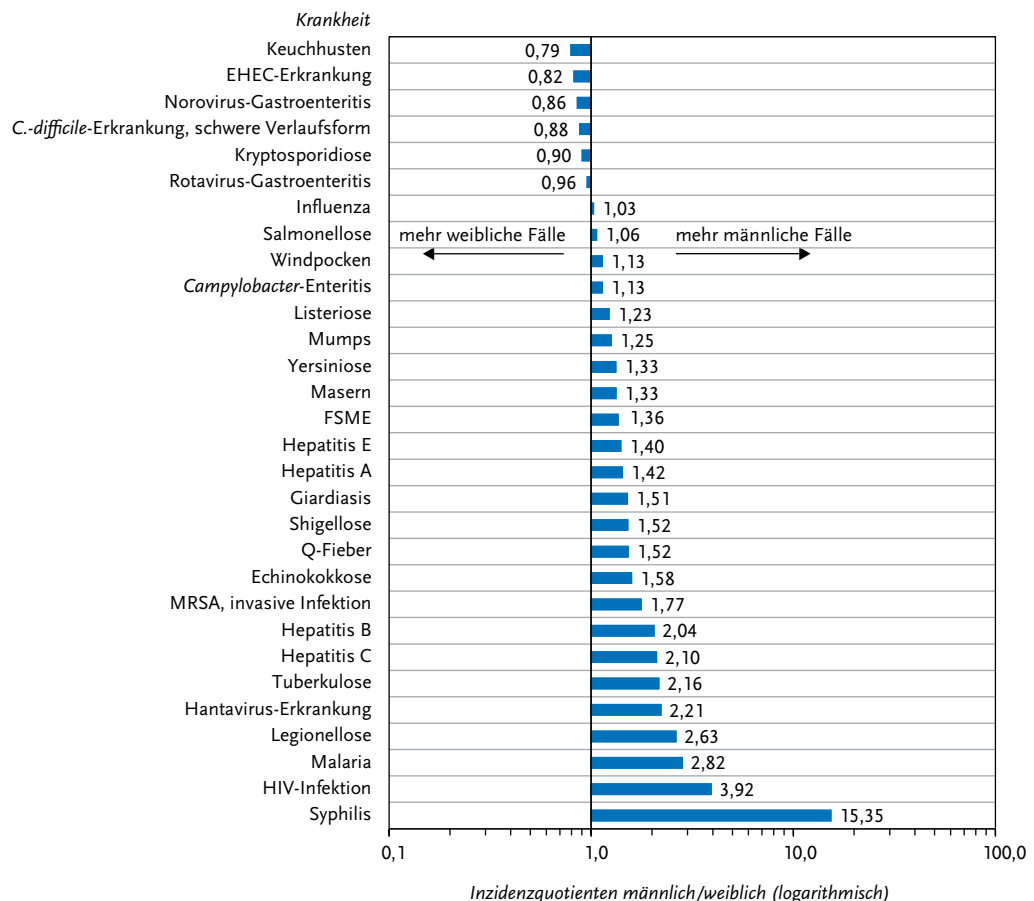
In Abb. 4.2.3 sind die Krankheiten mit statistisch signifikanten ($p < 0,05$) Inzidenzunterschieden bei Männern und Frauen sowie einer Mindestanzahl von 100 übermittelten Fällen dargestellt. Bei der Mehrzahl der meldepflichtigen Krankheiten war die Inzidenz bei Männern höher als bei Frauen. Das gilt v. a. für sexuell und durch Blut übertragbare Krankheiten wie Syphilis, HIV-Infektion, Hepatitis C und Hepatitis B, aber auch für Malaria und Legionellose. Dagegen waren die Inzidenzen von Keuchhusten, EHEC-Erkrankung, Norovirus-Gastroenteritis, Kryptosporidiose, Rotavirus-Gastroenteritis, schwer-verlaufender *Clostridium-difficile*-Erkrankung, Kryptosporidiose und Rotavirus-Gastroenteritis bei Frauen höher als bei Männern.

troenteritis, 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. Erregernachweise, die nichtnamentlich direkt an das RKI gemeldet werden, wurden hierbei nicht

Abb. 4.2.3:
Verhältnis der Inzidenzen männlicher und weiblicher Fälle (Inzidenzquotient logarithmisch) für Krankheiten mit statistisch signifikanten Geschlechtsunterschieden und mindestens 100 Fällen, Deutschland, 2016



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, invasive Meningokokken-Erkrankung, 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.

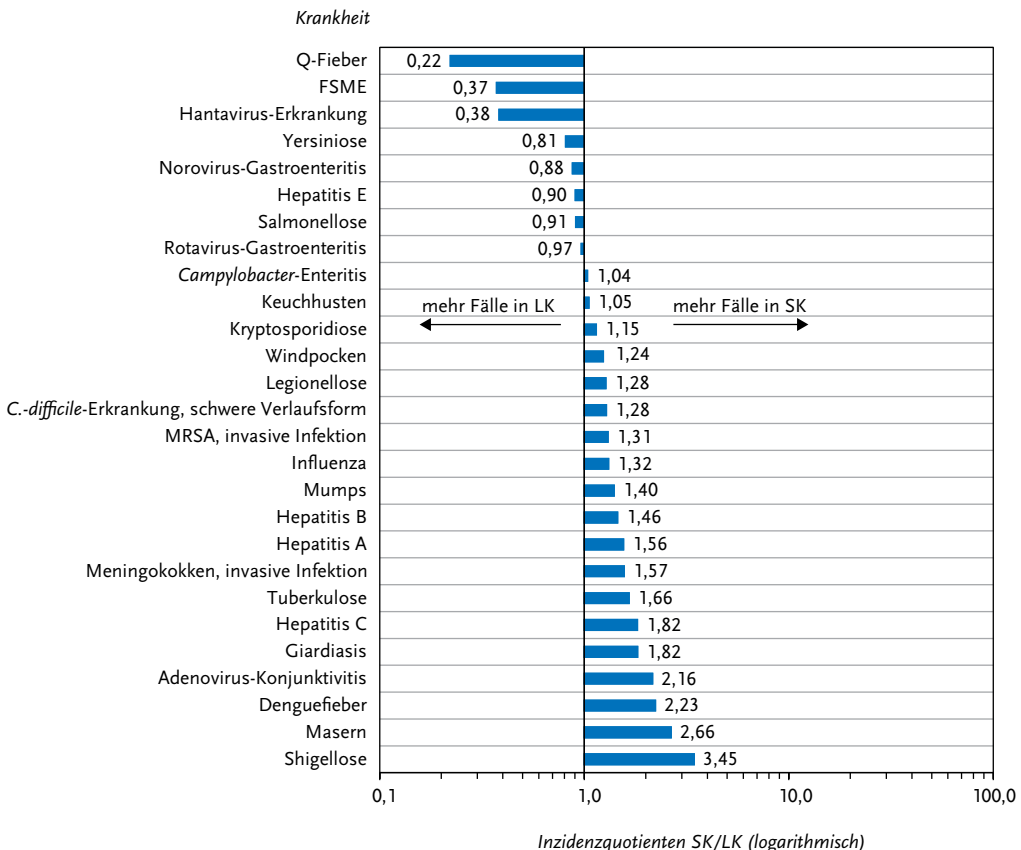
4.3 Klinische Aspekte

Hospitalisierungen

In Tab. 4.3.1 sind die Anzahl und der Anteil der hospitalisierten Fälle von namentlich an das Gesundheitsamt meldepflichtigen Krankheiten mit mehr als 100 Fällen im Jahr 2016 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 86 % der übermittelten

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, 2016



Fälle vor. Von diesen wurden insgesamt 35 % stationär im Krankenhaus behandelt.

Die höchsten Hospitalisierungsraten von mehr als 95 % wurden für die invasive Meningokokken-Infektion, schwer-verlaufende *Clostridium-difficile*-Erkrankung, invasive MRSA-Infektion, invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektion, Listeriose und Legionellose ermittelt. Die größte Anzahl von Hospitalisierungen wurde bei Norovirus-Gastroenteritis (39.501), *Campylobacter*-Enteritis (15.527), Influenza (11.845) und Rotavirus-Gastroenteritis (10.325) beobachtet. Das sind gleichzeitig die Krankheiten mit den höchsten Fallzahlen.

Todesfälle

Obwohl Angaben zum Tod zu den melde- und übermittlungspflichtigen Meldeinhalten 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 abge-

schlossen 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 96 % 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 2016 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 Verstorbenen wurde für *Clostridium-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf (28 %), Listeriose (7,1 %), invasive MRSA-Infektion (6,5 %), invasive Meningokokken-Erkrankung (6,2 %), Legionellose (4,7 %), invasive *Haemophilus-influenzae*-Erkrankung (4,2 %) und Tuberkulose (1,7 %) übermittelt. Die größte Anzahl von Todesfällen wurde bei schwer verlaufenden *Clostridium-difficile*-Erkrankungen (624), invasiven MRSA-Infektionen (196), Influenza (152) und Tuberkulose (100) 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, 2016

	Fälle gesamt	Fälle mit Angaben zur Hospitalisierung	Hospitalisierte Fälle		Fälle mit Angabe zum Tod	Verstorbene Fälle	
	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)	Anzahl	Anzahl	Anteil (%)
Adenovirus-Konjunktivitis	731	563	68	12	704	0	0
<i>Campylobacter</i> -Enteritis	73.999	64.952	15.527	24	71.323	4	0
<i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	2.337	2.270	2.203	97	2.251	624	28
Denguefieber	956	839	286	34	950	0	0
EHEC-Erkrankung	1.816	1.607	419	26	1.767	0	0
FSME	348	337	296	88	347	1	0
Giardiasis	3.484	2.865	357	13	3.390	0	0
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	622	585	565	97	591	25	4
Hantavirus-Erkrankung	281	264	203	77	264	0	0
Hepatitis A	736	670	428	64	717	2	0
Hepatitis B	3.006	2.130	424	20	2.908	6	0
Hepatitis C	4.368	3.343	808	24	4.243	11	0
Hepatitis E	1.991	1.798	1.076	60	1.932	7	0
Influenza	64.277	52.998	11.845	22	61.701	152	0
Keuchhusten	13.809	11.751	682	5,8	13.420	3	0
Kryptosporidiose	1.858	1.603	179	11	1.792	0	0
Legionellose	992	947	912	96	962	45	5
Listeriose	707	666	642	96	678	48	7
Masern	326	306	168	55	315	0	0
Meningokokken, invasive Infektion	338	334	332	99	337	21	6
MRSA, invasive Infektion	3.136	3.031	2.932	97	3.015	196	7
Mumps	741	634	121	19	719	0	0
Norovirus-Gastroenteritis	84.575	74.549	39.501	53	81.501	22	0
Q-Fieber	275	249	116	47	270	0	0
Rotavirus-Gastroenteritis	22.727	19.594	10.325	53	21.471	9	0
Salmonellose	12.962	11.364	4.442	39	12.577	18	0
Shigellose	426	359	87	24	414	0	0
Tuberkulose	5.915	5.265	4.699	89	5.733	100	2
Windpocken	25.027	19.762	887	4,5	24.297	0	0
Yersiniose	2.774	2.394	704	29	2.689	1	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. 6.38) 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 krankheitsübergreifen-

den Auswertungen nicht berücksichtigt oder gesondert dargestellt.

5.1 Häufigkeit und Dauer der Ausbrüche

In Abb. 5.1.1 sind die Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch für die unterschiedlichen Krankheiten dargestellt. Für das Meldejahr 2016 wurden insgesamt 5.752 Ausbrüche übermittelt.

Die Krankheiten mit den meisten Fällen verursachten 2016 auch die meisten Ausbrüche. Für Influenza wurden die meisten Ausbrüche (1.936) mit insgesamt 8.274 darin enthaltenen Fällen übermittelt. Danach folgen Windpocken mit 1.249 Ausbrüchen und 5.489 Fällen sowie Rotavirus-Gastroenteritis mit 789 Ausbrüchen und 6.042 Fällen. Danach folgen Keuchhusten (682 Ausbrüche mit 2.062 Fällen) sowie potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche durch *Campylobacter*-Enteritis (477 Ausbrüche mit 1.251 Fällen) und Salmonellose (216 Ausbrüche mit 665 Fällen) (s. Tab. 5.2.1 und 5.2.4, Abb. 5.1.1 a).

Ausbrüche mit den meisten Fällen pro Ausbruch wurden durch Q-Fieber verursacht, in dieser Kategorie wurden im Jahr 2016 9 Ausbrüche mit im Durchschnitt 17 Fällen übermittelt (s. Abb. 5.1.1 und Tab. 5.2.4). 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. 5.1.2 sind der Median sowie das 25. und 75. Perzentil der Ausbruchsdauer der Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen dargestellt. Ausbrüche bedingt durch Q-Fieber (Median 96 Tage) und Hepatitis A dauerten am längsten (Median: 44 Tage).

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

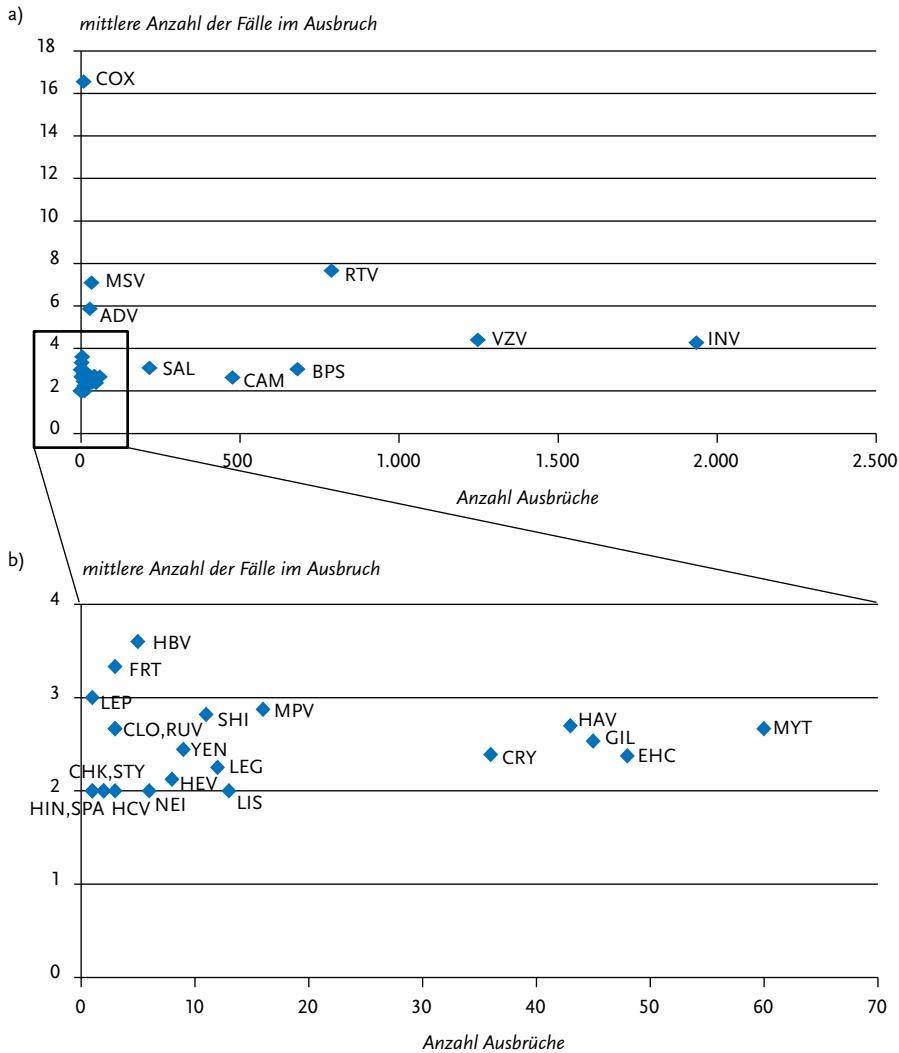
Seit 2004 werden im Rahmen der integrierten Ausbruchserfassung in SurvNet@RKI auch Daten zur Bedeutung von Lebensmitteln als Infektionsvehikel in Ausbrüchen erhoben. Diese Daten sind wichtig für die epidemiologische Betrachtung lebensmittelbedingter Ausbrüche in Deutschland sowie für die Identifizierung des hieraus resultierenden Präventions- und Forschungsbedarfs.

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 Ausbruchsdocumentation 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*, *Giardia lamblia*, Hepatitis-A-Virus, Hepatitis-E-Virus, *Listeria monocytogenes*, Norovirus, *Salmonella* Paratyphi, *Salmonella* spp., *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 (vormals 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.

Abb. 5.1.1:
Anzahl der übermittelten Ausbrüche sowie die mittlere Anzahl von Fällen pro Ausbruch
für die meldepflichtigen Krankheiten (ohne Norovirus-Gastroenteritis), Deutschland, 2016

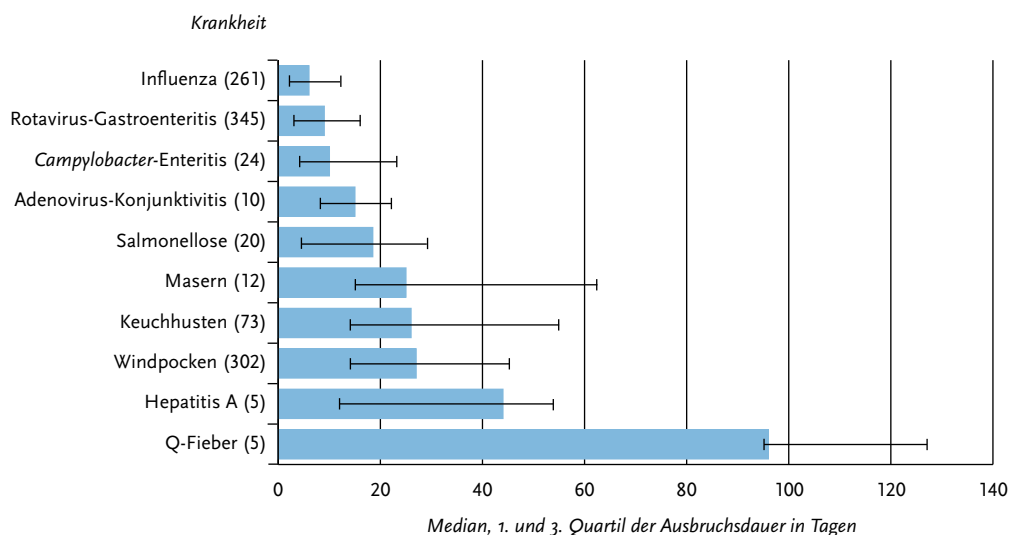


ADV: Adenovirus-Konjunktivitis
BPS: Keuchhusten
CAM: *Campylobacter*-Enteritis
CHK: Chikungunyavirus-Erkrankung
CLO: Botulismus
COX: Q-Fieber
CRY: Kryptosporidiose
EHC: EHEC-Erkrankung (mit HUS)
FRT: Tularämie
GIL: Giardiasis
HAV: Hepatitis A

HBV: Hepatitis B
HCV: Hepatitis C
HEV: Hepatitis E
HIN: *Haemophilus influenzae*,
invasive Infektion
INV: Influenza
LEG: Legionellose
LEP: Leptospirose
LIS: Listeriose
MPV: Mumps
MSV: Masern

MYT: Tuberkulose
NEI: Meningokokken, invasive
Infektion
RTV: Rotavirus-Gastroenteritis
RUV: Röteln
SAL: Salmonellose
SHI: Shigellose
SPA: Paratyphus
STY: Typhus abdominalis
VZV: Windpocken
YEN: Yersiniose

Abb. 5.1.2:
Mittlere Ausbruchsdauer (Median) der 10 Krankheiten, deren Ausbrüche (5 oder mehr Fälle) am häufigsten waren, Deutschland, 2016 (Anzahl der ausgewerteten Ausbrüche mit 5 oder mehr Fällen in Klammern)



Im Jahr 2016 wurden 915 potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche (ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche) an das RKI übermittelt. Das waren ca. 7% weniger Ausbrüche als im Vorjahr ($n=985$). Insgesamt sind 2016 in diesen Ausbrüchen 2.466 Erkrankungen aufgetreten (s. Tab. 5.2.1). Bei 477 Ausbrüchen war als Erreger *Campylobacter* spp. angegeben. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Anzahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüche in etwa gleich geblieben. Bei 216 Ausbrüchen war als Erreger *Salmonella* spp. angegeben. Die Anzahl der übermittelten Salmonellose-Ausbrüche sank im Vergleich zum Jahr 2015 um 16%. Damit setzt sich der schon in den Vorjahren beobachtete Rückgang der Anzahl der Salmonellose-Ausbrüche weiter fort. Im Zusammenhang mit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurden 3 Todesfälle übermittelt.

Ausbrüche mit Angaben zum Lebensmittel oder zur Mahlzeit

Insgesamt wurden 328 der potenziell lebensmittelbedingten Ausbrüche (36%; 2015: 32%) als **explizit lebensmittelbedingt** übermittelt. Sie betrafen insgesamt 1.068 Erkrankte (s. Tab. 5.2.1). Darunter waren 208 Ausbrüche durch *Campylobacter* spp. (63%) mit 662 Fällen und 85 Ausbrüche durch *Salmonella* spp. (26%) mit 310 Fällen (s. Tab. 5.2.1).

Bei 187 Ausbrüchen (57%) wurden keine Angaben zum verdächtigten Lebensmittel übermittelt. Unter den übrigen 141 Ausbrüchen wurde insgesamt 167-mal ein Infektionsvehikel angegeben (Mehrfachnennungen möglich), darunter waren am häufigsten die Lebensmittel Fleisch oder Fleischprodukte ($n=71$; 43%), Milch oder Milchprodukte ($n=30$; 18%), Ei oder Eiprodukte ($n=21$; 13%), Suppen oder Saucen ($n=13$; 7,8%) und Fisch oder Meeresfrüchte ($n=12$; 7,2%). Bei den explizit lebensmittelbedingten Ausbrüchen wurde auch

Tab. 5.2.1:
Potenziell (durch über Lebensmittel übertragbare Erreger) und explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2016

Erreger	Potenziell lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche	Anzahl zugeordneter Erkrankungen	Anzahl zugeordneter Todesfälle
Bakterien					
<i>Campylobacter</i> spp.	477	1.251	208	662	0
<i>Salmonella</i> spp.	216	665	85	310	2
EHEC*	48	114	6	24	0
<i>Listeria monocytogenes</i>	13	26	2	4	1
<i>Shigella</i> spp.	11	31	3	8	0
<i>Yersinia enterocolitica</i>	9	22			0
<i>Clostridium botulinum</i>	3	8	2	6	0
<i>Francisella tularensis</i>	3	10	1	6	
<i>Salmonella</i> Typhi	2	4	1	2	0
<i>Salmonella</i> Paratyphi	1	2	1	2	
Viren					
Hepatitis-A-Virus	43	116	8	20	0
Hepatitis-E-Virus	8	17	3	7	0
Parasiten					
<i>Giardia lamblia</i>	45	114	6	13	0
<i>Cryptosporidium</i> spp.	36	86	2	4	0
Gesamt	915	2.466	328	1.068	3

* EHEC: Enterohämorrhagische *Escherichia coli* einschließlich HUS

7-mal eine Mahlzeit bzw. ein Lebensmittel als Infektionsvehikel verdächtigt, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel sicher eingegrenzt werden konnte (s. Tab. 5.2.2).

Bei den *Campylobacter*-Enteritis-Ausbrüchen mit Angaben zum verdächtigten Lebensmittel (96 Nennungen) wurden am häufigsten Fleisch oder Fleischprodukte angegeben (57%), gefolgt von Milch oder Milchprodukten (24%). Bei Salmonellose-Ausbrüchen (51 Nennungen) wurden vor al-

lem Ei oder Eiprodukte (41%) und Fleisch oder Fleischprodukte (28%) als Infektionsvehikel verdächtigt.

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. 5.2.2:

Explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche nach Lebensmittelvehikel und Erreger
(ohne Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche), Deutschland, 2016

Lebensmittel	Gesamt	SAL	CAM	SHI	EHC	SPA	STY	CLO	FRT	LIS	HAV	HEV	GIL	CRY
Fleisch, Fleischprodukte	71	14	55							1		1		
Milch, Milchprodukte	30	2	23		4					1				
Ei, Eiprodukte	21	21												
Suppen, Saucen	13	8	1		1						1		2	
Fisch, Meeresfrüchte	12	3	7					2						
Getränke (keine Milch)	5	1	2										2	
Obst, Obstprodukte	4	1	1						1					1
Gemüse, Gemüseprodukte	3		2										1	
Getreide, Getreideprodukte	1		1											
Mahlzeit steht in Verdacht, aber Lebensmittel nicht eingrenzbar	7	1	4		1						1			
Gesamt (Nennungen)	167	51	96	0	6	0	0	2	1	2	2	1	5	1
Anzahl Ausbrüche mit Lebensmittelangabe	141	41	85	0	5	0	1	2	1	1	1	1	2	1
Anzahl Ausbrüche ohne Lebensmittelangabe	187	44	123	3	1	1	0	0	0	1	7	2	4	1
Gesamt (explizit lebensmittelbedingte Ausbrüche)	328	85	208	3	6	1	1	2	1	2	8	3	6	2

* Mehrfachnennungen möglich

SAL: *Salmonella* spp.

CAM: *Campylobacter* spp.

SHI: *Shigella* spp.

EHC: Enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC)

SPA: *Salmonella* Paratyphi

STY: *Salmonella* Typhi

CLO: *Clostridium botulinum*

FRT: *Francisella tularensis*

LIS: *Listeria monocytogenes*

HAV: Hepatitis-A-Virus

HEV: Hepatitis-E-Virus

GIL: *Giardia lamblia*

CRY: *Cryptosporidium* spp.

Lebensmittelbedingte

Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche

Für das Jahr 2016 wurden 21 explizit lebensmittelbedingte Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche erfasst. Bei 11 (52 %) Ausbrüchen wurden keine Angaben zum Lebensmittel übermittelt. Für 10 Ausbrüche (48 %) lagen Angaben zu einem verdächtigten Lebensmittel vor (Mehrfachnennungen möglich). Von insgesamt 12 Nennungen entfielen jeweils 3 auf Obst oder Obstprodukte bzw. Fleisch oder Fleischprodukte und 2 auf Milch oder Milchprodukte. Ei oder Eiprodukte, Suppen oder Saucen bzw. Gemüse oder Gemüseprodukte wurden je-

weils einmal als verdächtige Lebensmittelkategorie genannt. Einmal wurde eine Mahlzeit verdächtig, ohne dass ein bestimmtes Lebensmittel eingegrenzt werden konnte. Es wurden 0,5 % aller Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche (3.866) im Zusammenhang mit Lebensmitteln übermittelt. Insgesamt umfassten die explizit lebensmittelbedingten Norovirus-Gastroenteritis-Ausbrüche 174 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.

Nosokomiale Ausbrüche

Ein dem Gesundheitsamt gemäß § 6 Abs. 3 IfSG gemeldetes, gehäuftes Auftreten nosokomialer Infektionen ist gemäß § 11 Abs. 2 IfSG an die zuständige Landesbehörde und von dort an das Robert Koch-Institut zu übermitteln.

Fälle, die zu einem nosokomialen Ausbruchsgeschehen gehören, können in Abhängigkeit von der Erkrankung oder dem Erregernachweis zum Teil gleichzeitig auch andere Meldetatsachen erfüllen und somit anderen Meldekategorien zugeordnet werden.

Die Daten zu nosokomialen Ausbrüchen werden in SurvNet@RKI elektronisch übermittelt. Für Gesundheitsämter, denen die entsprechende Meldesoftware noch nicht zur Verfügung steht, besteht zur Zeit noch die Möglichkeit, einen Übermittlungsbogen zu nutzen. Die nachfolgende Darstellung basiert auf der Auswertung der elektronisch oder mit Übermittlungsbogen übermittelten Ausbruchsmeldungen gemäß § 11 Abs. 2 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.

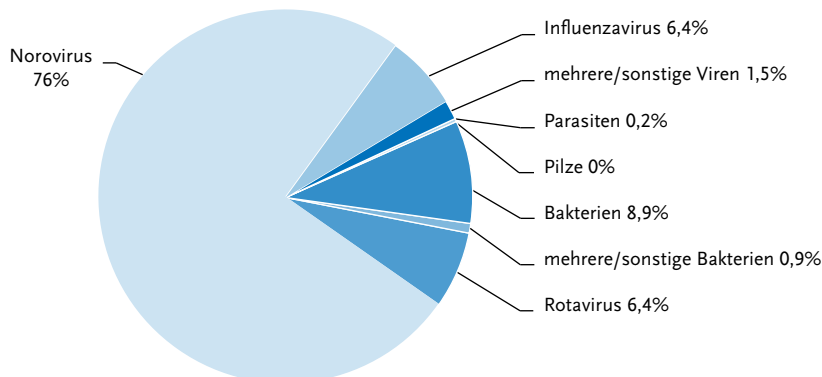
Im Jahr 2016 erfüllten 1.568 nosokomiale Ausbrüche die oben genannte Definition, davon wurden 1.436 Ausbrüche in SurvNet@RKI und 132 mit Übermittlungsbogen übermittelt.

Bei insgesamt 124 Ausbrüchen konnte kein Erreger ermittelt werden. Von den 1.444 nosokomialen Ausbrüchen mit Erregerangabe wurden 141 Ausbrüche (10 %) durch bakterielle Erreger, 1.300 (90 %) durch virale Erreger, und 3 durch Parasiten hervorgerufen. Insgesamt waren 16.270 Fälle nosokomialen Ausbrüchen zuzuordnen, davon waren 1.320 Fälle Ausbrüchen zuzuordnen, die durch bakterielle Erreger hervorgerufen wurden. Es wurden insgesamt 99 Todesfälle übermittelt, 55 (56 %) im Zusammenhang mit Ausbrüchen bakterieller Erreger (s. Abb. 5.2.1 und Tab. 5.2.3).

Literaturhinweis

RKI: *Nosokomiale Ausbrüche*. www.rki.de/DE/Content/Infekt/Ausbrueche/nosokomial/nosokomiale_Ausbrueche_node.html

Abb. 5.2.1:
Nosokomiale Ausbrüche mit Angabe des Erregers (n=1.444) nach Erreger, Deutschland, 2016



Tab. 5.2.3:

Nosokomiale Ausbrüche (n=1.568) unterteilt nach Erregern, Deutschland, 2016

Erreger		Anzahl Ausbrüche	Anzahl Fälle	Minimum und Maximum der Anzahl Fälle je Ausbruch	Anzahl Todesfälle
Viren	Norovirus	1.093	11.753	2–147	38
	Rotavirus	93	786	2–39	0
	Influenzavirus	93	679	2–40	6
	Adenovirus	1	4	4	0
	mehrere/sonstige	20	169	2–79	0
	Gesamt	1.300	13.391	2–147	44
Bakterien	<i>Staphylococcus</i> spp.	28	128	2–15	6
	<i>Clostridium difficile</i>	28	109	2–9	8
	<i>Klebsiella</i> spp.	18	144	2–42	13
	<i>Enterococcus</i> spp.	15	567	2–397	5
	<i>Acinetobacter</i> spp.	10	38	2–7	8
	<i>Pseudomonas</i> spp.	9	112	2–76	4
	<i>Bordetella pertussis</i>	5	24	2–9	0
	<i>Enterobacter</i> spp.	4	14	2–6	0
	<i>Serratia</i> spp.	3	11	2–7	0
	<i>Salmonella</i> spp.	2	7	3–4	0
	<i>Escherichia coli</i>	2	6	2–4	0
	<i>Legionella</i> spp.	2	5	2–3	0
	<i>Stenotrophomonas</i> spp.	1	3	3	0
	<i>Shigella</i> spp.	1	2	2	0
	mehrere/sonstige	13	150	2–39	11
	Gesamt	141	1.320	2–397	55
Pilze	Gesamt	0	0	0	0
Parasiten	<i>Sarcoptes scabiei</i> (Skabies)	2	8	3–5	0
	<i>Cryptosporidium</i> spp.	1	4	4	0
	Gesamt	3	12	3–5	0
Erreger unbekannt	Gesamt	124	1.547	2–64	0
Alle	Gesamt	1.568	16.270	2–397	99

6 Spezielle Krankheiten

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

Weitere Krankheiten von besonderem infektionsepidemiologischen Interesse finden sich im Kapitel »Zusätzliche Krankheiten« am Ende (s. Kap. 6.57).

6.1 Adenovirus-Konjunktivitis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 731
- ▶ Die Anzahl der Erkrankungen liegt über dem Durchschnitt der Jahre 2001 bis 2015, ist aber deutlich niedriger als in den Jahren 2012 und 2013
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und bei 25- bis 39-Jährigen. Jungen und Männer waren ebenso häufig betroffen wie Mädchen und Frauen
- ▶ 10 Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen erfasst

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 verunreinigte Instrumente in Arztpraxen und Krankenhäusern, übertragen werden.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.1.1).

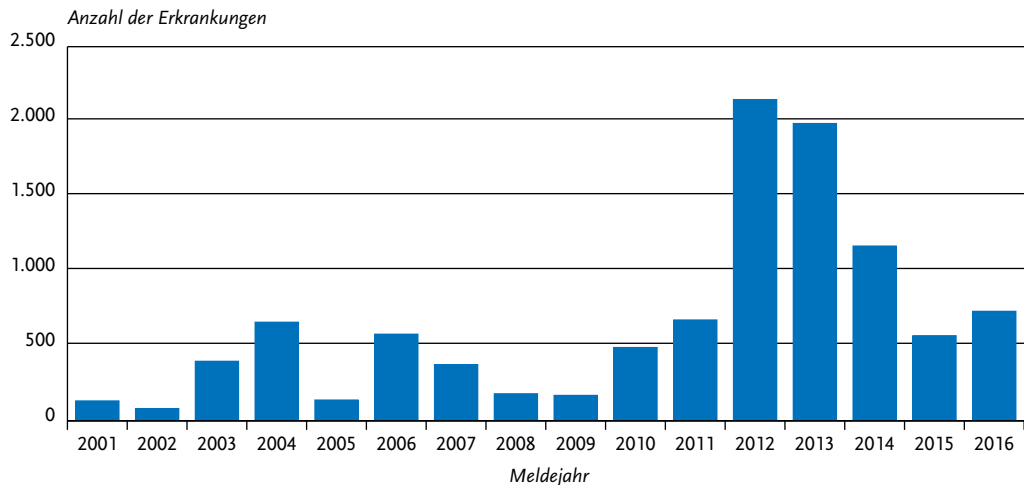
Zeitlicher Verlauf

Die Anzahl der Erkrankungen ist im Jahr 2016 mit 731 Adenovirus-Konjunktivitiden im Vergleich zum Jahr 2015 um knapp 30 % angestiegen und lag damit über dem Durchschnitt der Jahre 2001 bis 2015, aber deutlich niedriger als in den Jahren 2012 und 2013 (s. Abb. 6.1.1). Die bundesweite Inzidenz von Adenovirus-Konjunktivitiden lag bei 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Tab. 6.1.1:
Übermittelte Fälle von Adenovirus-Konjunktivitis nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	53	8 %	83	10 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	515	78 %	648	77 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	8	1 %	25	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	82	12 %	91	11 %
alle	658	100 %	847	100 %
Referenzdefinition (B+C)	568	86 %	731	86 %

Abb. 6.1.1:
Übermittelte Adenovirus-Konjunktivitiden nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Geografische Verteilung

Erkrankungen wurden aus allen Bundesländern übermittelt. Die höchsten bundeslandspezifischen Inzidenzen waren in Sachsen (2,8 Erkr./100.000 Einw.), Hamburg (2,7), Mecklenburg-Vorpommern (2,6), Sachsen-Anhalt (2,3) und Thüringen (2,2) zu verzeichnen (s. Abb. 6.1.2). Im Vergleich zum Median der Jahre 2011 bis 2015 wurde in den Bundesländern Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern und Saarland eine Zunahme der Inzidenzen beobachtet.

Bei 371 von 389 (95%) der Erkrankungen mit Angaben zu einem wahrscheinlichen Infektionsland wurde Deutschland genannt.

Demografische Verteilung

Erkrankungen wurden für alle Altersgruppen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden für Kinder unter 5 Jahren (2,4 Erkr./100.000 Einw.) und die 25- bis 39-jährigen (1,6) berechnet (s. Abb. 6.1.3). Jungen und Männer (364 Erkrankungen) waren ebenso häufig betroffen wie Mädchen und Frauen (366 Erkrankungen).

Ausbrüche

Es wurden insgesamt 10 Ausbrüche mit 5 und mehr Erkrankungen erfasst (s. Tab. 6.1.2). Im Rahmen dieser größeren Ausbrüche wurden ins-

gesamt 130 Erkrankungen übermittelt, was eine deutliche Zunahme im Vergleich zum Vorjahr (38 Erkrankungen in 5 Ausbrüchen) bedeutet. Die Anzahl übermittelter Ausbrüche mit weniger als 5 Fällen sowie die Gesamtzahl der in diesem Zusammenhang übermittelten Erkrankungen ist vergleichbar mit dem Vorjahr.

Datenqualität

Da die Diagnose von Augenärzten häufig nur klinisch gestellt wird und Fälle ohne Labornachweis nicht übermittelt werden, ist von einer deutlichen Untererfassung der Adenovirus-Konjunktivitiden auszugehen.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Erkrankungen ist nach dem Höhepunkt mit über 2.000 Fällen im Jahr 2012 und einer darauf folgenden Abnahme der Erkrankungen über die nächsten 3 Jahre erstmals im Jahre 2016 wieder leicht angestiegen.

Bei Ausbrüchen sollte 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

Abb. 6.1.2:

Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=731) im Vergleich mit den Vorjahren

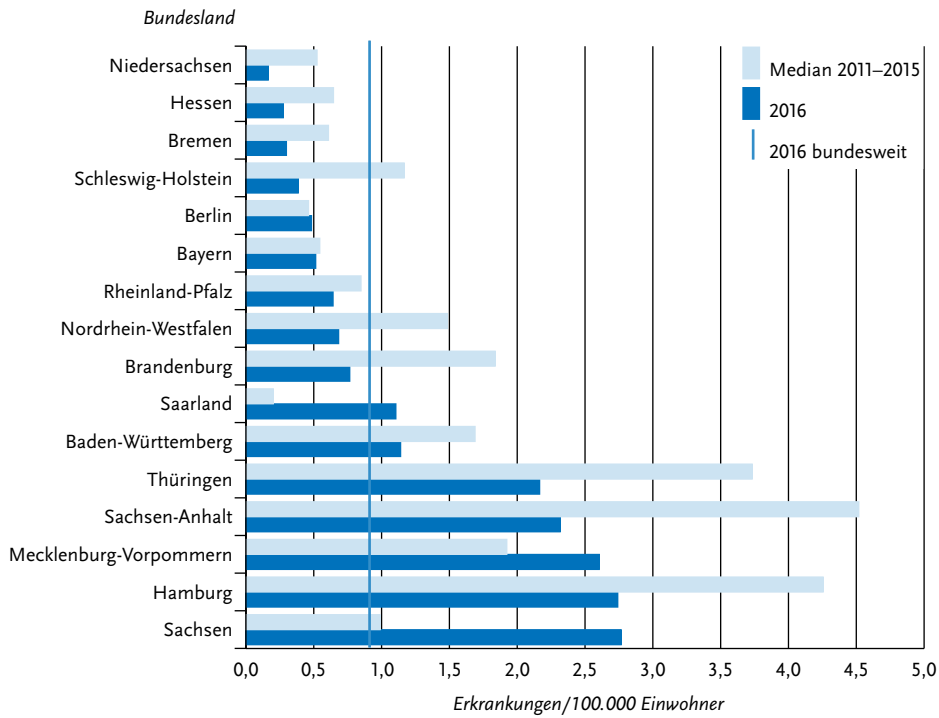
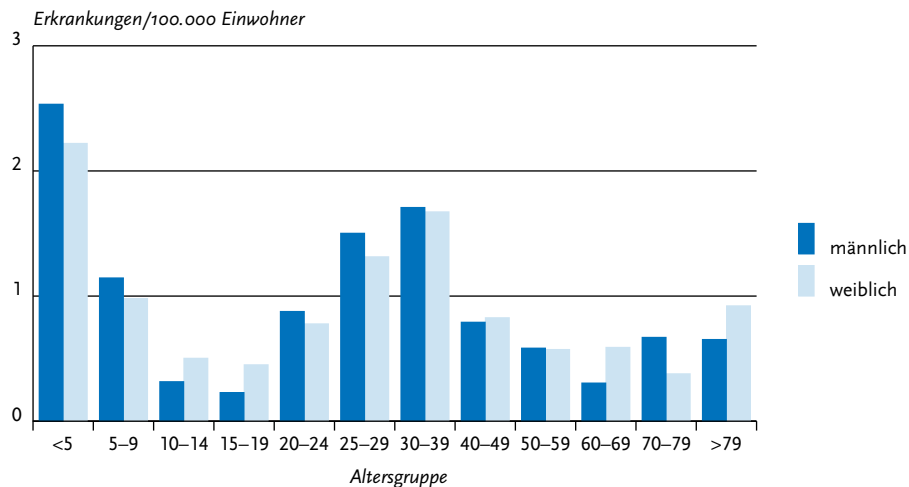


Abb. 6.1.3:

Übermittelte Adenovirus-Konjunktividen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n= 730)



Tab. 6.1.2:
Übermittelte Ausbrüche von Adenovirus-Konjunktividen, Deutschland, 2015 und 2016

	2015		2016	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	16	38	19	40
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	5	38	10	130
Alle Ausbrüche	21	76	29	170

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.

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 für Ärzte (2010). www.rki.de/ratgeber

6.2 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

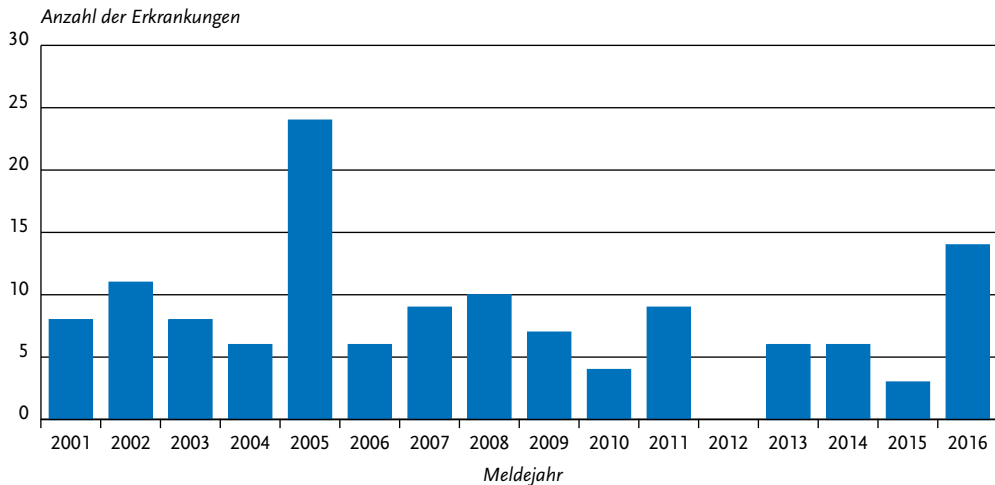
Im Jahr 2016 wurden 14 Botulismus-Erkrankungen übermittelt (2015: 3 Erkrankungen), darunter

7-mal lebensmittelbedingter Botulismus, 4-mal Säuglingsbotulismus und 3-mal Wundbotulismus (s. Abb. 6.2.1).

Die 4 Säuglingsbotulismus-Erkrankungen traten bei Kindern im ersten Lebensjahr auf, bei einem Fall wurde Kroatien als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Die 3 Wundbotulismus-Erkrankungen traten bei Männern im Alter von 34, 40 und 52 Jahren auf. Alle 3 standen offenbar im Zusammenhang mit Injektionsdrogenkonsum, davon wurden 2 Erkrankungen als zusammenhängend übermittelt. Bei den 5 Erkrankungen, bei denen der Toxintyp erhoben wurde, ließ sich Neurotoxin B nachweisen.

Die 7 Erkrankungen an lebensmittelbedingtem Botulismus traten bei einem 5-jährigen Jungen sowie 2 Frauen und 4 Männern im Alter zwischen 36 und 55 Jahren auf. Bei 2 Erkrankten aus einem Haushalt wurden Forellenfilets und bei einem Erkrankten eine selbst hergestellte Wurstkonserve als Intoxikationsquellen vermutet. Vier Erkrankungen im November und Dezember bei Personen mit russischem oder kasachischem Hintergrund standen in Verbindung mit 2 zeitgleichen Erkrankungen in Spanien. Intoxikationsquelle für diese Erkrankungen war wahrscheinlich getrocknete und gesalzene Plötze zum Rohverzehr. In Haushaltsresten wurde labordiagnostisch *Clostridium botulinum* mit der Fähigkeit zur Bildung von Neurotoxin E nachgewiesen. Bei den 6 Patienten mit Fisch als bestätigter oder vermuteter Intoxikationsquelle wurde jeweils Neurotoxin E nachgewiesen.

Abb. 6.2.1:
Übermittelte Botulismus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Literaturhinweise

ECDC: Type E botulism associated with fish product consumption – Germany and Spain, 20 December 2016. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/publications/01-12-2016-rra-botulism-germany,%20spain.pdf>

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

6.3 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 Infek-

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

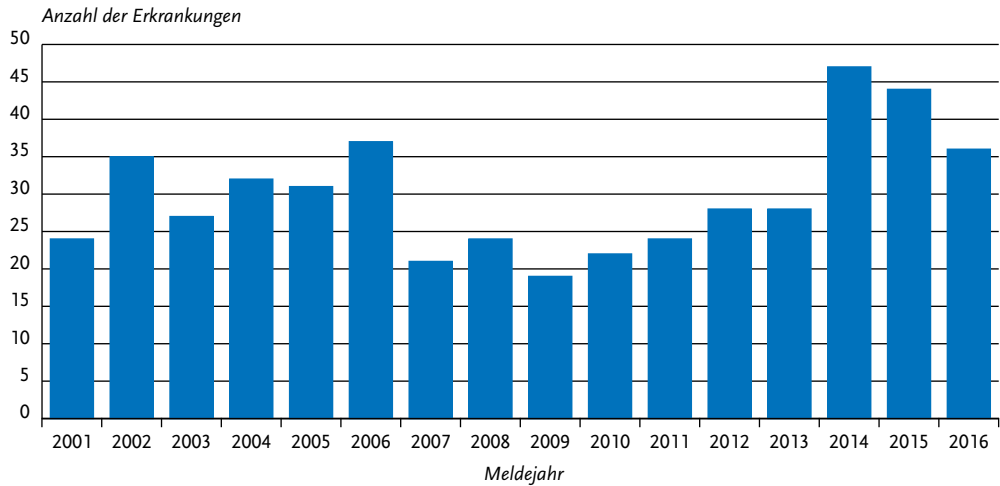
Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden 36 Brucellosen übermittelt. Damit war die Fallzahl im Vergleich zu den Vorjahren 2014 und 2015, in denen die höchsten Fallzahlen seit 2001 verzeichnet worden waren, wieder rückläufig (s. Abb. 6.3.1). Von Brucellose waren 23 männliche und 13 weibliche Personen verschiedener Altersgruppen betroffen. Erkrankungen traten in insgesamt 12 Bundesländern (1 bis 9 Erkrankungen je Bundesland) und über das ganze Jahr verteilt auf.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 27 Erkrankungen vor. Für insgesamt 10 Brucellosen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Ein Großteil der Erkrankungen (17) wurde wahrscheinlich im Ausland erworben: hier wurden der Irak (4), Libanon und Syrien (je 2) sowie 9 weitere Länder (je 1) genannt.

Eine Erregerdifferenzierung erfolgte nur für 17 Erkrankungen. Von diesen wurde für 14 Erkrankungen *B. melitensis* und für 3 Erkrankungen *B. abortus* angegeben. Unter den übermittelten Erkrankungen gab es keinen Todesfall infolge einer Brucellose.

Abb. 6.3.1:
Übermittelte Brucellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Ausbrüche von Brucellose-Erkrankungen wurden im Jahr 2016 nicht übermittelt.

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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22550
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.4 Campylobacter-Enteritis



- Fälle nach Referenzdefinition 2016: **73.999**
- Häufigste bakteriell verursachte Durchfallerkrankung
- Seit Jahren leichte Zunahme der Fallzahlen
- Höchste Inzidenzen bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen
- **477** Ausbrüche mit **1.251** Erkrankungen

Kurzbeschreibung

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

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.4.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 73.999 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt. Mit 90 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner war die Inzidenz im Jahr 2016 um 5 % höher als im Vorjahr. Die *Campylobacter*-Enteritis war nach der Norovirus-Gastroenteritis die am zweithäufigsten an das RKI übermittelte Durchfallerkrankung des Jahres 2016.

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.–3. Meldewoche), der anscheinend nicht auf Nachmeldungen von den vorausgegangenen Feiertagen zurückzuführen ist, sondern auf eine relativ hohe Zahl von Erkrankungen mit Erkrankungsbeginn in den ersten Januartagen (s. Abb. 6.4.1).

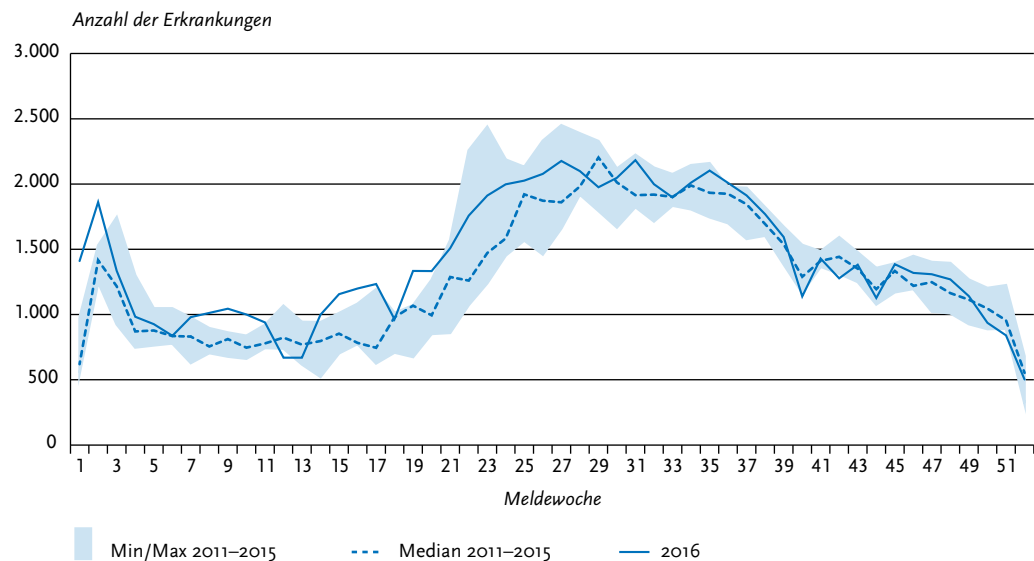
Tab. 6.4.1:

Übermittelte *Campylobacter*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	361	0 %	336	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	69.905	90 %	73.663	90 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.122	1 %	1.325	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	5.876	8 %	6.812	8 %
alle	77.264	100 %	82.136	100 %
Referenzdefinition (B+C)	70.266	91 %	73.999	90 %

Abb. 6.4.1:

Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2016 (n=73.999) im Vergleich mit den Vorjahren



Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden in Sachsen (136 Erkr./100.000 Einw.), im Saarland (129), in Nordrhein-Westfalen (119) und Mecklenburg-Vorpommern (118) registriert. In zehn Bundesländern lag die Inzidenz über dem jeweiligen Median der Jahre 2011 bis 2015, in den übrigen Bundesländern blieb sie darunter (s. Abb. 6.4.2). Eine relativ starke Zunahme der Inzidenz gegenüber dem Median der Vorjahre war in Nordrhein-Westfalen (22 %), im Saarland (13 %) und in Thüringen (10 %) zu verzeichnen.

Für 46.917 (63 %) der übermittelten Fälle wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (47.268 Nennungen; Mehrfachangaben möglich). Dabei entfielen 87 % der Nennungen (41.352) auf Deutschland, am häufigsten genannte wahrscheinliche ausländische Infektionsländer

waren in Europa Spanien (714 Nennungen), Italien (311) und Frankreich (263) sowie außerhalb von Europa Thailand (391), Indonesien (295) und die Türkei (292).

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war 2-gipflig mit den höchsten Werten bei Kleinkindern und jungen Erwachsenen. Bei den 1-jährigen Kindern lag die Inzidenz bei 122 Erkr./100.000 Einw. Die Inzidenz war bei den 20- bis 24-Jährigen (141) und den 25- bis 29-Jährigen (127) am höchsten. Jungen und Männer (96 Erkr./100.000 Einw.) waren häufiger betroffen als Mädchen und Frauen (84). Dies war für fast alle Altersgruppen zu beobachten; lediglich bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen höher (s. Abb. 6.4.3).

Abb. 6.4.2:

Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=73.984) im Vergleich mit den Vorjahren

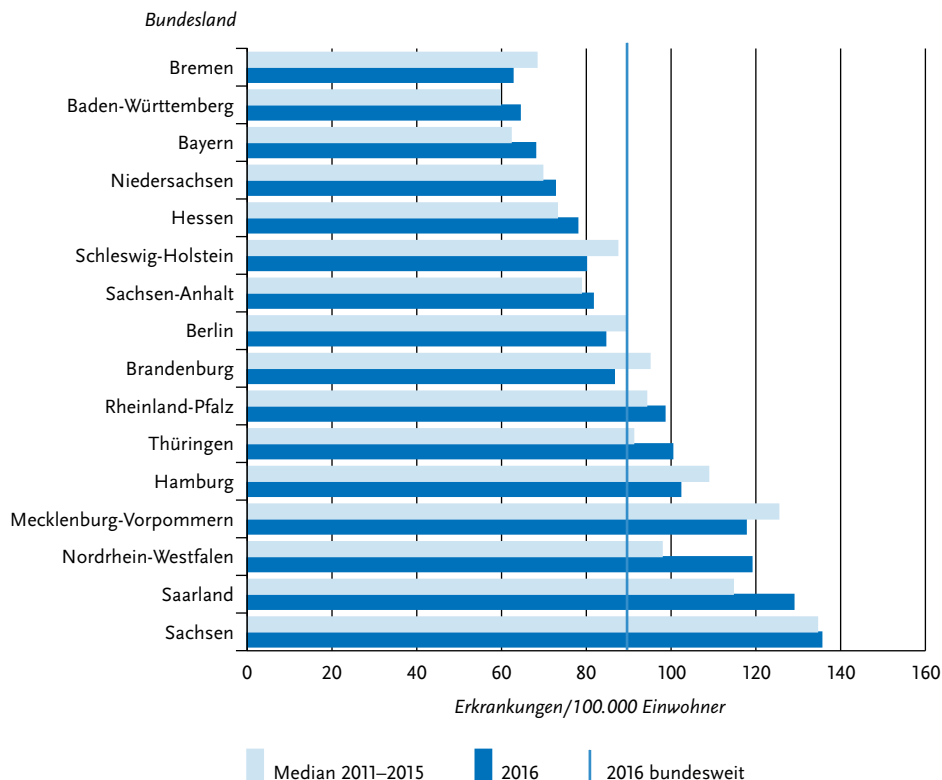
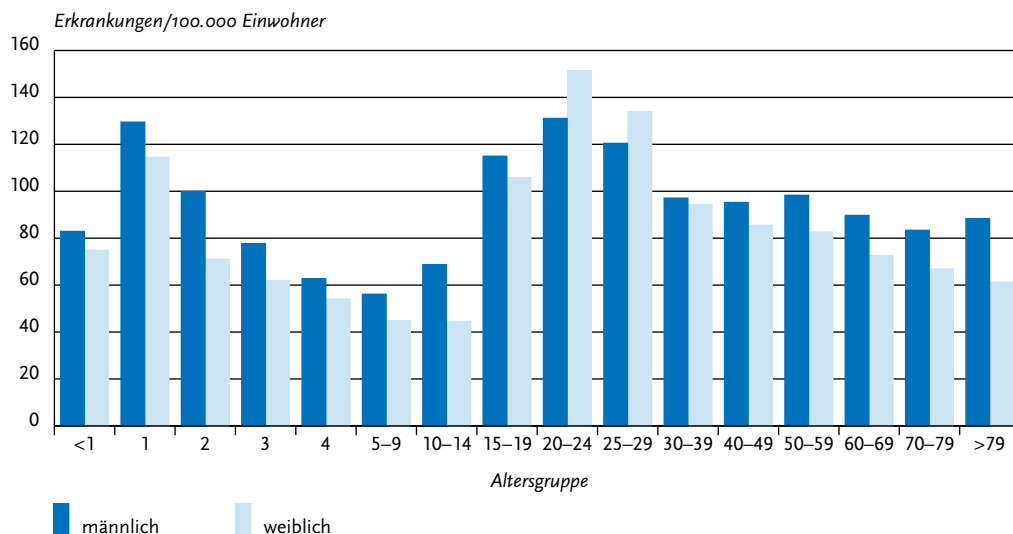


Abb. 6.4.3:
Übermittelte *Campylobacter*-Enteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=73.881)



Nachgewiesene Erreger

Zu 49.603 (67 %) der *Campylobacter*-Enteritiden lagen genauere Angaben zur Spezies vor. Davon entfielen 72 % auf *C. jejuni*, 10 % auf *C. coli* und 18 % 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 68.489 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (147.088 Nennungen). Als häufigstes Symptom wurde Durchfall genannt (98 % der Erkrankungen), gefolgt von Bauchschmerzen (69 %), Fieber (32 %) und Erbrechen (15 %). Im Jahr 2016 wurden 4 *Campylobacter*-Enteritiden übermittelt, bei denen die Betroffenen krankheitsbedingt verstorben waren. Hierbei handelte es sich um 3 Frauen und einen Mann im Alter zwischen 69 und 93 Jahren.

Ausbrüche

Es wurden insgesamt 477 Ausbrüche mit 1.251 Erkrankungen übermittelt; das waren 12 (2,6 %) Ausbrüche mehr als im Vorjahr. Der Anteil der Erkrankungen, die im Rahmen von Ausbrüchen auftraten,

betrug 1,7 %. Es wurden 453 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 991 Erkrankungen) und 24 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 260 Erkrankungen) übermittelt. Die 3 größten Ausbrüche mit 37, 33 und 22 Erkrankungen wurden aus Hessen übermittelt. Als Infektionsvehikel wurde jeweils Rohmilch aus einem Rohmilchabgabeautomaten (sogenannte »Milchtankstellen«) verdächtigt. Ein *C. coli*-Ausbruch mit 16 Erkrankungen wurde aus Brandenburg übermittelt. Hier wurde Schweinehackfleisch als verdächtigtes Infektionsvehikel angegeben.

Fazit

Im Gegensatz zu anderen bakteriellen lebensmittelbedingten Erkrankungen wie Salmonellosen oder Yersiniosen ist die Zahl der übermittelten *Campylobacter*-Enteritiden seit 2001 von knapp 55.000 auf mehr als 70.000 Erkrankungen angestiegen. Die meisten Erkrankungen traten sporadisch auf, der Anteil der *Campylobacter*-Enteritiden, die Ausbrüchen zugeordnet werden, ist vergleichsweise gering. Größere Ausbrüche werden immer wieder durch den Verzehr von Rohmilch verursacht.

Literaturhinweise

- Gölz 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.
- Hauri AM, Just M, McFarland S, Schweigmann A, Schlez K, Krahn J: *Campylobacteriose-Ausbrüche in Hessen, 2005–2011 – und immer wieder Rohmilch*. Dtsch Med Wochenschr 2013; 138:357–361.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.5 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 unbehandelt wegen des ausgeprägten Flüssigkeitsverlusts schnell lebensbedrohlich werden.

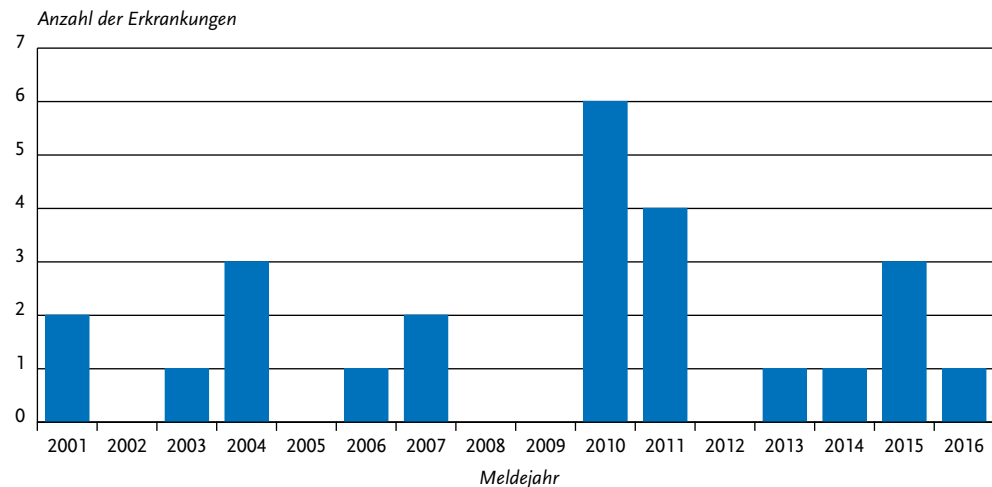
Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurde dem RKI eine Cholera-Erkrankung übermittelt (s. Abb. 6.5.1). Der Betroffene war 22 Jahre alt. Sein Impfstatus ist nicht bekannt. Die Infektion wurde durch *Vibrio cholerae* Serogruppe O1 verursacht und als wahrscheinliches Infektionsland wurde Bangladesch angegeben.

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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21345
- RKI: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.

Abb. 6.5.1:
Übermittelte Cholera-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



6.6 CJK (Creutzfeldt-Jakob-Krankheit)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 97
- ▶ Höchste Inzidenz tritt bei der Altersgruppe der über 59-Jährigen auf
- ▶ Fast alle 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 Übertra-

gungswege 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 2016 wurden dem RKI 97 CJK-Fälle übermittelt (s. Tab. 6.6.1). Damit ist die Anzahl der übermittelten Fälle im Vergleich zum Vorjahr um

Tab. 6.6.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	57	69 %	54	56 %
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	23	28 %	36	37 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3	4 %	6	6 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	0	0 %	1	1 %
alle	83	100 %	97	100 %
Referenzdefinition (A+B+C+D+E)	83	100 %	97	100 %

14 Fälle gestiegen. Nach einem ansteigenden Trend der Fallzahlen von 2005 bis 2011 sanken die CJK-Fallzahlen seit dem Jahr 2012 (s. Abb. 6.6.1). Ob der diesjährige Anstieg einen erneuten Aufwärtstrend bedeutet oder ob es sich um eine Schwankung handelt, wird sich erst in den nächsten Jahren zeigen.

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 (Hamburg) und 18 (Bayern, Baden-Württemberg) Fälle übermittelt; die höchste Inzidenz errechnete sich 2016 mit 0,3 Fällen/100.000 Einw. für die Bundesländer Sachsen-Anhalt und Saarland. Es liegen wie auch in den Vorjahren keine Hinweise für regionale Häufungen vor.

Demografische Verteilung

81 % der CJK-Fälle traten in der Altersgruppe der über 59-Jährigen auf. Frauen waren mit 45 Fällen etwas weniger betroffen als Männer mit 52 Fällen.

Klinische Aspekte

Fast alle Fälle (98 %) wurden der sogenannten sporadischen Form der CJK zugeordnet. Es

wurde bis jetzt noch kein Fall von vCJK übermittelt.

61 der 97 Fälle wurden als verstorben übermittelt, wobei 60 Fälle »an der gemeldeten Krankheit« verstorben sind.

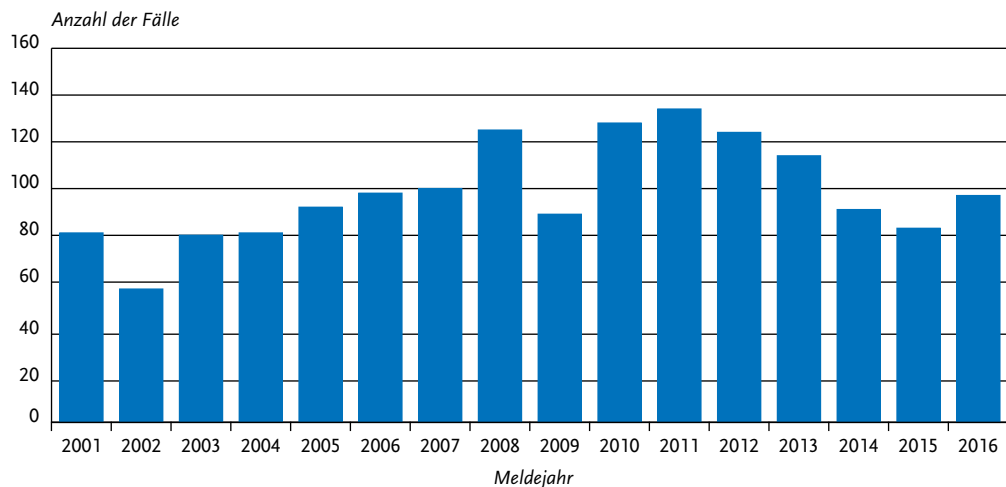
Datenqualität

Im Jahr 2016 lag der Anteil neuropathologisch bestätigter Fälle mit 44 % aller CJK-Diagnosen ungefähr auf dem Niveau der Vorjahre 2013 und 2014 (41 %). Da die Durchführung der neuropathologischen Diagnostik einige Zeit in Anspruch nimmt, kann der Anteil für das Berichtsjahr noch ansteigen. Insgesamt werden zu wenige Fälle neuropathologisch untersucht. Ihr Anteil ist seit 2001 (51 %) mit einigen Schwankungen rückläufig. Dies ist auch deshalb problematisch, weil nur die neuropathologisch bestätigten Fälle der höchsten Evidenzkategorie der WHO zugeordnet werden, während rein klinisch-diagnostizierte Fälle nur als »wahrscheinliche Fälle« eingestuft werden.

Fazit

Die CJK-Fallzahlen erreichten im Jahr 2011 ihr bisheriges Maximum, in den folgenden Jahren sank die Anzahl der übermittelten CJK-Fälle. Das Jahr 2016 zeigte einen leichten Anstieg der CJK-Fälle. Die Inzidenz blieb jedoch auch 2016 mit 0,1 Fäl-

Abb. 6.6.1:
Übermittelte CJK-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



len/100.000 Einw. wie in den Vorjahren im weltweiten Erwartungsrahmen. Es wurde bis jetzt noch kein Fall von varianter CJK in Deutschland übermittelt.

Literaturhinweise

- Llorens F, Schmitz M, Zerr I: *Progress in CSF biomarker discovery in sCJD*. *Oncotarget* 2017; 8: 5666–5667.
- Llorens F, Karch A, Golanska E, et al.: *Cerebrospinal fluid biomarker-based diagnosis of sporadic Creutzfeldt-Jakob Disease: a validation study for previously established cutoffs*. *Dement Geriatr Cogn Disord* 2017; 43:71–80.
- Lee J, Hyeon JW, Kim SY, Hwang KJ, Ju YR, Ryou C: *Review: laboratory diagnosis and surveillance of Creutzfeldt-Jakob disease*. *J Med Virol* 2015; 87:175–186.
- Karch A, Raddatz LM, Ponto C, Hermann P, Summers D, Zerr I: *Diagnostic profiles of patients with late-onset Creutzfeldt-Jakob disease differ from those of younger Creutzfeldt-Jakob patients: a historical cohort study using data from the German National Reference Center*. *J Neurol* 2014; 261:877–883.
- Krasnianski A, Kaune J, Jung K, Kretzschmar HA, Zerr I: *First symptom and initial diagnosis in sporadic CJD patients in Germany*. *J Neurol* 2014; 261:1811–1817.
- Schelzke G, Kretzschmar HA, Zerr I: *Clinical aspects of common genetic Creutzfeldt-Jakob disease*. *Eur J Epidemiol* 2012; 27:147–149.
- RKI: *Creutzfeldt-Jakob-Krankheit für das Jahr 2014*. *Epid Bull* 2015; 26: 229–233.

6.7 Denguefieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 956
- ▶ Höchste je berichtete Fallzahl
- ▶ Alle Infektionen wurden im Ausland erworben – fast 50 % allein auf Thailand- und Indonesienreisen
- ▶ Höchste Inzidenz bei jungen Erwachsenen
- ▶ Seit 01.05.2016 sind Nachweise von Denguevirus-Infektionen nun auch explizit als Arbovirosen durch Labore meldepflichtig (IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung)

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. 6.7.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 956 Denguefieber-Erkrankungen übermittelt (2013: 877, 2014: 626, 2015: 722). Die Inzidenz betrug damit 1,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Fälle wurden das ganze Jahr hindurch mit höheren Fallzahlen in den Quartalen I und II übermittelt (s. Abb. 6.7.1).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen fanden sich wie in den Vorjahren in den Bundesländern Berlin und Hamburg (3,2 bzw. 2,5 Erkr./100.000 Einw.). Die Gründe dafür liegen wahrscheinlich in einer erhöhten Fernreisetätigkeit der Bevölkerung dieser Großstädte. Zudem gibt es in diesen Stadtstaaten über die ansässigen Tropeninstitute breiten Zugang zur Denguevirus-Diagnostik, sodass die mögliche Untererfassung dort eventuell niedriger ausfällt.

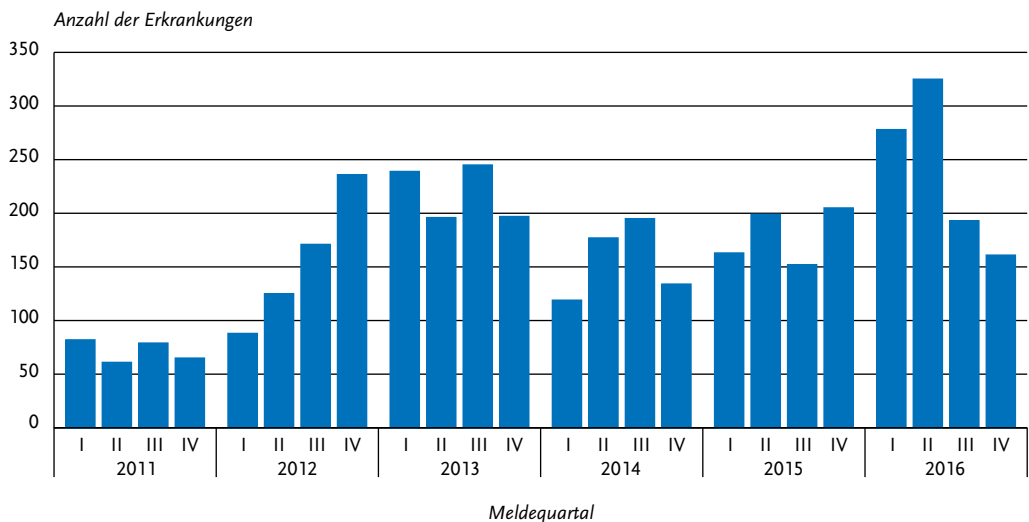
Zu 952 Erkrankungen lagen 1.003 Nennungen wahrscheinlicher Infektionsländer vor. In Tab. 6.7.2 sind die 10 meistgenannten Infektionsländer aufgeführt. Wie schon in den Vorjahren wurde Thailand am häufigsten angegeben (25 % der Nennungen, Vorjahr: 29 %). Es folgten Indonesien (23 %), Indien (5 %), die Philippinen und Vietnam (je 4 %).

Die Verteilung der Infektionsländer nach Kontinenten ist ähnlich wie in den Vorjahren: Auf asiatische Länder entfielen 79 % der Nennungen (Vorjahr: 75 %), auf süd- und mittelamerikanische Länder 15 % (Vorjahr: 22 %), auf afrikanische Länder 4 % (Vorjahr: 2 %), auf Australien/Ozeanien 1 % (Vorjahr: 1 %). Für 7 Erkrankungen kam ein Aufenthalt in Europäischen Staaten als Infektionsland in Frage (1 %; Vorjahr 1 Erkrankung, < 1 %). Dabei handelte es sich 6-mal um Überseeterrito-

Tab. 6.7.1:
Übermittelte Denguefieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	722	93 %	956	93 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	26	3 %	36	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	26	3 %	36	4 %
alle	774	100 %	1.028	100 %
Referenzdefinition (C)	722	93 %	956	93 %

Abb. 6.7.1:
Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016



rien, in einem Fall wurde zusätzlich zum Heimatkreis in Deutschland ein Aufenthalt in Nigeria genannt.

Demografische Verteilung

Die höchste Inzidenz wurde in der Altersgruppe der 20- bis 29-jährigen beobachtet, hier sind Frauen etwas stärker betroffen. Die niedrige Inzidenz unter Kindern und Senioren spiegelt vermutlich die Altersverteilung bei Fernreisenden wider. Insgesamt waren beide Geschlechter ähnlich stark betroffen (s. Abb. 6.7.2).

Klinische Aspekte

2016 wurden 4 Erkrankungen übermittelt, die die Kriterien für einen hämorrhagischen Verlauf erfüllten. Es wurden keine Todesfälle übermittelt.

Datenqualität

Während Nachweise »anderer Erreger hämorrhagischer Fieber« schon seit 2001 meldepflichtig waren, erweitert die IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung vom März 2016 die Meldepflicht für Labore (§ 7 Abs. 1 IfSG) nun auch explizit um Nachweise von Dengue- und anderen Arboviren.

Tab. 6.7.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Denguefieber-Erkrankungen, Deutschland, 2016 (Mehrfachnennungen möglich, 952 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Thailand	255	25 %
Indonesien	235	23 %
Indien	53	5 %
Philippinen	40	4 %
Vietnam	38	4 %
Sri Lanka	35	3 %
Kuba	23	2 %
Brasilien	20	2 %
Dominikanische Republik	19	2 %
Malaysia	18	2 %
Andere	267	27 %
Summe	1.003	100 %

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 stark frequentiertes Fernreiseziel handelt.

Literaturhinweise

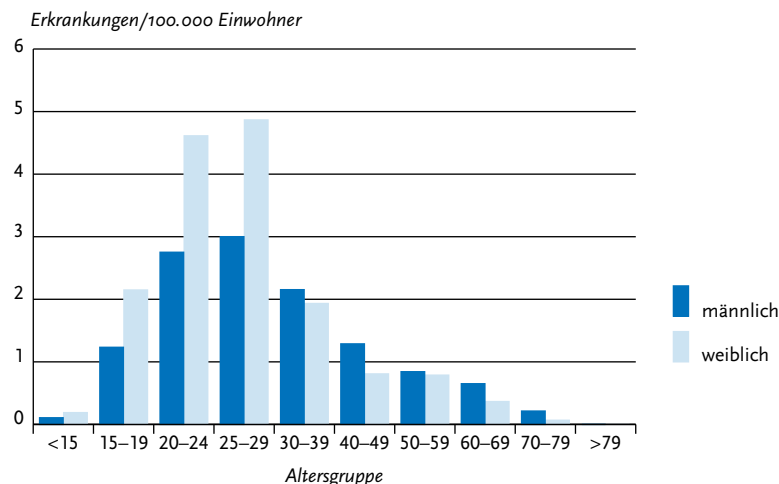
Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:557–567.

Wilder-Smith A, Quam M, Sessions O, et al.: *The 2012 dengue outbreak in Madeira: exploring the origins*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?articleId=20718

Schmidt-Chanasit J, Emmerich P, Tappe D, et al.: *Autochthonous dengue virus infection in Japan imported into Germa-*

Abb. 6.7.2:

Übermittelte Denguefieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=956)



- ny, September 2013. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20446
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.

6.8 Diphtherie

Kurzbeschreibung

Das klinische Bild der Diphtherie kann das einer schweren Rachenentzündung annehmen, 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 2016 wurden 13 Diphtherie-Fälle übermittelt, von denen 9 Fälle die Referenzdefinition erfüllten. Die weiteren 4 Fälle erfüllten aus formalen Gründen die Referenzdefinition nicht. Die 9 Erkrankungen wurden aus Bayern (5), Nordrhein-Westfalen (2), Brandenburg und Niedersachsen (jeweils 1) übermittelt.

Alle 9 Erkrankungen manifestierten sich als Hautdiphtherie. In 8 Fällen wurde der Erreger *C. ulcerans*, in einem Fall *C. diphtheriae* nachgewiesen. Bei 6 Erkrankungen wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland, bei einer Erkrankung Thailand angegeben. Für die restlichen 2 Erkrankungen wurde kein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt.

Die Erkrankungen betrafen 3 Frauen und 6 Männer im Alter von 29 bis 82 Jahren.

Für 4 der 9 Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor, jedoch waren nur bei 3 Erkrankten Angaben zum Zeitpunkt der letzten Imp-

fung verfügbar. Von diesen 3 durch *C. ulcerans* Erkrankten lag bei einer Person die Auffrischimpfung weniger als 10 Jahre zurück, für die anderen 2 Erkrankten lag das Datum der letzten Impfung nach Erkrankungsbeginn. Die Impfung nach Rekonvaleszenz (wenn die letzte Auffrischimpfung mehr als 12 Monate vor Erkrankungsbeginn lag) entspricht den gängigen Empfehlungen, da eine Infektion mit Diphtherie-Erregern keine langfristige Immunität erzeugt.

Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Diphtherie übermittelt.

Von den 4 Fällen, die aus formalen Gründen die Referenzdefinition nicht erfüllten, wurden 2 aus Baden-Württemberg und jeweils ein Fall aus Hamburg und Nordrhein-Westfalen übermittelt. Alle 4 Erkrankungen manifestierten sich als Hautdiphtherie, wovon 2 durch *C. ulcerans* und 2 durch *C. diphtheriae* ausgelöst wurden. Für 2 Fälle wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland und für einen Fall Eritrea angegeben; für einen Fall war das Infektionsland unbekannt. Von den 4 Betroffenen waren 3 männlich und eine weiblich, die Altersspanne lag zwischen 40 und 90 Jahren. Der Impfstatus war für 2 Fälle angegeben: ein Fall (*C. diphtheriae*) war ungeimpft, für den anderen (*C. ulcerans*) lag keine Angabe zum Zeitpunkt der letzten Impfung vor.

Literaturhinweise

- Poethko-Müller C, Schmitz R: *Impfstatus von Erwachsenen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:845.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2015*. Epid Bull 2017; 16:137–145.
- RKI: *Neuerungen in den aktuellen Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI für 2016/2017*. Epid Bull 2016; 35:341–346.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Zur Charakterisierung von C.-diphtheriae-verdächtigen Isolaten*. Epid Bull 2008; 3:23–25.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2009). www.rki.de/ratgeber

6.9 Echinokokkose

Kurzbeschreibung

In Europa kommen zwei Arten der Gattung *Echinococcus* vor. Der Hundebandwurm (*E. granulosus*) führt beim Menschen zur zystischen Echinokokkose und der Fuchsbandwurm (*E. multilocularis*) zur alveolären Echinokokkose. 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, wurden nur Meldungen in die Statistik aufgenommen, bei denen es sich um eine Erstdiagnose handelte bzw. deren frühere nichtgemeldete Erstdiagnose nicht länger als 24 Monate vor dem aktuellen Diagnosedatum lag. Ein weiteres Fallkriterium ist die Bestätigung

durch histologische oder radiologische Verfahren oder durch eine Kombination radiologischer und serologischer Verfahren. Es wurden 70 Fälle (64 %) als zystische Echinokokkose und 26 (24 %) als alveoläre Echinokokkose eingeordnet. Nicht differenzierte Echinokokkosen wurden 13-mal (12 %) gemeldet (s. Tab. 6.9.1).

Zystische Echinokokkose

Die 70 Erkrankungsfälle an zystischer Echinokokkose wurden über das Jahr verteilt in allen Monaten außer Oktober und aus 13 Bundesländern gemeldet: aus Nordrhein-Westfalen und Bayern jeweils 14 Fälle, Baden-Württemberg 10 Fälle, Niedersachsen 7, Hessen und Rheinland-Pfalz jeweils 5, Berlin 4, Thüringen 3, Sachsen, Bremen und Brandenburg jeweils 2, und Schleswig-Holstein und dem Saarland 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 61 Meldungen (87 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, darunter 5 (8,2 %) Fälle, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden, 11 in Syrien, jeweils 6 in der Türkei, Afghanistan und Bulgarien, 5 im Irak, 3 im Kosovo,

Tab. 6.9.1:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Echinokokkosen, Deutschland, 2016

Infektionsland	Zystische Echinokokkose	Alveoläre Echinokokkose	nicht differenzierte Echinokokkose	Gesamt
Deutschland	5	17	4	26
Syrien	11			11
Türkei	6		2	8
Afghanistan	6		1	7
Bulgarien	6			6
Irak	5			5
Griechenland	2	1		3
Kosovo	3			3
Andere	17	1	3	21
Anzahl Fälle mit Angabe zum Infektionsland	61	19	10	90
Anzahl Fälle ohne Angabe zum Infektionsland	9	7	3	19
Summe Fälle	70	26	13	109

2 in Griechenland sowie weitere 17 in anderen Ländern (s. Tab. 6.9.1).

An zystischer Echinokokkose erkrankten 48 Personen männlichen und 22 Personen weiblichen Geschlechts.

Über 81 % der Erkrankten waren 20 Jahre und älter. Allerdings erkrankten auch 8 Jungen und 2 Mädchen im Alter von 15 bis 19 Jahren, ein Junge in der Altersgruppe der 10- bis 14-Jährigen und 2 Jungen im Alter von 5 bis 9 Jahren an zystischer Echinokokkose. Die Anzahl gemeldeter Fälle liegt seit 2003 in etwa der gleichen Größenordnung, mit Höchstwerten von 88 Fällen im Jahr 2005 und 90 Fällen im Jahr 2011 (s. Abb. 6.9.1).

Alveoläre Echinokokkose

Insgesamt 26 Fälle wurden in die Statistik aufgenommen. Die Meldungen betrafen Patienten aus 6 Bundesländern: 10 Fälle wurden aus Bayern gemeldet, 8 aus Baden-Württemberg, 4 aus Rheinland-Pfalz, 2 aus Hessen sowie jeweils ein Fall aus Nordrhein-Westfalen und dem Saarland. 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 Infektionsland lagen für 19 Fälle (79 %) vor, darunter entfielen 17 (89 %) auf

Deutschland (s. Tab. 6.9.1). Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden Griechenland und die Philippinen je einmal genannt. Zu den Erkrankten zählten 10 männliche und 16 weibliche Personen. Außer in der Altersgruppe der Kinder unter 15 Jahren sowie der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen waren Personen aller Altersgruppen betroffen. Insgesamt 24 Erkrankte (92 %) waren mindestens 30 Jahre alt.

Im Vergleich zu den Vorjahren waren die Meldezahlen im Jahr 2016 wieder rückläufig (s. Abb. 6.9.2).

Fälle von nicht differenzierter Echinokokkose

Für 13 Fälle lag keine Differenzierung vor. Hiervon wurden 4 Fälle aus Baden-Württemberg, 3 Fälle aus Hessen, 2 aus Bayern und jeweils ein Fall aus Berlin, Nordrhein-Westfalen, Sachsen und dem Saarland gemeldet.

Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 10 Fälle (77 %) vor, darunter entfielen 4 (40 %) auf Deutschland, 2 auf die Türkei und jeweils ein Fall auf Afghanistan, Kasachstan, die Russische Föderation und Ungarn (s. Tab. 6.9.1). Unter den Erkrankten waren 8 Personen männlichen und 5 Personen weiblichen Geschlechts. Die Betroffenen waren alle zwischen 30 und 79 Jahre alt.

Abb. 6.9.1:

Gemeldete zystische Echinokokkosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016

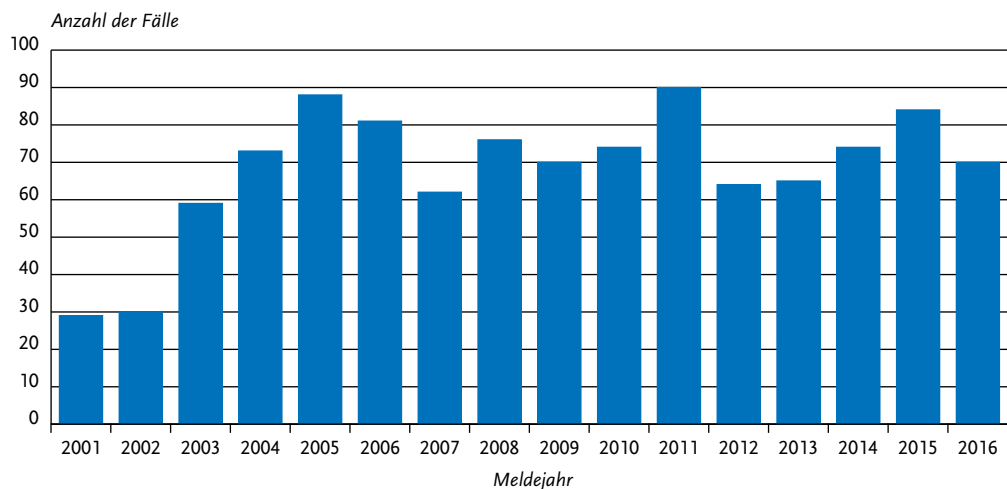
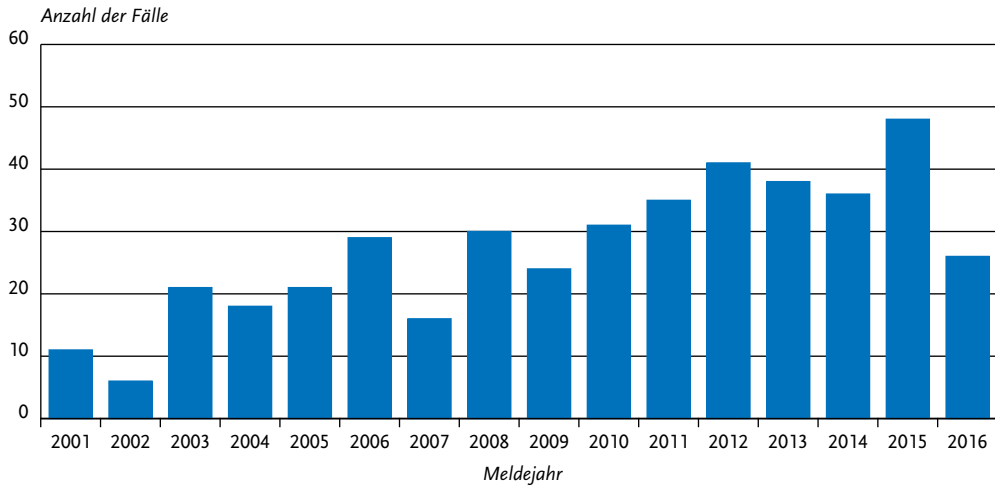


Abb. 6.9.2:

Gemeldete alveoläre Echinokokkosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



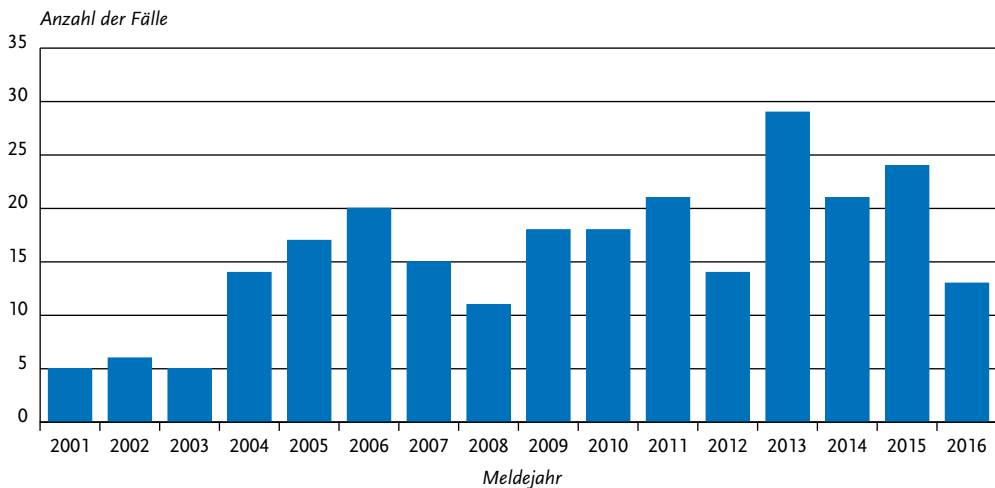
Die Anzahl gemeldeter Echinokokkosen, die im Jahr 2016 als nicht differenziert gemeldet wurden, ging im Vergleich zu den 3 Vorjahren zurück (s. Abb. 6.9.3). Dennoch machen diese Fälle weiterhin einen relevanten Anteil aller gemeldeten Echinokokkosen aus.

Datenqualität

Der deutliche Anstieg der erfassten Echinokokkosen ab 2003 ist vermutlich zum großen Teil auf den damals verbesserten Meldebogen zurückzuführen, der eine bessere Differenzierung zwischen bereits bekannten und neu diagnostizierten Fällen

Abb. 6.9.3:

Gemeldete nicht differenzierte Echinokokkosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



ermöglicht hat. Dies führte besonders in den ersten Jahren nach Einführung des überarbeiteten Meldebogens zu einem starken Fallzahlenanstieg. Dessen ungeachtet zeichnete sich in den vergangenen Jahren ein weiter zunehmender Trend ab. Während die Zahl der gemeldeten Fälle zystischer Echinokokkose im Jahr 2016 ähnlich hoch war wie in den Vorjahren, gingen die Fallzahlen der alveolären und der nicht differenzierten Echinokokkose hingegen wieder zurück. Die Ursache für diesen Trend ist unklar.

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. In dieser Hinsicht ist die relativ hohe Anzahl von nicht differenzierten Echinokokkosen bedauerlich.

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

- 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.
- Brunetti E, Kern P, Vuitton DA: *Expert consensus for the diagnosis and treatment of cystic and alveolar echinococcosis in humans*. Acta Trop 2010; 114:1–16.
- Richter J, Orhun A, Grüner B, et al.: *Autochthonous cystic echinococcosis in patients who grew up in Germany*. Euro Surveill 2009; www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19229
- Brehm K: *Die Echinokokkose – Eine Übersicht und neue Erkenntnisse in der Diagnostik, Therapie und Parasitenbiologie*. Epid Bull 2017; 15:127–132.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2005). www.rki.de/ratgeber

6.10 EHEC-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 1.816
- ▶ Seit Jahren leichter Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Große Inzidenzunterschiede in den Bundesländern
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Nicht-Bestimmung, Nicht-Meldung und -Übermittlung von Serogruppen erschwert die Ausbruchserkennung

Kurzbeschreibung

Einige Stämme des Darmbakteriums *Escherichia coli* bilden sogenannte Shigatoxine und können schwere blutige Durchfälle auslösen. Diese Stämme werden als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bzw. als Shigatoxin-produzierende *E. coli* (STEC) oder Verotoxin-produzierende *E. coli* (VTEC) bezeichnet. Als lebensbedrohliche Komplikation kann das enteropathische hämolytisch-urämische Syndrom (HUS) auftreten, welches in Kap. 6.22 behandelt wird. 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 Tierfäces, 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. Seit 2015 erfüllt bei Nachweis des O157-Antigens (z. B. mittels ELISA) der Nachweis von Shigatoxin (z. B. ELISA) aus Stuhlanreicherungskultur oder Stuhlmischkultur die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung.

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.10.1). Ausgeklammert sind alle Fälle von HUS.

Tab. 6.10.1:
Übermittelte EHEC-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	28	1%	24	1%
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.591	72%	1.792	71%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	256	12%	285	11%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	344	16%	425	17%
alle	2.219	100%	2.526	100%
Referenzdefinition (B+C)	1.619	73%	1.816	72%

Zeitlicher Verlauf

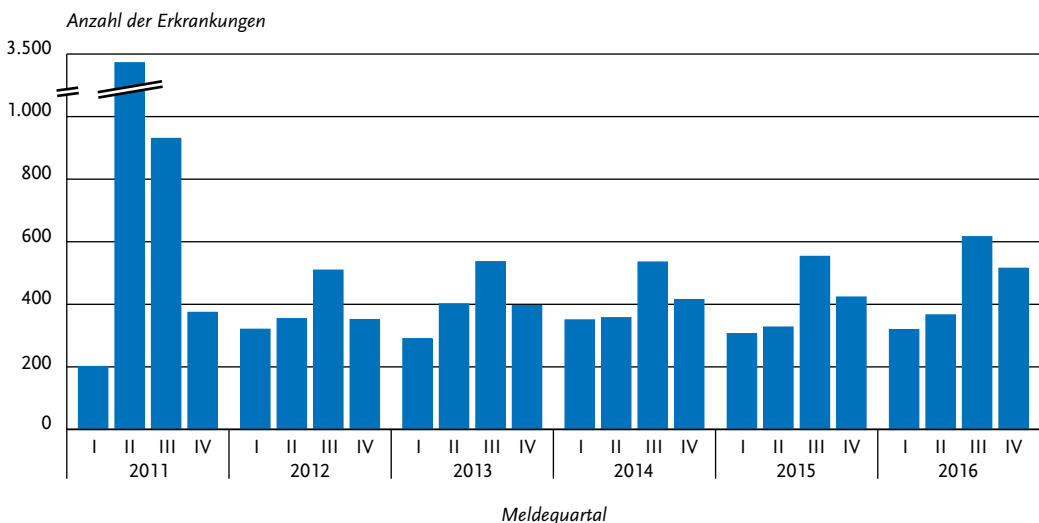
Im Jahr 2016 wurden 1.816 EHEC-Erkrankungen übermittelt (2015: 1.619; Median 2001 bis 2015: 1.142). Somit wurde nach 3 Jahren fast konstanter Fallzahlen 2016 wieder ein Anstieg um 11 % gegenüber den 3 Vorjahren registriert. Wie in fast allen Vorjahren – mit Ausnahme des EHEC/HUS-Ausbruchs im Jahr 2011 – wurden die meisten Erkrankungen im III. Quartal registriert (s. Abb. 6.10.1). Die Zunahme der Fallzahlen betrifft vor allem die Quartale III (2016: 616 Erkrankungen, 15 % mehr

als im Median der Jahre 2012–2015) und IV (2016: 515 Erkrankungen, 27 % mehr als im Median der Jahre 2012–2015).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz von 2,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner wurde in Sachsen-Anhalt (4,1), Mecklenburg-Vorpommern (3,4), Berlin (3,2) und Rheinland-Pfalz (3,1) deutlich übertroffen. Einen rückläufigen Trend gegenüber den Vorjahren wiesen Sachsen, Mecklenburg-Vorpommern,

Abb. 6.10.1:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016



Hamburg, das Saarland, Bremen und Hessen auf (Abb. 6.10.2).

Bei 1.070 Erkrankungen wurden 1.080 wahrscheinliche Infektionsländer genannt (Mehrfachnennungen möglich). Deutschland wurde 926-mal genannt (86 %). Die meisten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen auf die Türkei (33 Nennungen) sowie auf Italien (14), Spanien (8) und Ägypten (6).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 14 Erkr./100.000 Einw. 8-mal so hoch, wie in der übrigen Bevölkerung (1,9; siehe Abb. 6.10.3); 29 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Auch im 5. Jahr nach dem großen EHEC/HUS-Ausbruch im Jahr 2011 war die Zahl übermittelter

Erkrankungen bei erwachsenen Personen deutlich höher als in den Jahren vor 2011. Im Jahr 2016 wurden 1.094 EHEC-Erkrankungen bei Erwachsenen übermittelt, fast 3-mal so viele wie im Median der Jahre 2001 bis 2010 (392) und auch deutlich mehr als im Jahr 2015 (915). Dagegen konnte für Kinder unter 5 Jahren keinerlei Veränderung festgestellt werden. Hier lag der Median der Inzidenz der Jahre 2001 bis 2010 bei 14.

Nachgewiesene Erreger

Für 320 EHEC-Erkrankungen (18 %; 2015: 16 %, 2014: 20 %, 2013: 24 %, 2012: 30 %) wurden Angaben zur Serogruppe des Erregers gemacht. Die häufigste Angabe war O91 mit 15 % der Nennungen, gefolgt von O1 (O-Antigen nicht typisierbar) (13 %), O157 (12 %), O26 und O103 (jeweils 8 %) (s. Tab 6.10.2).

Abb. 6.10.2:

Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=1.816)

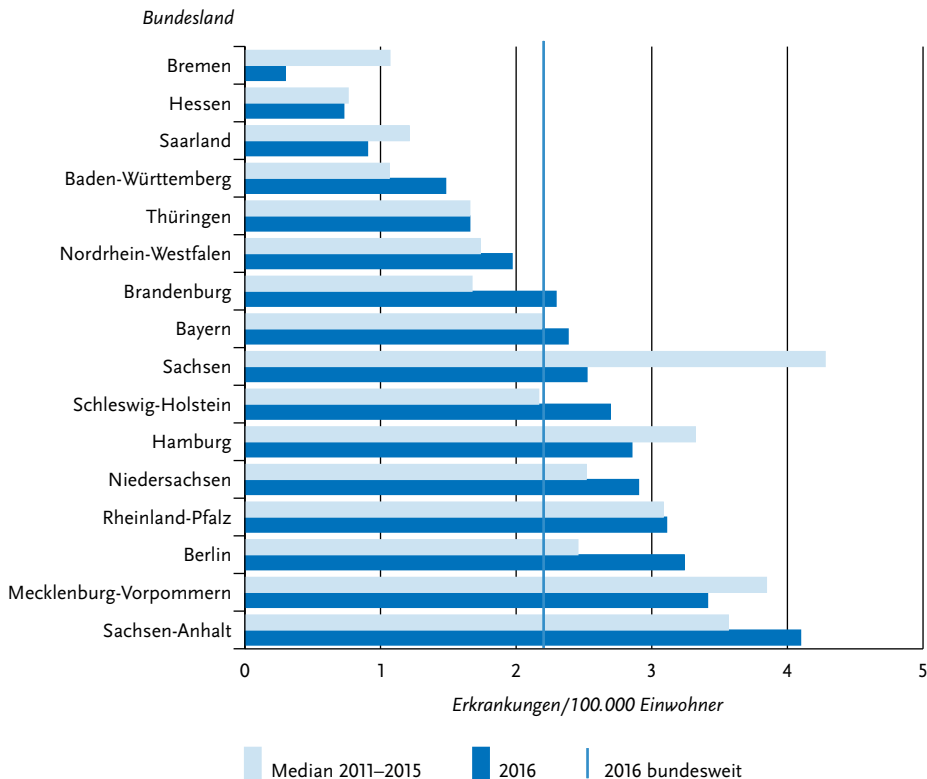
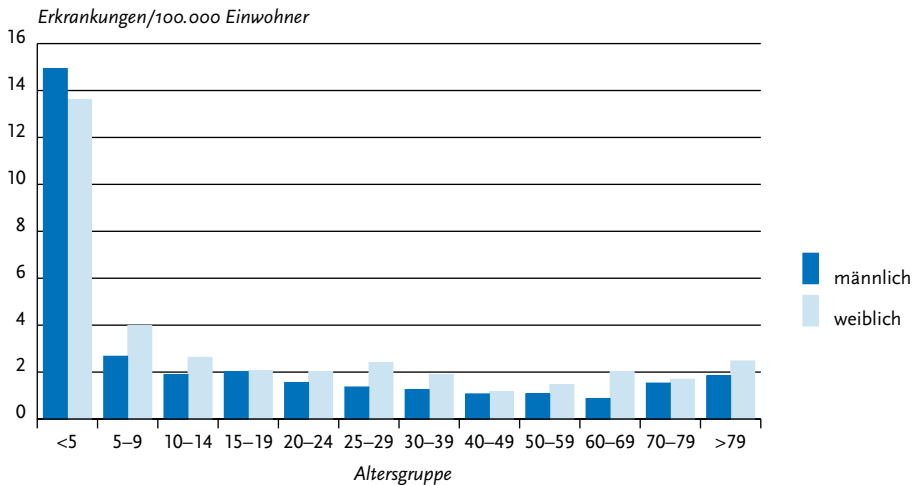


Abb. 6.10.3:
Übermittelte EHEC-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=1.811)



Tab. 6.10.2:
Am häufigsten genannte Serogruppen der übermittelten EHEC-Erkrankungen, Deutschland, 2016 (n=320)

Serogruppe	Anzahl	Anteil
O91	47	15 %
Ont (nicht typisierbar)	41	13 %
O157	39	12 %
O26	27	8 %
O103	26	8 %
O146	19	6 %
O145	12	4 %
O113	10	3 %
O128	8	2 %
O55	6	2 %
Andere	85	0 %
Summe	320	100 %

Klinische Aspekte

Für 1.809 Erkrankungen wurden Symptome angegeben (n=3.280). Am häufigsten wurde Durchfall genannt (1.464; 81%), gefolgt von Bauchschmerzen (1.031; 57%), Erbrechen (317; 18%) und Fieber

(266; 15%). 2016 wurden keine Todesfälle aufgrund von EHEC übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 42 Ausbrüche durch EHEC (ohne HUS-Erkrankungen) mit insgesamt 96 EHEC-Erkrankungen übermittelt. Die meisten Ausbrüche betrafen 2 oder 3 Personen. Der größte übermittelte Ausbruch umfasste 9 Personen und ereignete sich in einem privaten Haushalt – grüner Salat mit Rucola wurde als Infektionsquelle vermutet. Hier wurde die Serogruppe O128 nachgewiesen. Die meisten, kleinen Ausbrüche spielten sich im häuslichen Umfeld oder in Kindertagesstätten ab. Als Infektionsquelle wurde zu 4 dieser Häufungen Milch ermittelt – 2-mal wurde explizit Rohmilch angegeben. Als weitere wahrscheinliche Infektionsorte für Ausbrüche mit 2 bis 4 Betroffenen wurden Hotels (2-mal) und eine Reha-Einrichtung genannt.

Datenqualität

Die Häufigkeit der Diagnose von EHEC in Deutschland ist sehr von der Inanspruchnahme und Qualität labordiagnostischer Möglichkeiten abhängig. Die Diagnostik dieser Erreger ist schwierig und wird im Routinealltag meist nicht bis zur Anzucht eines Isolats oder bis zur Bestimmung

der Serogruppe durchgeführt. Dies ist aber für die epidemiologische Beurteilung erforderlich, wie auch der große EHEC/HUS-Ausbruch im Jahr 2011 noch einmal verdeutlicht hat. Da nur noch für 18 % der übermittelten EHEC-Erkrankungen Informationen zur Serogruppe vorliegen und dieser Anteil in den vergangenen Jahren mehr und mehr abgenommen hat, haben Angaben zur Serogruppenverteilung auf Grundlage der Meldedaten gemäß IfSG nur eine sehr begrenzte Aussagekraft.

Fazit

Der Anstieg der Fallzahlen ist insbesondere auf eine Erhöhung der Anzahl übermittelter Erkrankungen bei Erwachsenen zurückzuführen. Der Anteil der EHEC-Erkrankungen, bei denen Informationen zur Serogruppe vorlagen, ist 2016 mit 18 % auf einem konstant niedrigen Niveau. Im Jahr 2002 betrug dieser Anteil noch 48 %. Ohne Angabe der Serogruppe ist die Erkennung epidemiologischer Infektionszusammenhänge bei EHEC-Erkrankungen nahezu unmöglich. Ob die o.g. Erhöhung der Fallzahl bei den Erwachsenen auf einen überregionalen EHEC Ausbruch zurückzuführen ist, lässt sich ohne diese Angaben nicht klären.

Literaturhinweise

- Gieraltowski L, Schwensohn C, Meyer S, et al.: *Notes from the Field. Multistate Outbreak of Escherichia coli O157:H7 Infections Linked to Dough Mix – United States, 2016*. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 2017;66:88–89. DOI: <http://dx.doi.org/10.15585/mmwr.mm6603a6>
- Jaakkonen A, Salminen S, Rimhanen-Finne R, et al.: *Severe Outbreak of Sorbitol-Fermenting Escherichia coli O157 via Unpasteurized Milk and Farm Visits, Finland 2012*. Zoonoses Public Health 2017. DOI: 10.1111/zph.12327
- 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.
- Severi E, Vial F, Peron E, Mardh O, Niskanen T, Takkinen J: *Community-wide outbreaks of haemolytic uraemic syndrome associated with Shiga toxin-producing Escherichia coli O26 in Italy and Romania: a new challenge for the European Union*. Euro surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22664
- Germinarion C, Caprioli A, Giordano M, et al.: *Community-wide outbreak of haemolytic uraemic syndrome associated with Shiga toxin 2-producing Escherichia coli O26:H11 in southern Italy, summer 2013*. Euro Surveill 2016. <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22583>

- 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.
- Werber D, Krause G, Frank C, et al.: *Outbreaks of virulent diarrhoeagenic Escherichia coli – are we in control?* BMC Med 2012; 10:11.
- 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.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.11 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 2016 wurde dem RKI aus Nordrhein-Westfalen eine Erkrankung an Fleckfieber übermittelt. Betroffen war ein 3-jähriger Junge, welcher nach Aufenthalt in Gambia wegen mehrerer Fieberschübe in einem deutschen Krankenhaus behandelt wurde. Als Erreger wurde *Rickettsia prowazekii* serologisch nachgewiesen.

In den Jahren 2001 und 2003 wurden zwei bzw. eine serologisch-diagnostizierte Fleckfieber-Erkrankung aus Hessen übermittelt.

Alle bisher bekannten Infektionen wurden nicht in Deutschland erworben.

6.12 FSME (Frühsommer-Meningoenzephalitis)



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 348
- ▶ Inzidenz am höchsten bei 50- bis 69-Jährigen, Männer stärker betroffen als Frauen
- ▶ Inzidenz wie in den Vorjahren in Bayern und Baden-Württemberg am höchsten
- ▶ Ca. 50 % der Erkrankungen mit Beteiligung des zentralen Nervensystems; 85 % hospitalisiert
- ▶ Mehrzahl der Erkrankten (99 %) gar nicht oder unzureichend geimpft

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, grippe-ähnlichen Beschwerden (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. 6.12.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 erfüllten 348 der 360 übermittelten FSME-Fälle die Referenzdefinition. Damit ist die Fallzahl im Vergleich zum Vorjahr um 129 Fälle (59 %) gestiegen (s. Tab. 6.12.1). Entsprechend der Aktivität der übertragenden Zecken wurden die Erkrankungen wie in den Vorjahren hauptsächlich vom Frühjahr bis in den Spätherbst übermittelt; 310 der 348 Erkrankungen (89 %) traten im II. und III. Quartal auf (s. Abb. 6.12.1).

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. 6.12.2). In diesen beiden Bundesländern liegen 126 der 146 im Jahr 2016 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 neben den Meldedaten zusätzlich Angaben zum Infektionsort sowie Fallzahlen der vergangenen Jahre berücksichtigt.

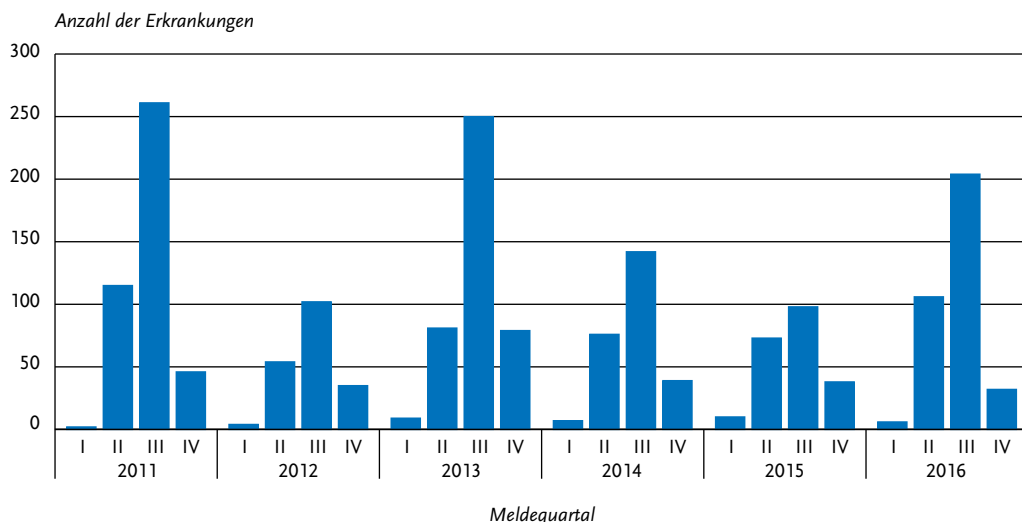
Im Vergleich zum Median der Vorjahre 2011 bis 2015 nahm die Fallzahl pro 100.000 Einwoh-

Tab. 6.12.1:
Übermittelte FSME-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	219	96 %	348	97 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	5	2 %	6	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3	1 %	6	2 %
alle	227	100 %	360	100 %
Referenzdefinition (C)	219	96 %	348	97 %

Abb. 6.12.1:

Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016 (n=1.869)



ner in allen o.g. Bundesländern mit Risikogebieten zu, am stärksten in Thüringen (um das 8-fache). Wie in den Vorjahren war die Inzidenz in Baden-Württemberg und Bayern am höchsten (s. Abb. 6.12.2).

Für 309 von 319 Erkrankungen, bei denen ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben war, wurde ausschließlich Deutschland genannt, bei 2 Erkrankungen Spanien und bei jeweils einer Erkrankung Polen, Lettland, Österreich, die Russische Föderation und Frankreich. Bei 3 weiteren Erkrankungen wurde neben Deutschland ein zweites Land (Mazedonien, Italien und Kroatien) als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Für 29 Erkrankungen (8,3 %) wurde kein Infektionsland angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz lag wie in den Vorjahren insgesamt bei männlichen Personen (0,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) höher als bei weiblichen (0,4). Betrachtet man die Altersgruppen einzeln, so ist bei den Altersgruppen 40 bis 49 Jahre und 50 bis 59 Jahre die Inzidenz bei Frauen höher als bei Männern. Die höchsten Inzidenzen wurden mit 1,0 Erkr./100.000 Einw. bei Männern in der Altersgruppe 60 bis 69 Jahre und mit 0,8 Erkr./

100.000 Einw. bei Frauen in der Altersgruppe 50 bis 59 Jahre beobachtet (s. Abb. 6.12.3).

Klinische Aspekte

Bei allen 348 Erkrankungen lagen Angaben zum klinischen Bild vor: Bei 13 der 31 (42 %; Vorjahr: 31 %) erkrankten Kinder unter 15 Jahren wurde eine Beteiligung des zentralen Nervensystems (ZNS) angegeben, bei 8 Erkrankungen (26 %) handelte es sich dabei um eine Meningitis, bei einer Erkrankung (3 %) um eine Myelitis, bei 3 Erkrankungen (10 %) um eine Enzephalitis und bei einer Erkrankung (3 %) um eine Enzephalitis in Kombination mit einer Meningitis. Von den 317 erkrankten Personen älter als 14 Jahre hatten 162 (51 %; Vorjahr: 51 %) eine Beteiligung des ZNS; davon hatten 93 Personen (29 %) eine isolierte Meningitis und 6 Personen (2 %) eine isolierte Myelitis. 60 Personen hatten eine Enzephalitis (19 %), davon hatten 30 (insg. 9 %) zusätzlich eine Meningitis und ein Erkrankter zusätzlich eine Meningitis und eine Myelitis. Bei drei Personen trat eine Meningitis in Kombination mit einer Myelitis auf. Bei den 348 übermittelten Erkrankungen wurde bei 296 (85 %) eine Hospitalisierung angegeben. Bei den Personen, die nur allgemeine Krankheitssymptome hatten (173), wurde bei 133 (77 %) eine Hospita-

Abb. 6.12.2:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=348) im Vergleich mit den Vorjahren

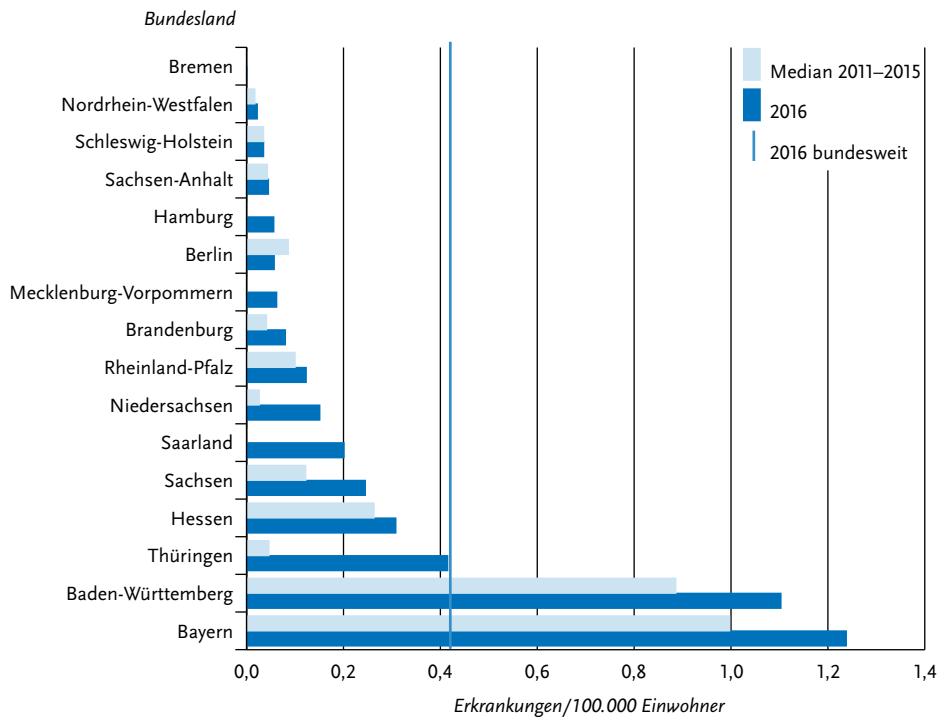
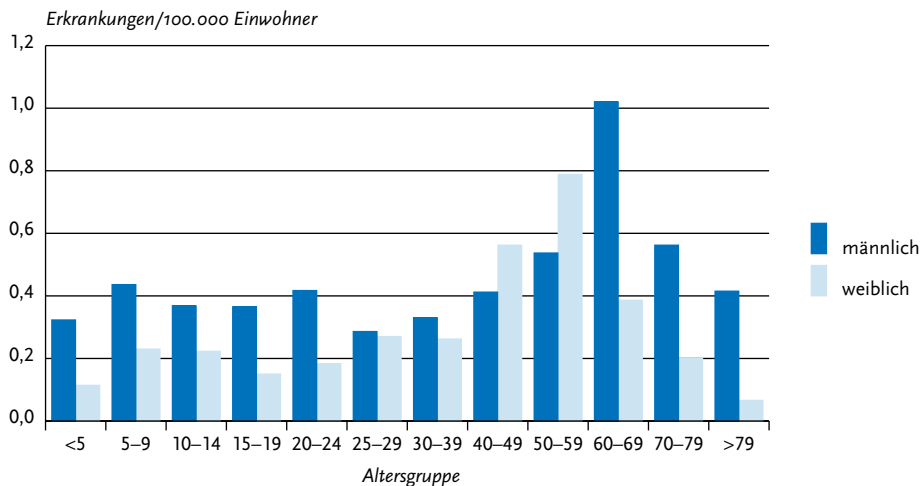


Abb. 6.12.3:
Übermittelte FSME-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=348)



lisierung angegeben und bei den Personen mit Beteiligung des ZNS (175) bei 163 (93 %). Es wurde ein Todesfall durch FSME bei einer über 90-jährigen Person 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 Immunschutz wurde ab 3 Wochen nach ≥ 2 Impfdosen angenommen.

Der Nachweis von IgM-Antikörpern zusammen mit länger anhaltenden IgG-Antikörpern wird gemäß Falldefinition als 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 Impfungen 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 348 übermittelten FSME-Erkrankungen hatten 328 (94 %) Angaben zum Impfstatus. Davon wurden 33 (10 %) als geimpft und 295 (90 %) als nicht geimpft übermittelt. Von den 33

geimpften Erkrankten lagen bei 22 (67 %) die Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung vollständig vor, sodass der Immunschutz bewertet werden konnte. Es wurden 18 Personen (82 %) als unzureichend geimpft eingestuft (5 Erkrankungen mit einer Impfdosis, 8 Erkrankungen mit 2 Impfdosen, 3 Erkrankungen mit 3 Impfdosen und 2 Erkrankungen mit mehr als 3 Impfdosen (s. Abb. 6.12.4)). Von den Erkrankten, die mehr als eine Impfdosis erhalten haben, betrug bei 3 Erkrankten (mit 2 Impfungen) der zeitliche Abstand zwischen der letzten Impfung und dem Erkrankungsbeginn < 21 Tage (5, 19 und 17 Tage) und es kann deshalb von keinem ausreichenden Schutz ausgegangen werden. In den restlichen 10 Fällen, die mehr als eine Impfung erhalten haben, war der Abstand zwischen letzter Impfung und Erkrankungsbeginn zu lang (Details s. Abb. 6.12.4).

Von den geimpften Personen wurden 4 (18 %) als vollständig geimpft eingestuft. Bei zwei Fällen, die 3 Impfdosen erhalten hatten, lag die letzte Impfung < 3 Jahre vor der Erkrankung; diese wurden daher als wahrscheinliche Impfdurchbrüche eingestuft. Beide hatten keine ZNS-Symptomatik, eine Person war auf Grund der Erkrankung hospitalisiert. Ebenfalls als wahrscheinliche Impfdurchbrüche eingestuft wurden 2 weitere Personen mit 4 Impfdosen, bei denen die letzte Impfdosis weniger als 3 Jahre zurück lag. Bei beiden Fällen wurde eine ZNS-Symptomatik angegeben (einmal Meningitis, einmal Enzephalitis).

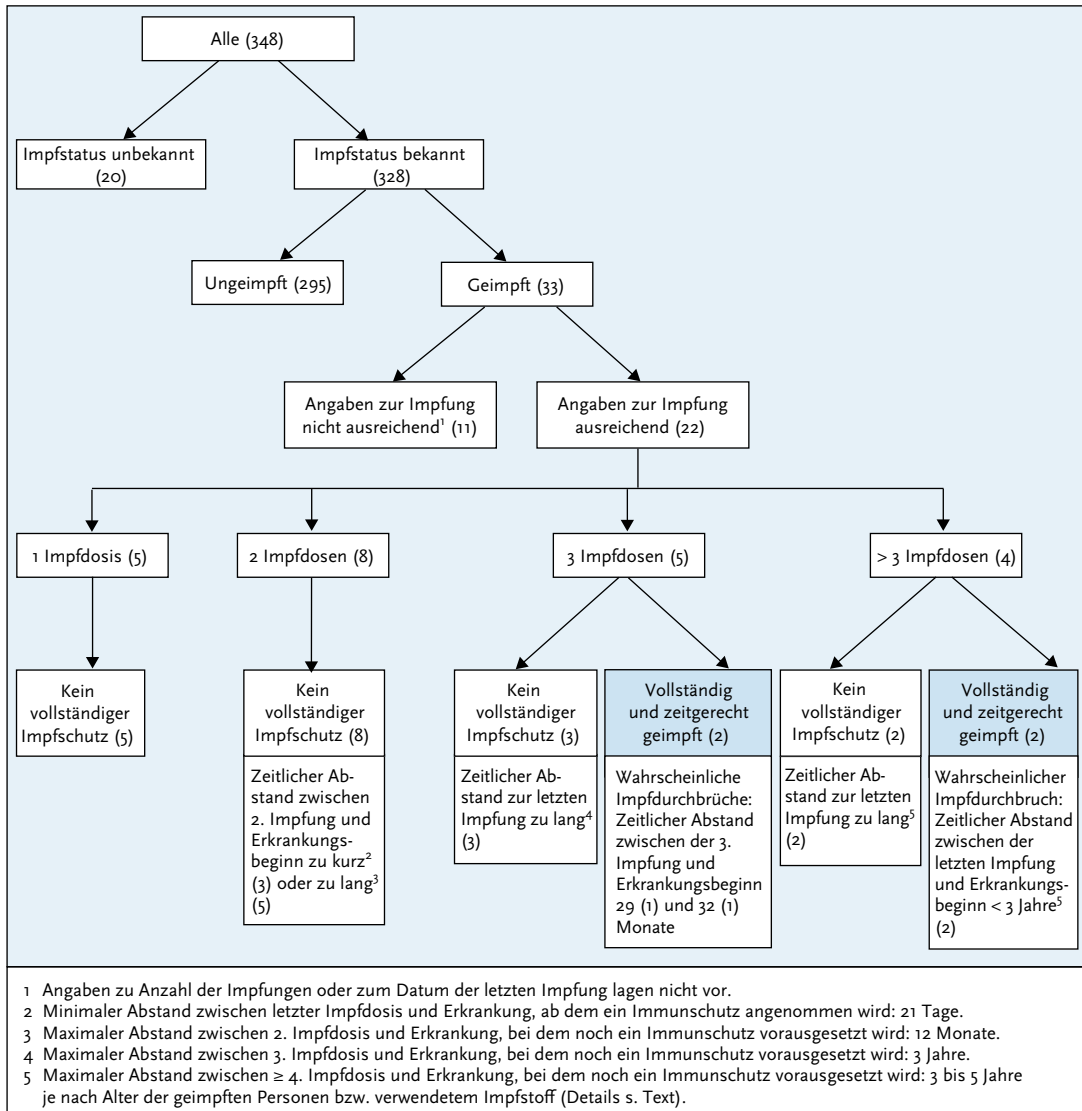
Datenqualität

Die Vollständigkeit der Angaben ist insgesamt hoch. Zur Beurteilung des Impfschutzes fehlen jedoch bei 33 % 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 341 übermittelten Fälle ohne Auslandsbezug die Angabe des Infektionslandkreises, die für die Erstellung der jährlichen Karte der FSME-Risikogebiete unerlässlich ist.

Fazit

Die Anzahl übermittelter FSME-Erkrankungen hat im Vergleich zum Vorjahr um 59 % zugenommen; sie unterliegt seit ihrer Erfassung stärkeren

Abb. 6.12.4:
Übermittelte FSME-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=348)



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 als auch durch Veränderungen des Lebensstils beeinflusst. Nicht zuletzt können die Erkrankungszahlen auch durch das Bewusstsein für die Krankheit sowie durch das Meldeverhalten beeinflusst sein.

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

Literaturhinweise

- Estrada-Pena A, de la Fuente J: *The ecology of ticks and epidemiology of tick-borne viral diseases*. Antiviral Res 2014; 108:104–128.
- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:557–567.
- Ruzek D, Dobler 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.
- Lindquist L, Vapalahti O: *Tick-borne encephalitis*. Lancet 2008; 371:1861–1871.
- RKI: *Aktuelle Karte der FSME-Risikogebiete in Deutschland*. Epid Bull 2017; 17:156–157.
- RKI: *FSME: Risikogebiete in Deutschland (Stand: Mai 2016)*. Epid Bull 2017; 17:149–161.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- 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 für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.13 Giardiasis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **3.484**
- ▶ Höchste altersspezifische Inzidenzen bei 2- bis 3-jährigen Kindern
- ▶ Männliche Personen erkrankten häufiger
- ▶ 50 % der Infektionen im Ausland erworben
- ▶ Seit 2011 kontinuierliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ 45 Ausbrüche mit 114 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 und veröffentlicht. Der Parasit wird fäkal-oral durch direkten Kontakt, Nahrungsmittel oder Trinkwasser übertragen.

Falldefinition

Die Falldefinition für Giardiasis wurde 2015 angepasst. Seitdem erfüllt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.13.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 3.484 Erkrankungen an Giardiasis übermittelt, 116 (3 %) weniger als im Vorjahr. Entsprechend sank die Gesamtinzidenz auf 4,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner leicht gegenüber dem Vorjahr (4,4).

Geografische Verteilung

Nach Bundesländern variierten die Inzidenzen zwischen 1,9 Erkr./100.000 Einw. in Niedersachsen und 11 Erkr./100.000 Einw. in Berlin (s. Abb. 6.13.1). Über dem Niveau der bundesweiten Inzidenz von 4,2 lagen außer Berlin auch Hamburg (7,9), Sachsen (7,1) und Mecklenburg-Vorpommern (5,5).

Tab. 6.13.1:

Übermittelte Giardiasis-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

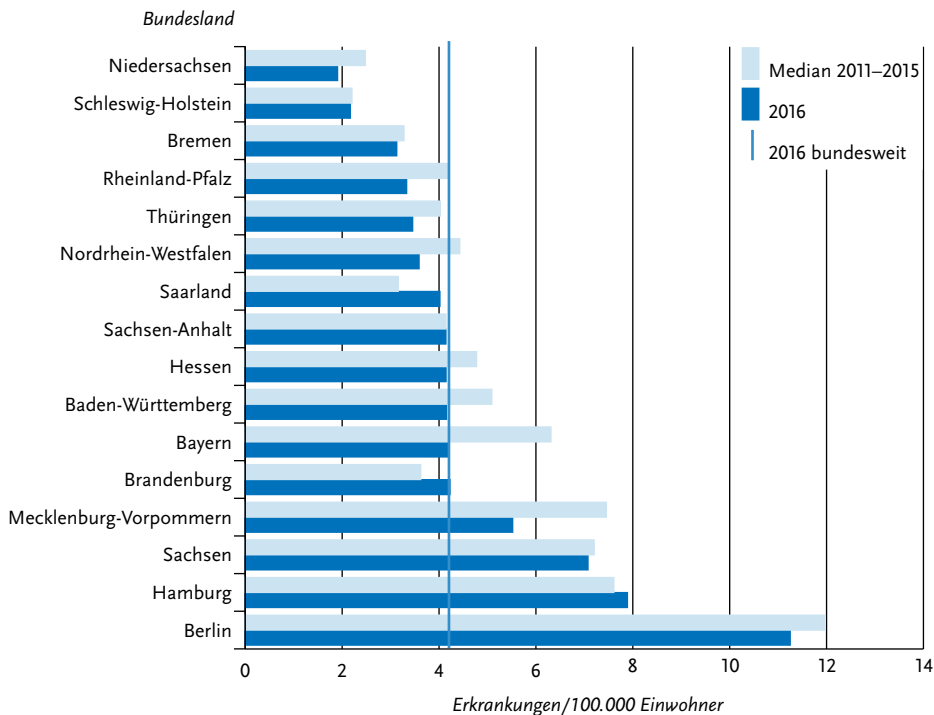
Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	19	0%	11	0%
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.581	51%	3.473	75%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.173	17%	404	9%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.192	31%	755	16%
alle	6.965	100%	4.643	100%
Referenzdefinition (B+C)	3.600	52%	3.484	75%

Bei 2.264 Erkrankungen (65%) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen möglich). Von 2.325 Nennungen betrafen 50 %, wie im Vorjahr, Deutsch-

land. Am häufigsten genannte, nicht-deutsche wahrscheinliche Infektionsländer waren Indien (211 Nennungen), Tansania (52), Thailand (49), Spanien (46) und Italien (37) (s. Tab. 6.13.2).

Abb. 6.13.1:

Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=3.484) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.13.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen nach Infektionsland, Deutschland, 2016 (Mehrfachnennungen möglich, 2.264 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	1.154	50%
Indien	211	9%
Tansania	52	2%
Thailand	49	2%
Spanien	46	2%
Italien	37	2%
Kolumbien	32	1%
Türkei	29	1%
Indonesien	27	1%
Peru	24	1%
Andere	664	29%
Summe	2.325	100%

Demografische Verteilung

Mit 7,3 und 7,7 Erkr./100.000 Einw. traten die höchsten altersspezifischen Inzidenzen bei den 2- und 3-jährigen Kindern auf (s. Abb. 6.13.2). Ein zweiter Inzidenzgipfel war in den Altersgruppen

von 20 bis 29 Jahren zu verzeichnen. Männliche Personen erkrankten insgesamt häufiger (5,1 Erkr./100.000 Einw.) als weibliche (3,4); besonders stark war dieser Unterschied bei Erwachsenen im Alter von 40 bis 59 Jahren und bei Heranwachsenden im Alter von 10 bis 14 Jahren. Anders bei Kindern im Alter von 2 Jahren, hier erkrankten mehr Mädchen als Jungen.

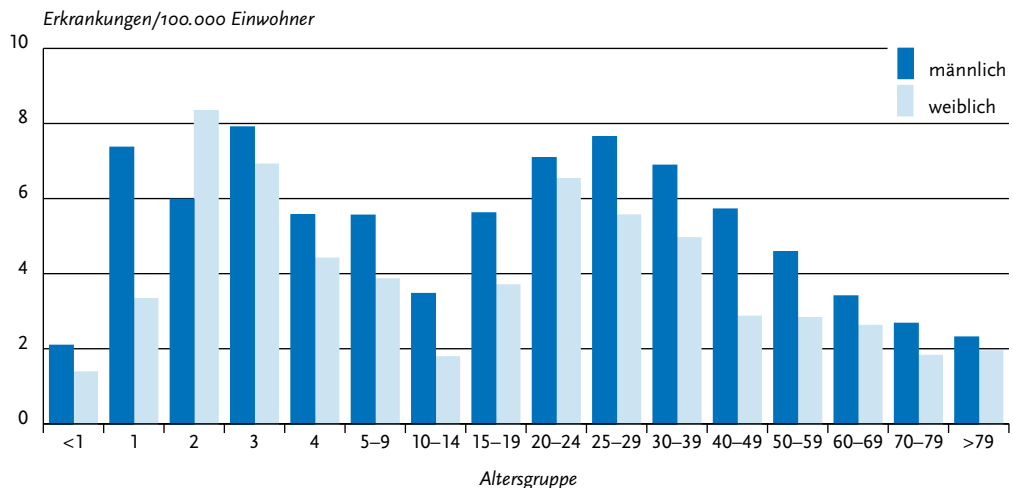
Ausbrüche

Es wurden 45 (2015: 56) Ausbrüche übermittelt. Die Gesamtzahl der in Ausbrüchen übermittelten Giardiasis-Erkrankungen betrug 114 (2015: 153). Der größte Ausbruch umfasste 7 Erkrankungen und wurde aus Berlin übermittelt. Genauere Informationen zum Infektionsumfeld liegen nicht vor. Zwei weitere Ausbrüche umfassten je 5 Erkrankungen. Einer davon ereignete sich in einer Unterkunft für Asylsuchende, der zweite wurde ohne genauere Informationen zum Infektionsumfeld übermittelt.

Datenqualität

Seit Einführung des IfSG ist bei allen labordiagnostisch bestätigten Giardiasis-Erkrankungen der Anteil der Fälle, die ausschließlich durch Mikroskopie diagnostiziert wurden, zu Gunsten der Anwendung von sensitiveren Antigentests zurückgegangen. Seit der Anpassung der Falldefinition 2015

Abb. 6.13.2:
Übermittelte Giardiasis-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=3.472)



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 gewinnt. Im Jahr 2016 wurden folgende Nachweismethoden angegeben: 62 % Antigentest, 22 % Mikroskopie, 6,2 % PCR sowie 10 % Kombination von Antigentest und Mikroskopie, 0,2 % Kombination von Mikroskopie und PCR und außerdem 0,1 % Kombination von Antigentest und PCR.

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.
- Helmy YA, Klotz C, Wilking H, et al.: *Epidemiology of Giardia duodenalis infection in ruminant livestock and children in the Ismailia province of Egypt: insights by genetic characterization*. Parasit Vectors 2014; 7:321.
- 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.

6.14 Haemophilus influenzae, invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **622**
- ▶ Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 59 Jahren
- ▶ Häufigste Symptome sind Fieber (67 %), Lungenentzündung (59 %) und Sepsis (29 %)
- ▶ Zwei Drittel (68 %) der Fälle mit Kapseltypisierung werden durch unbekapselte Stämme (NTHi) verursacht

Kurzbeschreibung

Bakterien der Spezies *Haemophilus influenzae* verursachen insbesondere invasive Erkrankungen wie Entzündungen der Hirnhaut, des Kehlkopfschleims, des Knochen- und Muskelgewebes sowie Blutvergiftungen. 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 Schutzimpfung 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. Seit 2015 erfüllen neben der Falldefinitions-kategorie B und C auch alle weiteren labor-diagnostisch nachgewiesenen Infektionen unabhängig vom klinischen Bild die Referenzdefinition (Falldefinitions-kategorien D und E). Für das Jahr 2016 wurden 105 Fälle (17 %) nach der alten und 530 Fälle (83 %) nach der neuen Falldefinition erfasst und übermittelt. Im Jahr 2015 wurden dagegen noch 70 % in

einer alten Falldefinitionsversion erfasst und übermittelt. Mit Abstand die häufigste übermittelte Falldefinitionskategorie waren klinisch-labordiagnostisch bestätigte Erkrankungen (Kategorie C) (87%), deren Anteil im Vergleich zum Vorjahr konstant blieb (2015: 89%). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.14.1).

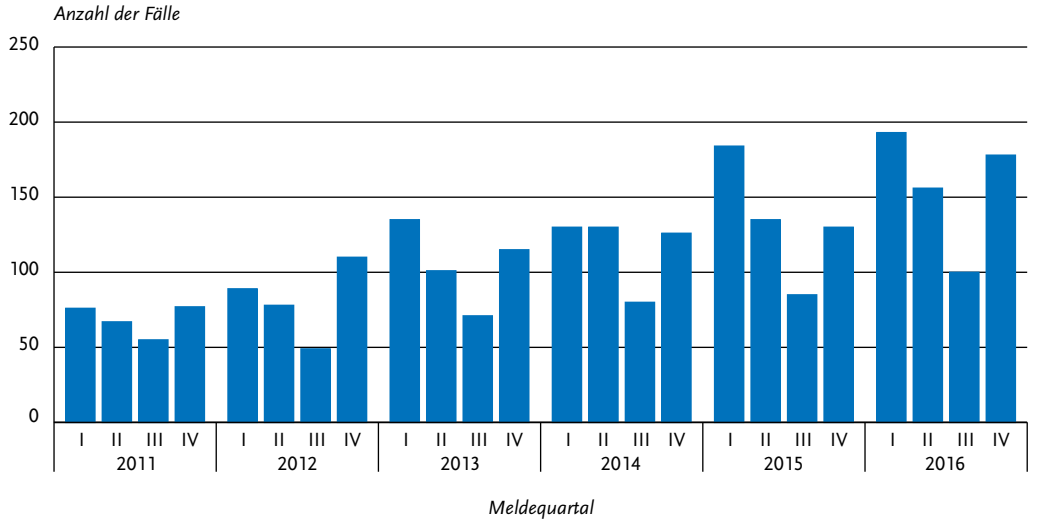
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurde mit 622 invasiven *Haemophilus-influenzae*-Infektionen die höchste Zahl seit Beginn der Meldepflicht übermittelt und der seit 2007 (93 Fälle) beobachtete Trend steigender Fallzahlen bestätigt. Die Fallzahlen zeigten wie in den Vorjahren einen saisonalen Verlauf mit den niedrigsten Fallzahlen jeweils im III. Quartal (s. Abb. 6.14.1).

Tab. 6.14.1:
Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016.

Kategorie	2015				2016			
			Falldefinition				Falldefinition	
	gesamt		vor 2015		gesamt		vor 2015	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	0	0	0	0%	0	0
klinisch-labordiagnostisch (C)	534	89%	367	167	554	87%	92	462
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	22	4%	19	3	28	4%	7	21
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	42	7%	30	12	53	8%	6	47
alle	598	100%	416	182	635	100%	105	530
Referenzdefinition	B+C, B+C+D+E		B+C	B+C+D+E	B+C, B+C+D+E		B+C	B+C+D+E
	549	92%	367	182	622	98%	92	530

Abb. 6.14.1:
Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016



Geografische Verteilung

Die bundeslandspezifische Inzidenz lag zwischen 0,6 und 1,5 Fällen pro 100.000 Einwohner bei einer bundesweiten Inzidenz von 0,8 (Median der Vorjahre: 0,5). Fälle wurden in allen Bundesländern verzeichnet. In allen Bundesländern lag die Inzidenz höher als im Median der Vorjahre, vor allem in Sachsen, Brandenburg und Bremen wurden verglichen mit den Jahren zuvor im Jahr 2016 mehr als doppelt so hohe Inzidenzen beobachtet (s. Abb. 6.14.2). Für 337 Fälle (54 %) 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. 6.14.3). Etwa 6 % (n=40) der übermittelten Fälle betrafen Kinder unter 5 Jahren, während fast Dreiviertel (73 %; n=452) der Fälle bei Erwachsenen > 59 Jahre auftraten. Mit steigendem Alter nahm die Infektionshäufigkeit bei den alten Menschen deutlich zu und stieg von 0,9 Fällen/100.000 Einw. bei den 60- bis 69-Jährigen über 1,9 bei den 70- bis 79-Jährigen auf 4,4 bei den > 79-Jährigen an. Lag die Gesamtinzidenz bei den > 69-Jährigen im Jahr 2006 noch bei 0,4 Fällen/100.000 Einw., waren es im Jahr 2016 bereits 2,8. Dagegen stieg die Inzidenz bei < 5-Jährigen im gleichen Zeitraum nur moderat von 0,8 auf 1,1.

Obwohl das Geschlechterverhältnis generell ausgewogen war (Inzidenz Männer 0,79 und Frauen 0,73), fällt insbesondere bei Jungen im Alter < 4 Jahren und Männern ab dem Alter ≥ 70 Jahren eine höhere Inzidenz auf (s. Abb. 6.14.3).

Abb. 6.14.2:

Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=622) im Vergleich mit den Vorjahren

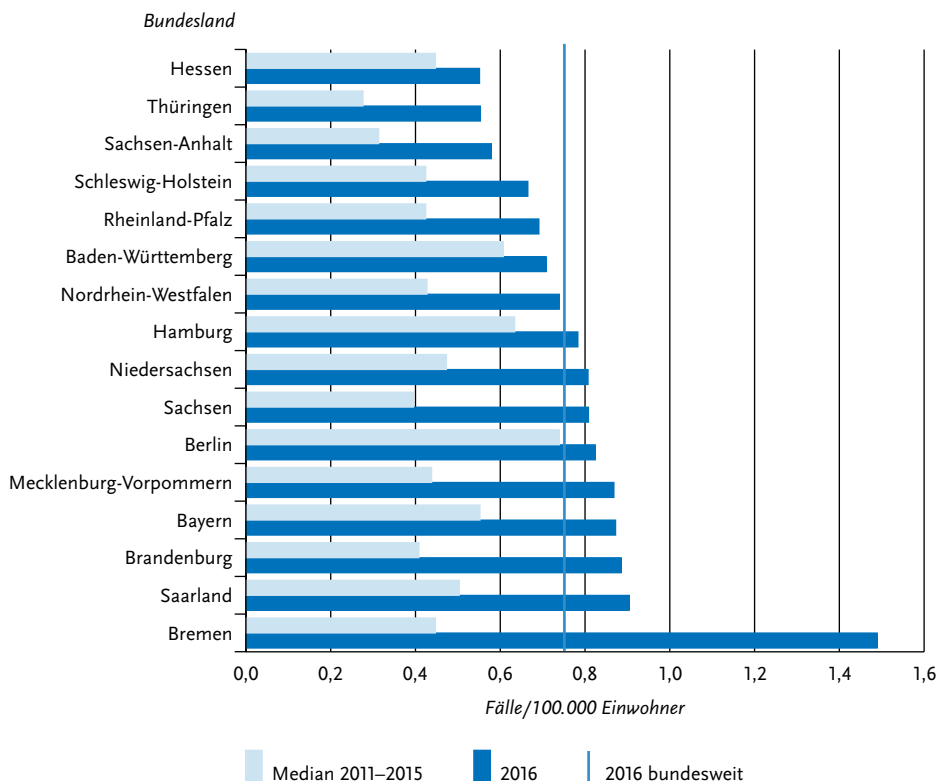
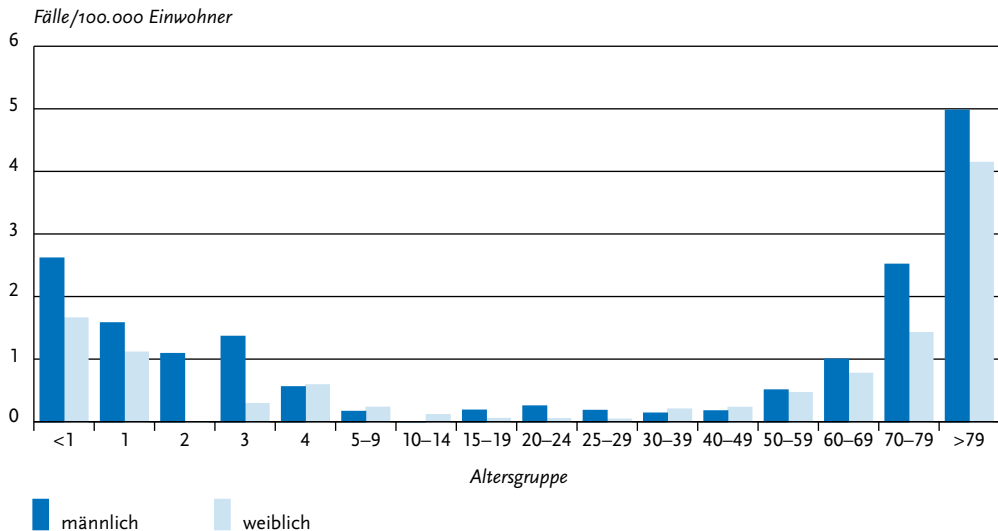


Abb. 6.14.3:

Übermittelte *Haemophilus-influenzae*-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=622)

Nachgewiesene Erreger

Der Anteil der Fälle mit Angaben zur Typisierung nimmt seit Jahren stetig zu. Für das Jahr 2016 lag bei 65 % (n=402) der Fälle ein Hinweis auf eine durchgeführte Typisierung vor, davon wurde jedoch bei 92 Fällen (23 %) das Typisierungsergebnis mit »– andere/sonstige –« nicht weiter spezifiziert. Bei 310 Fällen wurde das spezifische Typisierungsergebnis angegeben. Dabei handelte es sich in 29 Fällen (9,6 %) um den impfpräventablen Typ b, 44-mal (14 %) wurde der Typ f, 4-mal (1,3 %) der Typ e, jeweils 2-mal der Typ a und c (je 0,65 %) und 17-mal (5,5 %) der Typ non-b angegeben; 212-mal (68 %) wurde ein nicht typisierbarer Stamm (NTHi) gefunden.

Klinische Aspekte

Angaben zum klinischen Bild lagen bei 553 (89 %) Erkrankungen vor. Die am häufigsten übermittelten Symptome waren (bei Mehrfachnennung) Fieber in 370 Fällen (67 %), Lungenentzündung in 325 Fällen (59 %) und ein septisches Krankheitsbild in 163 Fällen (29 %). Daneben traten 28-mal Nackensteifigkeit (5,1 %) auf und 23-mal Sinusitiden (4,2 %) auf.

Es wurden 25 Todesfälle (4,0 %) durch invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen übermittelt. 2 Todesfälle betrafen einen 2-jährigen und einen 3-jährigen Jungen. Von den beiden Todesfällen war der 2 Jahre alte Junge ungeimpft. In der Kapseltypisierung konnte eine Infektion mit Kapseltyp b nachgewiesen werden. Dieser Todesfall wäre mit einer altersentsprechenden Impfung vermutlich vermeidbar gewesen. Der 3-jährige Junge war mit 3 Impfungen mit dem Kombinationsimpfstoff im ersten Lebensjahr nicht altersentsprechend geimpft, eine spezifische Kapseltypisierung wurde nicht vorgenommen. Die übrigen Todesfälle waren zwischen 61 bis 98 Jahre alt; das mediane Alter betrug 80 Jahre.

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 einem erhöhten Risiko für invasive

Haemophilus-influenzae-Infektionen, wie z. B. aufgrund funktioneller oder erworbener Asplenie, ist eine Impfstoffdosis empfohlen, wenn 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 61 erkrankten Personen im Alter von 0 bis 26 Jahren beschränkt.

Von den 61 Personen in dieser Altersgruppe waren 18 geimpft und 30 ungeimpft; 13 Fälle waren ohne Angabe zum Impfstatus. Von den 18 Geimpften lagen für 10 ausreichende Angaben (Alter bei letzter Impfung, Anzahl der Impfungen und Art des Impfstoffes wenn Alter bei letzter Impfung < 1 Jahr und Anzahl der Impfungen < 4) zur Auswertung vor: 8 von ihnen waren vollständig geimpft. Für 3 der 8 vollständig geimpften Personen lagen Informationen zum Kapseltyp vor. Einmal handelte es sich dabei um den Kapseltyp b und damit um einen Impfdurchbruch. Dieser Fall betraf einen 3 Jahre alten Jungen mit Symptomen von Fieber, Kopfschmerzen und Nackensteifigkeit. Bei den anderen beiden 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 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 Typisierung erbitten. Bei allen

vorliegenden Typisierungsbefunden sollte eine Rücksprache mit dem Nationalen Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* erfolgen, um zeitnah vollständige und korrekte Angaben zum Kapseltyp ermitteln zu können.

Fazit

Invasive *Haemophilus-influenzae*-Infektionen gehören weiterhin zu den eher seltenen meldepflichtigen Ereignissen, auch wenn ihre Zahl in den letzten Jahren weiter kontinuierlich angestiegen ist. Wie in den Vorjahren ist bei den über 69-Jährigen weiterhin ein Anstieg der Fallzahlen zu verzeichnen (368 Fälle 2016 gegenüber 323 Fälle 2015). Da bisher 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.
- Kalies H, Siedler A, Grondahl B, Grote V, Milde-Busch A, von Kries R: *Invasive Haemophilus influenzae infections in Germany: impact of non-type b serotypes in the post-vaccine era*. BMC Infect Dis 2009; 9:1–7.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2015*. Epid Bull 2017; 16:137–145.
- 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.

6.15 Hantavirus-Erkrankung



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 281
- ▶ Extreme Schwankungen der Fallzahl von Jahr zu Jahr möglich
- ▶ Letztes großes Ausbruchsjahr: 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 aufgrund von Nukleokapsidproteinen serologisch 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 die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.15.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 281 Erkrankungen, d. h. etwa zwei Drittel weniger als im Vorjahr, übermittelt. Dies entspricht 0,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Mehrzahl der Fälle (68 %) trat in der zweiten Jahreshälfte auf (s. Abb. 6.15.1).

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

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Hantavirus-Erkrankungen wird vor allem durch die regionale Verbreitung infizierter Reservoirtiere bestimmt. Die Inzidenz lag im Jahr 2016 in Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen (jeweils 0,7 Erkr./100.000 Einw.), Baden-Württemberg (0,6) und Nordrhein-Westfalen (0,5) über dem bundesweiten Mittelwert von 0,3 Erkr./100.000 Einw.

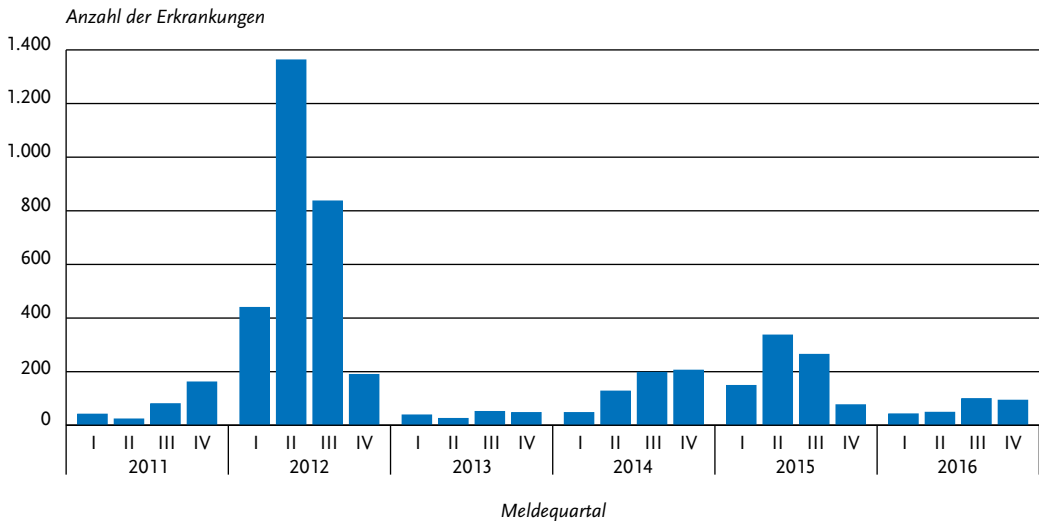
Bei 238 Erkrankungen (85 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Von insgesamt 243 Nennungen entfielen 229 (94 %) auf Deutschland. Des Weiteren wurden

Tab. 6.15.1:

Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	829	95 %	281	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	13	1 %	7	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	33	4 %	10	3 %
alle	875	100 %	298	100 %
Referenzdefinition (B+C)	829	95 %	281	94 %

Abb. 6.15.1:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016



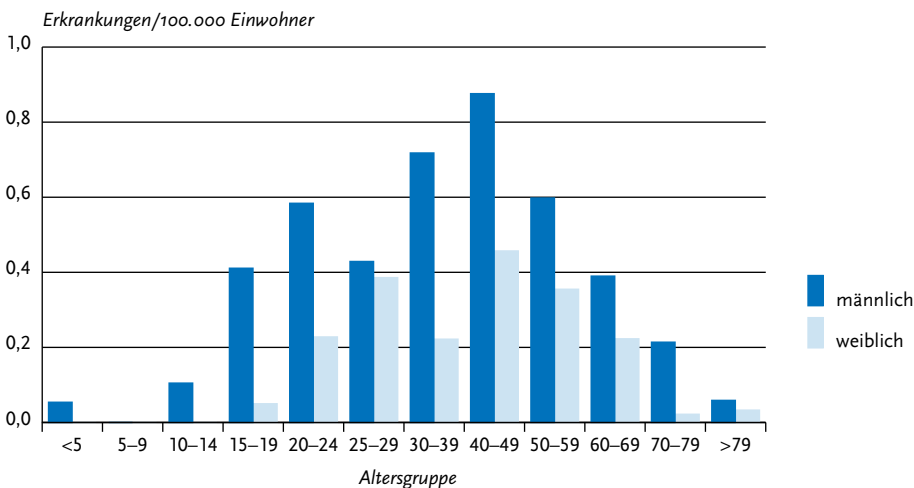
Polen und Österreich (jeweils 2-mal) sowie 5 weitere europäische Länder (je einmal) genannt. Zudem wurden Syrien und die Türkei je einmal angegeben.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz war in der Altersgruppe der 40- bis 49-Jährigen am höchsten (0,7 Erkr./100.000

Einw.). Bei unter 15-Jährigen war die Erkrankung vergleichsweise selten (1% der Fälle, Inzidenz: 0,03). Die Erkrankten waren überwiegend (68%) männlichen Geschlechts; die höchste Inzidenz (0,88) wurde für die 40- bis 49-jährigen Männer errechnet (s. Abb. 6.15.2).

Abb. 6.15.2:
Übermittelte Hantavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=281)



Nachgewiesene Erreger

Für 265 Erkrankungen wurden Angaben zum Serotyp gemacht, wobei die Hantavirus-Spezies für 111 Erkrankungen nicht vorlag. Unter den Erkrankungen mit Speziesangabe entfielen 136 (88 %) auf das Puumala-Virus und 18 (12 %) auf das Dobrava-Virus. Die Hälfte (50 %) der Dobrava-Virus-Infektionen wurde aus Mecklenburg-Vorpommern übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 206 Erkrankten (73 %) wurde eine Nierenfunktionsstörung, das Leitsymptom der Hantavirus-Erkrankung in Deutschland, angegeben. Es wurden keine Todesfälle im Zusammenhang mit einer Hantavirus-Erkrankung übermittelt.

Datenqualität

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

Fazit

Im Vergleich zu den Vorjahren wurden 2016 nur wenige Hantavirus-Fälle übermittelt. Zum Ende des Jahres stieg die Anzahl der übermittelten Fälle wieder leicht an.

Literaturhinweise

- Roda Gracia J, Schumann B, Seidler A: *Climate Variability and the Occurrence of Human Puumala Hantavirus Infections in Europe: A Systematic Review*. Zoonoses Public Health 2015; 62:465–478.
- 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; 110:461–467.
- Faber M, Wollny T, Schlegel M, et al.: *Puumala virus outbreak in western Thuringia, Germany, 2010: Epidemiology and strain identification*. Zoonoses Public Health 2013; 60:549–554.
- Winter C, Brockmann SO, Piechotowski I, et al.: *Survey and case-control study during epidemics of Puumala virus infection*. Epidemiol Infect 2009; 137:1479–1485.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.16 Hepatitis A



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 736
- ▶ Seit mehreren Jahren deutlich abnehmende Fallzahlen
- ▶ 43 Ausbrüche mit 116 Erkrankungen
- ▶ Männern häufiger betroffen als Frauen
- ▶ 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. 6.16.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 736 Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 119 (14 %) weniger als im Vorjahr sowie die zweitniedrigste Anzahl seit 2001. Insgesamt hat die Anzahl der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen seit 2001 um 62 % abgenommen. Die bundesweite Inzidenz für Hepatitis A ist im Vergleich zum Vorjahr leicht auf 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner gesunken.

Die Erkrankungszahlen zeigten im Jahr 2016 im Vergleich zu den Vorjahren einen weniger ausgeprägten saisonalen Verlauf mit einem leichten Anstieg in den Monaten September bis Dezember. Dieser Anstieg spiegelt – verzögert durch die bis zu 50 Tage lange Inkubationszeit – die vermehrte Reiseaktivität und das damit verbundene erhöhte

Tab. 6.16.1:

Übermittelte Hepatitis-A-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	11	1 %	8	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	844	74 %	728	68 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	112	10 %	147	14 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	175	15 %	186	17 %
alle	1.142	100 %	1.069	100 %
Referenzdefinition (B+C)	855	75 %	736	69 %

Infektionsrisiko in den Sommer- und Herbstmonaten wider (s. Abb. 6.16.1). Der Rückgang der Hepatitis-A-Erkrankungen in den Monaten Januar bis April ist u.a. auf den Rückgang der in Deutschland ankommenden Asylsuchenden zurückzuführen.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz lag in den Bundesländern Berlin, Hamburg, Sachsen-Anhalt, Nordrhein-Westfalen,

Hessen und Rheinland-Pfalz über dem bundesweiten Durchschnitt. Ein Rückgang der Inzidenz im Vergleich zu den Vorjahreswerten war vor allem in Bremen (Rückgang um 76 %), Niedersachsen (27 %) und dem Saarland (26 %) zu beobachten. Größere Anstiege im Vergleich zu den Vorjahren waren in Mecklenburg-Vorpommern (Anstieg um 56 %), Berlin (19 %), Bayern (15 %), Sachsen-Anhalt und Schleswig-Holstein (je 13 %) bemerkbar (s. Abb. 6.16.2).

Abb. 6.16.1:

Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2016 (n=736) im Vergleich mit den Vorjahren

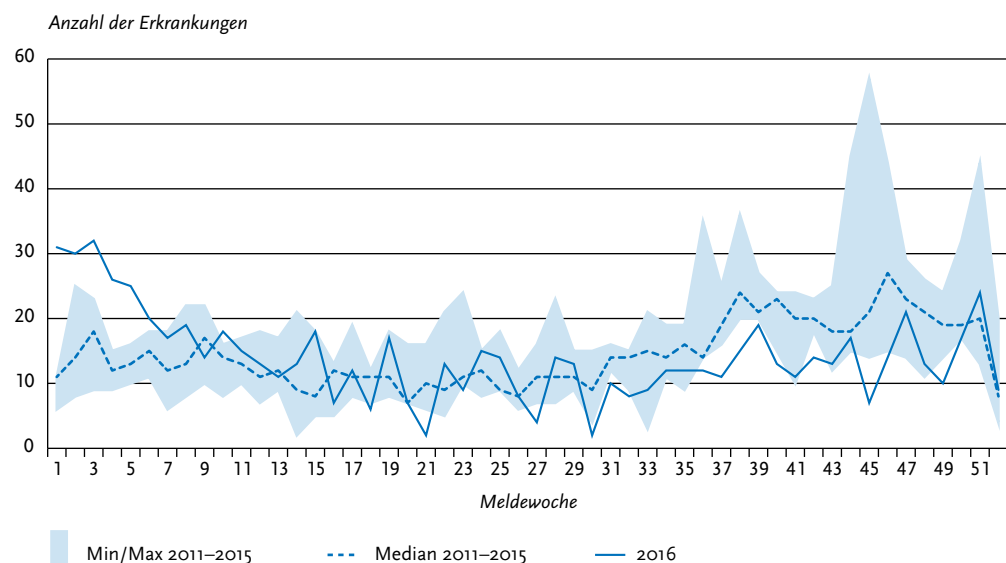
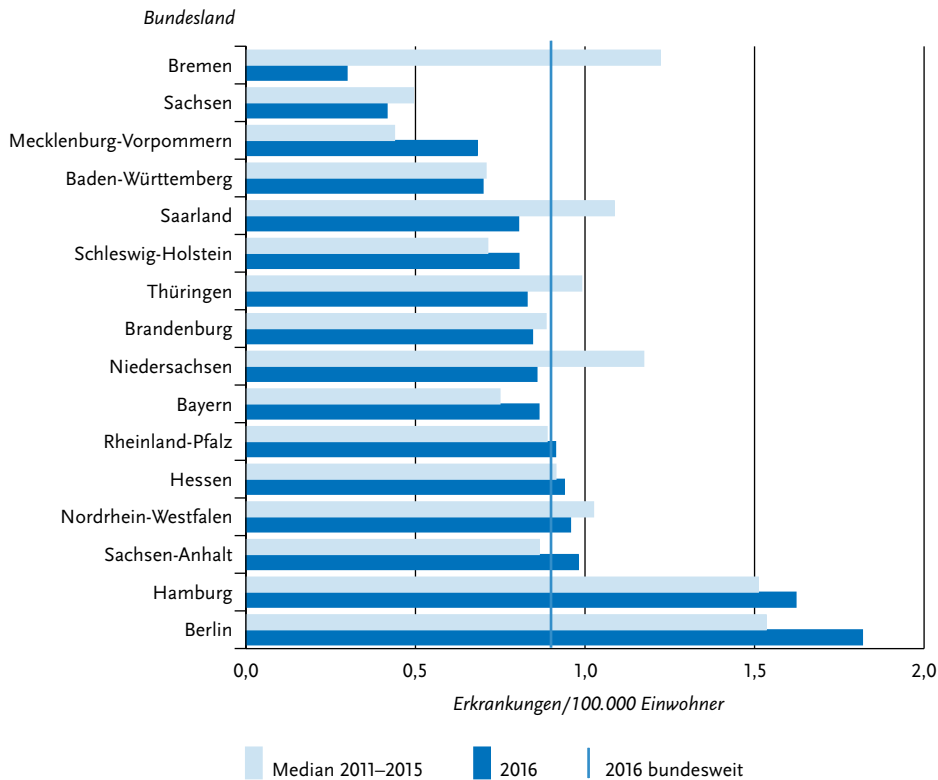


Abb. 6.16.2:

Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=736) im Vergleich mit den Vorjahren



Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden bei 478 Erkrankungen (65 %) übermittelt. Von den 492 Nennungen zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen waren möglich) entfielen 331 (67 %) auf Deutschland (s. Tab. 6.16.2). Die am häufigsten genannten ausländischen Infektionsländer waren Spanien (16 Nennungen) und Pakistan (13), gefolgt von Afghanistan, Ägypten, Marokko und Syrien (je 8).

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz war bei Jungen und Männern bis zum Alter von 29 Jahren sowie bei Mädchen bis 9 Jahren am höchsten (s. Abb. 6.16.3). Wie in den Vorjahren lag bei beiden Geschlechtern der Gipfel bei den 5- bis 9-jährigen. 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. Jungen bzw. Männer waren in fast allen Altersgruppen stärker betroffen als Mädchen und Frauen, außer bei den 5- bis 9- und den 60- bis 69-jährigen. Insgesamt ergab sich zwischen den Geschlechtern ein merklicher Unterschied in der Inzidenz (weibliche Personen: 0,7 und männliche Personen: 1,0 Erkr./100.000 Einw.).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2016 wurden 2 Todesfälle infolge einer Hepatitis-A-Erkrankung übermittelt. Betroffen waren eine Frau im Alter von 85 Jahren sowie ein 75-jähriger Mann.

Tab. 6.16.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen, Deutschland, 2016
(Mehrfachnennungen möglich, 478 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	331	67%
Spanien	16	3%
Pakistan	13	3%
Afghanistan	8	2%
Ägypten	8	2%
Marokko	8	2%
Syrien	8	2%
Rumänien	6	1%
Bulgarien	6	1%
Frankreich	4	1%
Thailand	4	1%
Andere	80	16%
Summe	492	100%

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 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 nachweisbar. 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 609 (83%) der 736 übermittelten Erkrankungen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.16.4). Von diesen wurden 553 (91%) als ungeimpft übermittelt. Bei 56 Personen wurde eine Hepatitis-A-Erkrankung trotz Impfung angegeben: 2 Personen hatten 4 bzw. 3 Impfdosen, 9 hatten 2 Impfdosen und 33 hatten nur eine Impfdosis erhalten. Für 12 weitere Personen war die Anzahl der Impfdosen unbekannt. Insgesamt lagen ausreichende Angaben zu Impf- und Erkrank-

Abb. 6.16.3:

Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=732)

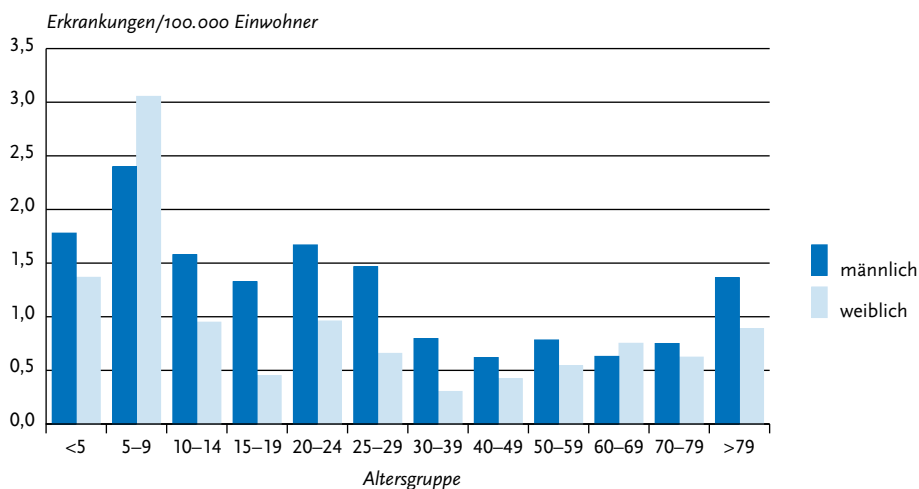
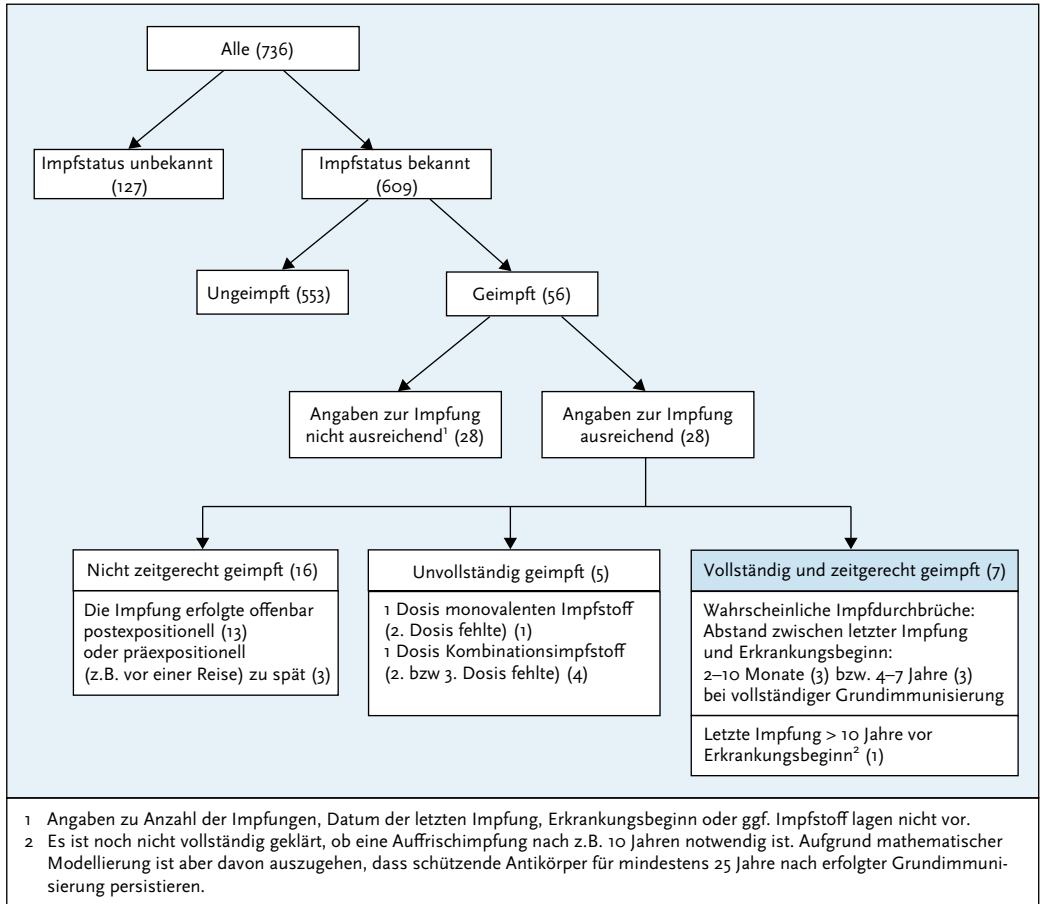


Abb. 6.16.4:
Übermittelte Hepatitis-A-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=736)



kungszeitpunkten sowie Art und Anzahl der Impfstoffdosen für 28 Erkrankte vor.

Sechs Patienten, die eine vollständige Grundimmunisierung erhalten hatten, erkrankten zwischen 2 Monate bis 7 Jahre nach ihrer letzten Impfung an Hepatitis A. Die vorliegenden Informationen sprechen bei diesen 6 Erkrankungen für einen wahrscheinlichen Impfdurchbruch.

Ausbrüche

Es wurden 43 Ausbrüche von Hepatitis-A-Erkrankungen übermittelt, 30 % weniger als im Vorjahr; 5 davon betrafen 5 oder mehr Erkrankte. Die Gesamtzahl der Fälle, die Ausbrüchen zugeordnet

wurden, betrug 116; dies entspricht 16 % aller übermittelten Hepatitis-A-Erkrankungen (2015: 20 %).

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.

Literaturhinweise

- Michaelis K, Wenzel JJ, Stark K, Faber M: *Hepatitis A virus infections and outbreaks in asylum seekers arriving to Germany, September 2015 to March 2016*. Emerg Microbes Infect 2017. doi: 10.1038/emi.2017.11
- 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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22709
- Jablonka A, Solbach P, Happle C, Hampel A, Schmidt RE, Behrens GM: *Hohe Hepatitis-A-Immunitätsrate bei Flüchtlingen in Deutschland*. Med Klin Intensivmed Notfmed. 2016. doi:10.1007/s00063-016-0203-7
- 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.
- Gossner C, Severi E, Danielsson N, Hutin Y, Coulombier D: *Changing hepatitis A epidemiology in the European Union: new challenges and opportunities*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21101
- RKI: *Gehäuftes Auftreten von Hepatitis-A-Erkrankungen bei Männern, die Sex mit Männern haben*. Epid Bull 2017; 22:28.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Impfschutz bei Erwachsenen in Schleswig-Holstein 2011 – ein Update nach acht Jahren*. Epid Bull 2013; 22:137–2013.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.17 Hepatitis B



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition im Jahr 2016: 3.006
- ▶ Seit 2015 deutliche Zunahme der Fallzahlen, die durch Änderung der Referenzdefinition und die vermehrte Testung von Asylsuchenden erklärbar ist
- ▶ Inzidenzen bei Männern (4,9) deutlich höher als bei Frauen (2,4), am höchsten bei 15- bis 19-jährigen, männlichen Jugendlichen (14)
- ▶ Am häufigsten genannte Infektionsländer: Deutschland (49 %), Äthiopien (7 %), Afghanistan (5 %), Syrien (5 %)
- ▶ 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

Die Falldefinitionen wurden 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 Zusatzinformationen abgefragt. Unter den Fällen, die nach der neuen Falldefinition erfasst wurden, erfüllen seit 2015 nicht nur klinisch-labor-diagnostisch bestätigte Fälle (C), sondern auch labordiagnostisch nachgewiesene Infektionen, bei denen das klinische Bild nicht erfüllt (D) oder unbekannt ist (E), die Referenzdefinition (Tab. 6.17.1).

Die beschriebenen Änderungen dienen nicht nur der Anpassung an die europäischen Falldefinitionen, sondern zielen auch darauf ab, den aktiven, d. h. infektiösen und damit übertragbaren, Hepatitis-B-Virus-Infektionen nachzugehen, unabhängig von der Ausprägung ihrer Symptomatik. Mit Einführung der neuen Falldefinition steigt die Zahl der veröffentlichten Hepatitis-B-Virus-Infektionen, wie bereits in 2015, deutlich stärker als in den Jahren zuvor.

Für das Jahr 2016 wurden 629 Fälle (18 %) nach der alten und 2.837 Fälle (82 %) nach der neuen Falldefinition erfasst und übermittelt. Von letzteren entfielen 2.323 (82 %) auf die Falldefinitionskategorien D und E. Der Anteil der klinisch-labordiagnostisch bestätigten Fälle (C) an allen übermittelten Fällen blieb im Vergleich zum Vorjahr weitgehend unverändert (20 %; 2015: 19 %) (s. Tab. 6.17.1).

Von den 169 Hepatitis-B-Fällen, die nach der alten Falldefinition erfasst wurden und die alte Referenzdefinition erfüllen, wurden 130 Fälle mit näheren Angaben zum Labornachweis übermittelt, davon waren 26 (20 %) ausschließlich durch anti-HBc-IgM-Nachweis laborbestätigt; diese würden nach der neuen Falldefinition nicht mehr die Referenzdefinition erfüllen. Unter den 2.837 Hepatitis-B-Fällen, die nach der neuen Falldefinition erfasst wurden, erfolgte der Bestätigungstest in 156

Fällen mittels HBe-Antigennachweis; diese Fälle hätten nach der alten Falldefinition nicht die Referenzdefinition erfüllt.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 3.466 Hepatitis-B-Virus-Infektionen übermittelt, 407 weniger als im Vorjahr. Von den übermittelten Fällen entsprachen 3.006 Fälle (87 %) der Referenzdefinition und damit 1.024 mehr als im Vorjahr (s. Tab. 6.17.1). Die nachfolgenden Auswertungen beziehen sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Inzidenz der Hepatitis B in Deutschland betrug 3,7 Infektionen pro 100.000 Einwohner (2015: 2,4). Die Fallzahlen waren über das Jahr weitgehend konstant, während sie im letzten Jahr vor allem im zweiten Halbjahr stark angestiegen waren. 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. 6.17.1).

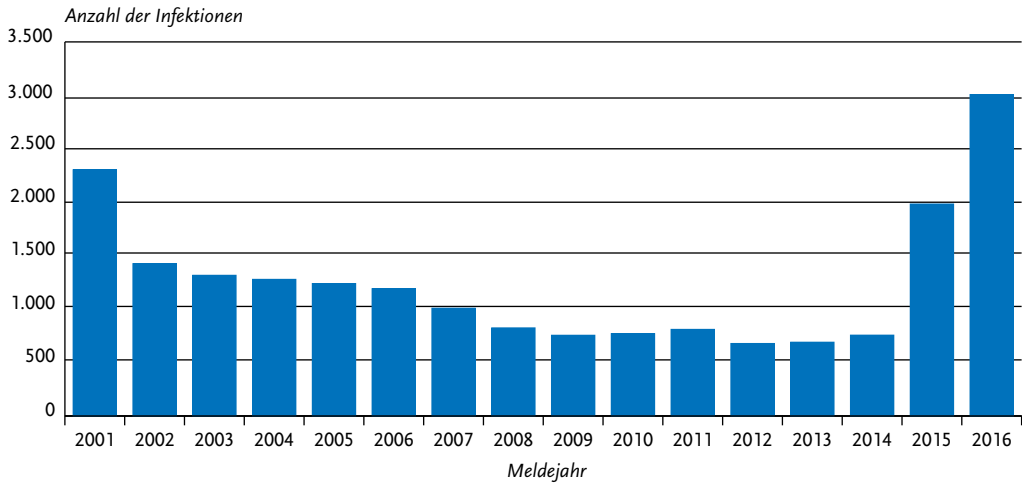
Geografische Verteilung

Die Inzidenzen in den Bundesländern betrugen zwischen 0,7 Infektionen pro 100.000 Einwohner in Thüringen und 8,0 in Sachsen. Verglichen mit dem Median der Vorjahre nahm die Inzidenz in einem Bundesland leicht ab (Bremen), während in

Tab. 6.17.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016.
Differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2015				2016			
			Falldefinition				Falldefinition	
	gesamt		vor 2015	2015	gesamt		vor 2015	2015
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl
klinisch-labordiagnostisch (C)	734	19%	501	233	683	20%	169	514
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	591	15%	415	176	643	19%	191	452
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.548	66%	1.476	1.072	2.140	62%	269	1.871
alle	3.873	100%	2.392	1.481	3.466	100%	629	2.837
Referenzdefinition	C, C+D+E		C	C+D+E	C, C+D+E		C	C+D+E
	1.982	51%	501	1.481	3.006	87%	169	2.837

Abb. 6.17.1:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen, Deutschland, 2001–2016



allen übrigen 15 Bundesländern ein Anstieg zu verzeichnen war (s. Abb. 6.17.2). Besonders stark war der Anstieg in Sachsen (von 0,9 auf 8,0), Bayern (von 1,0 auf 7,3), Mecklenburg-Vorpommern (von 0,5 auf 2,8), Baden-Württemberg (von 0,6 auf 3,2) und Schleswig-Holstein (von 0,6 auf 3,0).

Bei 718 (24 %) der insgesamt 3.006 Infektionen wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben, wobei unter Berücksichtigung von Mehrfachnennungen 727 Angaben gemacht wurden. Unter den 10 häufigsten Nennungen entfielen 359 (49 %) auf Deutschland, gefolgt von Äthiopien ($n=53$; 7,3 %), Afghanistan ($n=38$; 5,2 %), Syrien ($n=35$; 4,8 %), Rumänien ($n=14$; 1,9 %), Somalia ($n=14$; 1,9 %), Senegal ($n=13$; 1,8 %), Guinea ($n=12$; 1,7 %), Eritrea ($n=11$; 1,5 %), Türkei ($n=10$; 1,4 %) als wahrscheinliches Infektionsland.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz für Hepatitis B lag bei Jungen und Männern mit 4,9 Infektionen/100.000 Einw. 2-mal so hoch wie bei Mädchen und Frauen (2,4). Bei Frauen war die Altersgruppe der 25- bis 29-jährigen am stärksten betroffen (6,4). Dagegen lag das Maximum bei Männern in der Gruppe der 15- bis 19-jährigen (13,5; s. Abb. 6.17.3). Auch im Jahr 2015 war die Inzidenz für Hepatitis B bei Männern mit

3,4 Infektionen/100.000 Einw. insgesamt deutlich höher als bei Frauen (1,4) und die 15- bis 19-jährigen Männer und die 25- bis 29-jährigen Frauen wiesen die jeweils höchste Inzidenz auf.

Die Inzidenz im Kindesalter (<15 Jahre) ist niedrig: Insgesamt wurden 48 Infektionen übermittelt (2015: 31), davon 7 bei Kindern im ersten Lebensjahr (2015: 3).

Infektionsrisiken

Nur bei 119 (4,0 %) der 3.006 übermittelten Fälle 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 (42-mal; 35 %) genannt, darunter in 16 Fällen durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern. Als zweithäufigster Übertragungsweg wurde bei 31 Fällen (26 %) die Wohngemeinschaft mit einem Hepatitis-B-Virussträger angegeben, gefolgt von i.v.-Drogenkonsum (25 Fälle, 21 %). Des Weiteren wurde bei 12 Fällen der Erhalt von Blutprodukten (mit zeitlicher Angabe), bei 5 Fällen eine perinatale Übertragung und bei 4 Fällen eine Dialyse als wahrscheinlichster Übertragungsweg genannt.

Abb. 6.17.2:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=3.004) im Vergleich mit den Vorjahren

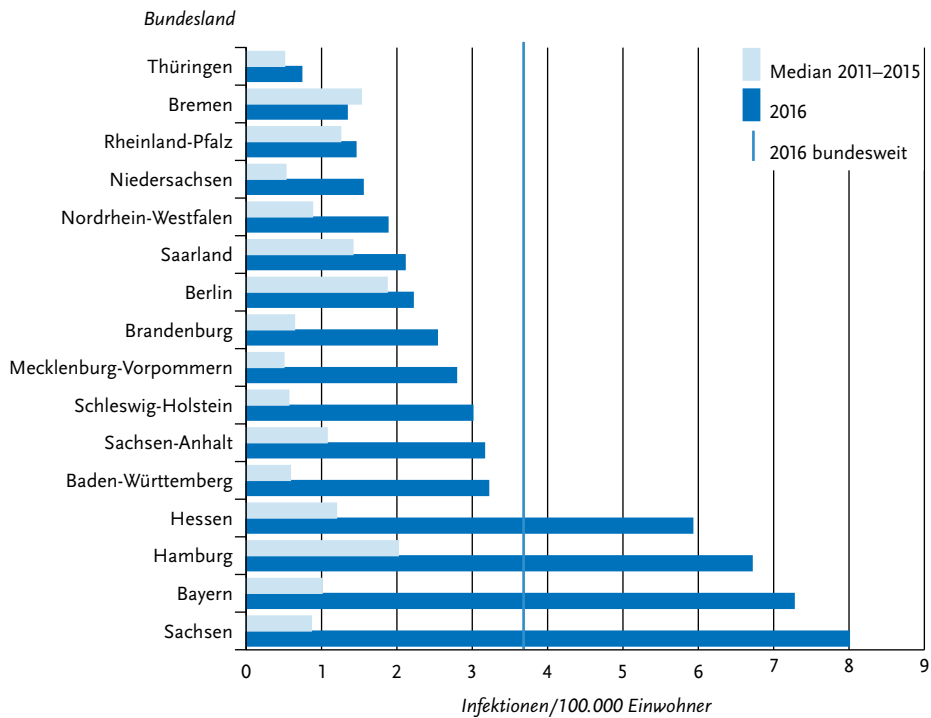
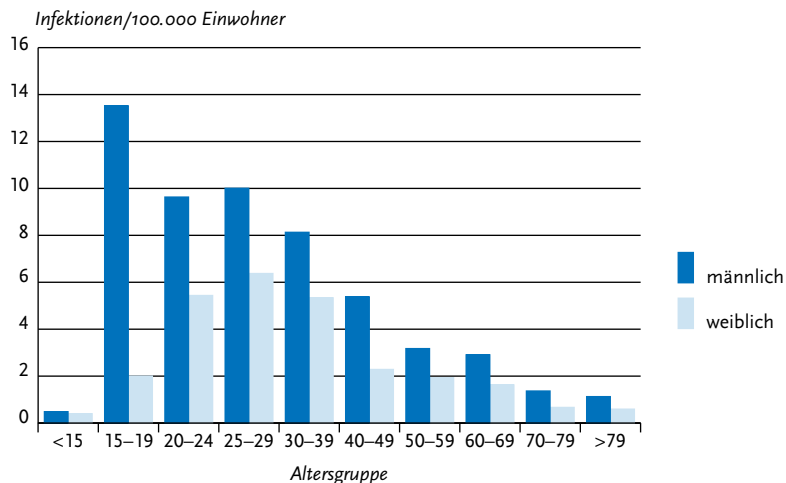


Abb. 6.17.3:
Übermittelte Hepatitis-B-Virus-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=2.970)



Impfstatus

Die STIKO empfiehlt eine 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 1.366 (45 %) der 3.006 übermittelten Hepatitis-B-Virus-Infektionen lagen Angaben zum Impfstatus vor (s. Abb. 6.17.4). Von diesen 1.366 Infektionen wurden 1.297 (95 %) als ungeimpft übermittelt. In 69 Fällen wurde eine Hepatitis-B-Virus-Infektion trotz Impfung angegeben.

Da ausreichende Angaben zur Anzahl der Impfstoffdosen sowie zum Datum der letzten Impfung jedoch nur für 43 Infektionen vorlagen, können nur diese bewertet werden. Bei 17 dieser Infektionen waren lediglich 1 oder 2 Impfdosen angegeben, sodass angenommen werden muss, dass keine vollständige Grundimmunisierung erfolgt ist. 26 Erkrankte hatten eine vollständige und zeitgerechte Grundimmunisierung mit mindestens 3 Impfungen erhalten. Darunter infizierten sich 23 Personen zwischen 2 Monaten und 15 Jahren nach der letzten Impfung. Für 3 Personen lagen mehr als 15 Jahre zwischen der letzten Impfung und der Infektion. In den letztgenannten 26 Fällen sprechen die vorliegenden Informationen für einen wahrscheinlichen Impfdurchbruch, wobei für einen dieser Fälle anamnestic seit der Geburt eine Hepatitis B bekannt ist.

Ausbrüche

Im Jahr 2016 wurden 5 Häufungen mit insgesamt 18 Fällen übermittelt. Bei 4 der Häufungen (mit

insgesamt 16 Fällen) war der wahrscheinlichste Übertragungsweg der Haushaltskontakt bzw. die Wohngemeinschaft mit einem Virusträger.

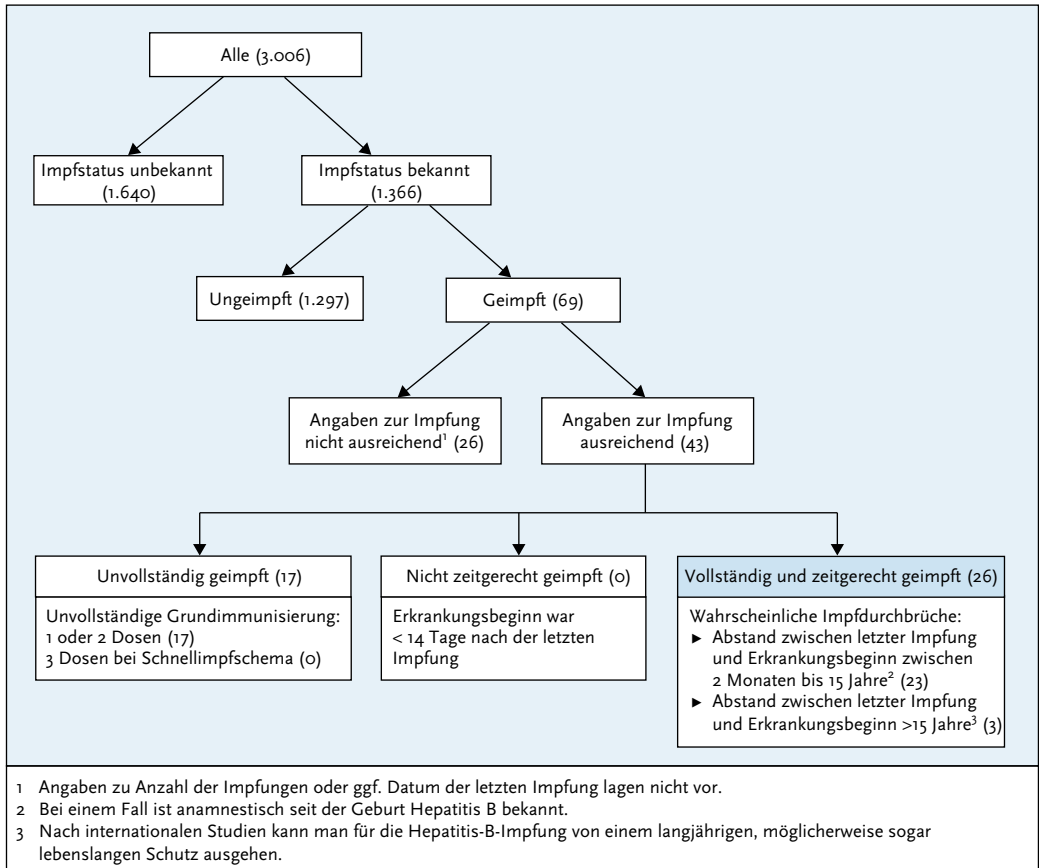
Datenqualität

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 labordiagnostischen Nachweis forderte, nicht in die Auswertung einbezogen. Dies gilt auch teilweise für 2015 und 2016, da nicht in allen Gesundheitsämtern die neuen Falldefinitionen implementiert sind, sodass auch im Jahr 2016 eine erhebliche Anzahl der Fälle nach der alten Falldefinition erfasst und übermittelt wurden (siehe auch Abschnitt *Falldefinition*). Allerdings ist der Anteil der übermittelten Fälle nach alter Falldefinition 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 Impfempfehlung für Säuglinge im Jahr 1995 zurückzuführen ist. Dieser Trend stagnierte mit geringen Schwankungen von 2009 bis 2014. In den Jahren 2015 und 2016 war eine starke Zunahme der Fallzahlen zu verzeichnen. Diese Zunahme ist zum Teil durch die Erweiterung der Referenzdefinition auf Fälle ohne, unklarer und 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. Sachsen und Bayern ist das vermehrte Testen von Asylsuchenden zu berücksichtigen, welche auch aus Regionen mit hoher Hepatitis-B-Prävalenz migrieren. 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.

Abb. 6.17.4:
Übermittelte Hepatitis-B-Fälle nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=3.006)



Asylsuchenden oder einem tatsächlichen Anstieg zuzuschreiben ist. Dies bedarf weiterer Untersuchungen. Hinzu kommen mögliche Doppelmeldungen, da in Ermangelung eines festen Wohnortes von Asylsuchenden die Zuordnung von Testergebnissen erschwert sein könnte. 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 begrenzter Recherchemöglichkeiten die übermittelten Zahlen ansteigen lässt. Der zeitliche Verlauf der nächsten Jahre wird die Interpretierbarkeit der Meldedaten erhöhen, da die Vergleichbar-

keit bei einheitlichen Kriterien von Fall- und Referenzdefinitionen dann wieder hergestellt ist.

Ähnlich den Vorjahren war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen, mit jeweiligem Inzidenzgipfel im jüngeren Erwachsenenalter, wobei sich die Altersverteilung der Männer wie im Vorjahr zu jüngeren Erwachsenen und Jugendlichen verschob. 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, 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

- Wahedi K, Nöst S, Bozorgmehr K: *Die Gesundheitsuntersuchung von Asylsuchenden: Eine bundesweite Analyse der Regelungen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:108–117.
- Wolffram I, Petroff D, Batz O, et al.: *Prevalence of elevated ALT values, HBsAg, and anti-HCV in the primary care setting and evaluation of guideline defined hepatitis risk scenarios*. J Hepatol 2015; 62:1256–1264.
- an der Heiden M, Ritter S, Hamouda O, Offergeld R: *Estimating the residual risk for HIV, HCV and HBV in different types of platelet concentrates in Germany*. Vox Sang 2015; 108:123–130.
- WHO: *Global health sector strategy on viral hepatitis 2016–2021. Towards ending viral hepatitis*. 2016. www.who.int/hepatitis/strategy2016-2021/ghss-hep/en
- WHO: *Hepatitis B. Fact sheet Nr. 204t*. 2016. www.who.int/mediacentre/factsheets/fs204/en
- WHO: *Guidelines for the prevention, care and treatment of persons with chronic hepatitis B infection*. 2015. www.who.int/hiv/pub/hepatitis/hepatitis-b-guidelines/en
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland*, 2015. Epid Bull 2017; 16:137–145.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Auswirkungen der Falldefinitionsänderung auf die Fallzahlen von Hepatitis B und C im Jahr 2015*. Epid Bull 2015; 49:528.
- RKI: *Virushepatitis B und D im Jahr 2014*. Epid Bull 2015; 29:271–285.
- RKI: *Ratgeber für Ärzte* (2016). www.rki.de/ratgeber

6.18 Hepatitis C



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **4.368**
- ▶ Weiterhin deutliche Abnahme der Fallzahlen, u.a. durch Änderung der Falldefinition im Jahr 2015
- ▶ Höhere Inzidenz bei Männern (7,2 Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner) als bei Frauen (3,4)
- ▶ Häufigkeitsgipfel in der Altersgruppe 30 bis 39 Jahre
- ▶ wichtigster Übertragungsweg ist intravenöser Drogengebrauch (80 % der Fälle mit Angabe zum Übertragungsweg)

Kurzbeschreibung

Die Hepatitis C ist eine weltweit beim Menschen vorkommende, durch Hepatitis-C-Viren (HCV) ausgelöste Leberentzündung, die parenteral übertragen wird. Ohne Therapie nimmt die Infektion in 50 bis 85 % der Fälle einen chronischen Verlauf, der nach Jahrzehnten eine Leberzirrhose oder ein Leberzellkarzinom verursachen kann. Es existiert kein Impfstoff gegen Hepatitis C. Aufgrund des meist unbekannten 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. Fälle, bei denen ein früherer HCV-Labornachweis bekannt ist, werden ausgeschlossen.

Die Referenzdefinition umfasst alle Fälle mit erstmaligem Labornachweis einer HCV-Infektion, unabhängig vom klinischen Bild, da die Mehrzahl der Neuinfektionen der Hepatitis C (ca. 75 %) asymptomatisch verläuft. 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. 6.18.1).

Seit Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 erfüllen nur noch Fälle mit einem direkten Erregernachweis die Kriterien für die labordiagnosti-

Tab. 6.18.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.309	27 %	1.218	28 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.422	29 %	1.409	32 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	2.182	44 %	1.741	40 %
alle	4.913	100 %	4.368	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	4.913	100 %	4.368	100 %

sche Bestätigung. Damit werden nur noch aktive Hepatitis-C-Infektionen berücksichtigt. Die neue Falldefinition wurde mit Verzögerung in den Gesundheitsämtern implementiert. Im Jahr 2016 wurden immer noch 21 % aller Fälle nach alter Falldefinition erfasst. Deren Anteil lag jedoch im Vorjahr noch bei 70 %.

Für 4.149 von insgesamt 4.368 Fällen, die die Referenzdefinition erfüllen, wurden nähere Angaben zum Labornachweis übermittelt. Darunter waren 260 Fälle, die nach der alten Falldefinition erfasst und nur durch einen Antikörpernachweis laborbestätigt wurden. 645 Fälle wurden nur durch den HCV-core-Antigennachweis labordiagnostisch bestätigt, der neu in die Falldefinition aufgenommen worden war. Diese wären nach alter Falldefinition nicht übermittelt worden. Insgesamt 3.244 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 2016 wurden insgesamt 4.368 Fälle von erstdiagnostizierter Hepatitis C übermittelt. Dies entsprach einer bundesweiten Inzidenz von 5,3 Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner. Damit war die Inzidenz um 15 % niedriger als die des Jahres 2015 (6,0).

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 wieder auf das Niveau der fünf Vorjahre zurück. Für das aktuelle Berichtsjahr ist ein weiterer Rückgang zu beobachten, der zumindest in Teilen der breiteren Anwendung der neuen Falldefinition geschuldet ist (s. Abb. 6.18.1).

Geografische Verteilung

Der Vergleich der Inzidenzen der einzelnen Bundesländer ergab eine weite Inzidenzspanne: Die Inzidenzen variierten in den Bundesländern zwischen 0,9 Erstdiagnosen/100.000 Einwohner in Bremen und 11 in Berlin (s. Abb. 6.18.2).

Über der bundesweiten Inzidenz von 5,3 lagen neben Berlin auch Sachsen (5,6), Hamburg (5,8), Hessen (6,1), Rheinland-Pfalz (6,3), Bayern (7,1) und Schleswig-Holstein (7,8). Vergleichsweise niedrige Inzidenzen von Erstdiagnosen fanden sich außer in Bremen auch in Mecklenburg-Vorpommern (2,4), Brandenburg (2,5), dem Saarland (2,5), Thüringen (2,6), Niedersachsen (3,5), Sachsen-Anhalt (4,1), Nordrhein-Westfalen (4,5) und Baden-Württemberg (4,7).

Rückläufige Inzidenzen der Erstdiagnosen im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre des jeweiligen Bundeslandes zeigten sich in fast allen Bundesländern, vor allem in Berlin, Saarland und Bremen. Ein Inzidenzanstieg im Jahr 2016 – verglichen mit dem Median der Jahre 2011 bis 2015 des jeweiligen Bundeslands – war in Schleswig-Holstein, Nordrhein-Westfalen und in geringem Maß auch in Rheinland-Pfalz zu verzeichnen.

Bei 1.093 (21 %) der gemäß Referenzdefinition übermittelten Erstdiagnosen fanden sich Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfach-

Abb. 6.18.1:
Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2016

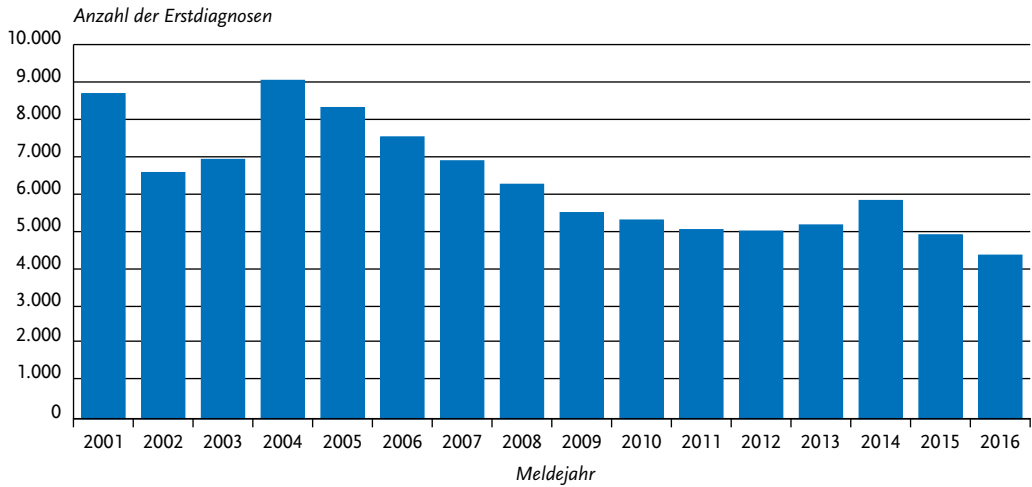
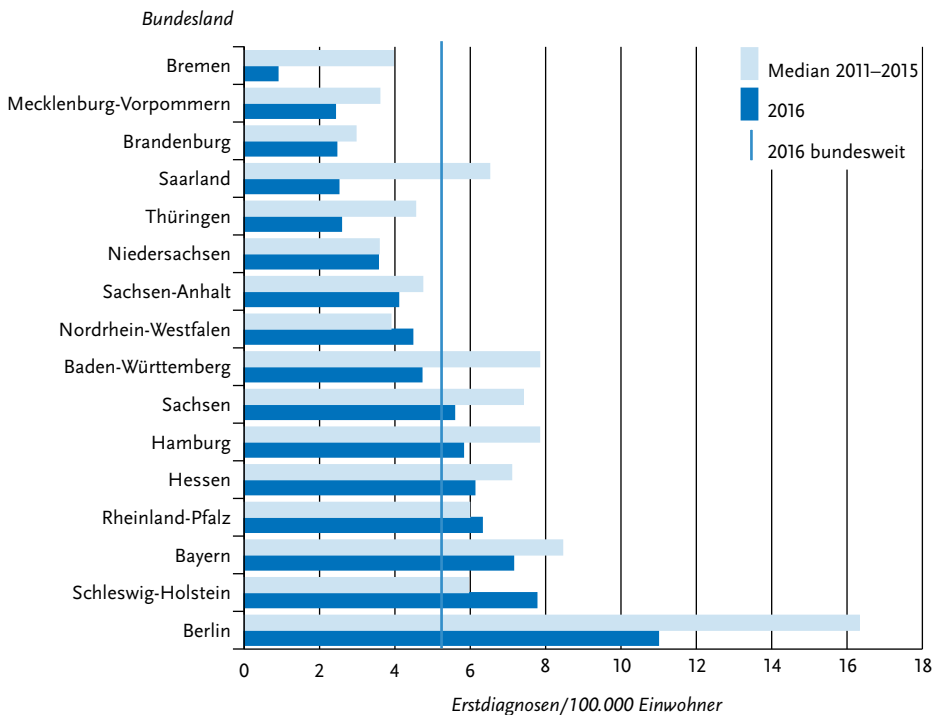


Abb. 6.18.2:
Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=4.366) im Vergleich mit den Vorjahren



nennungen möglich). Deutschland wurde 830 Mal angegeben (75 % der 1.107 Nennungen). Die meisten Nennungen eines Landes außerhalb Deutschlands entfielen auf die Russische Föderation ($n=31$; 3 %), gefolgt von Armenien ($n=21$), Kasachstan ($n=17$), Pakistan ($n=17$), Weißrussland ($n=17$), Georgien ($n=16$), Ukraine ($n=12$), Syrien ($n=11$) und Polen ($n=10$).

Demografische Verteilung

Die Inzidenz der Hepatitis-C-Erstdiagnosen in der männlichen Bevölkerung war mit 7,2/100.000 Einw. mehr als doppelt so hoch wie in der weiblichen (3,4). Wie in den vorangegangenen Jahren lag der Häufigkeitsspitzen bei den Männern in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen (18,2). 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. 6.18.3).

Die Inzidenz im Kindesalter (unter 15 Jahren) war mit 0,2 Erstdiagn./100.000 Einw. (entsprechend 27 übermittelten Fällen) gering.

Todesfälle

Mit zunehmenden Alter von Personen mit chronischen Hepatitis-C-Infektionen und zunehmender Infektionsdauer nehmen Spätfolgen der Infektion

wie Leberzirrhose und Leberzellkarzinom zu und steigt auch die Möglichkeit, an den Folgen dieser Erkrankung zu versterben.

Im Jahr 2016 wurden 11 (0,3 %) von insgesamt 4.368 Erstdiagnosen als an der gemeldeten Krankheit verstorben übermittelt. Im Vorjahr waren es 4 (0,1 %) Todesfälle von insgesamt 4.913 Erstdiagnosen.

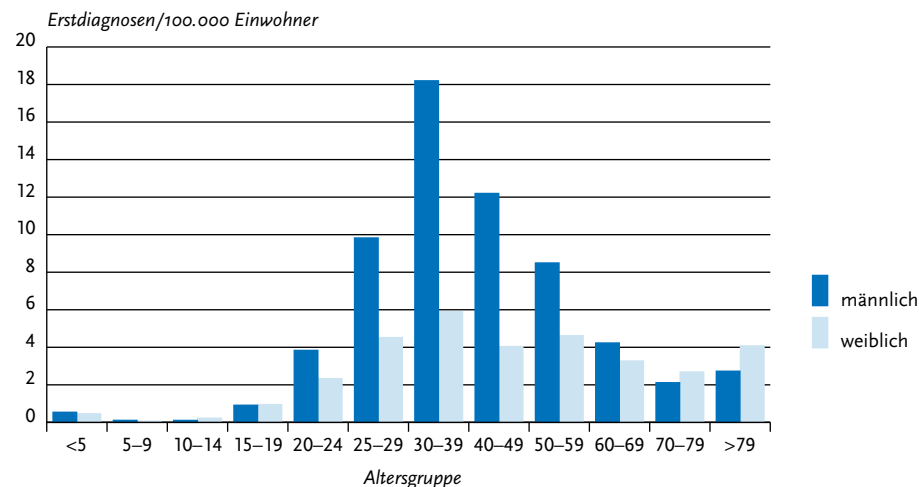
Infektionsrisiken

Bei 1.047 (24 %) Erstdiagnosen 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 834 Fälle (80 % der Fälle mit Angaben zum Übertragungsweg) übermittelt (2015: 76 %, $n=892$). Auf diesen Übertragungsweg entfielen 84 % der Angaben bei Männern ($n=662$) und 66 % der Angaben bei Frauen ($n=171$). Die nähere Spezifizierung »i.v.-Drogenkonsum in Haft« lag bei 51 (6,5 %) der Männer und 7 (2,7 %) der Frauen mit der Angabe »i.v.-Drogenkonsum« vor.

An zweiter Stelle der Risiken steht der Erhalt von Blutprodukten vor der Einführung der diag-

Abb. 6.18.3: Übermittelte Hepatitis-C-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 ($n=4.351$)



nostischen Testung von Blut und Blutprodukten im Jahr 1991 ($n=90$; 8,6 % aller Fälle mit belastbaren Angaben zum Übertragungsweg). Bei Frauen lag die entsprechende Angabe bei 23 % der Fälle ($n=59$) vor, bei Männern bei lediglich 3,9 % ($n=31$). Bei Männern war bei 63 Fällen die Übertragung durch sexuelle Kontakte mit Männern als wahrscheinlicher Übertragungsweg angegeben, darunter waren 20 Fälle mit einem bekannt HCV-positiven Partner und 43 Fälle mit unbekanntem Infektionsstatus des Partners.

Heterosexueller Kontakt mit einem HCV-positiven Partner wurde bei 40 Fällen (3,8 %) angegeben. Fälle mit der Angabe eines heterosexuellen Übertragungsweges ohne Kenntnis des Infektionsstatus des Partners wurden wegen des vergleichsweise ineffektiven heterosexuellen Übertragungsweges nicht ausgewertet.

Als wahrscheinlicher Transmissionsweg mit jeweils 10 Fällen (1,0 %) wurde eine Übertragung durch Dialyse und durch perinatale Übertragung angegeben.

Ausbrüche

Es wurden für das Jahr 2016 insgesamt 3 Verknüpfungen von jeweils 2 Fällen übermittelt; insgesamt wesentlich weniger als im Vorjahr (14 Verknüpfungen). Zwei Verknüpfungen wurden zwischen Personen in privaten Haushalten berichtet, zum einen mit möglicher heterosexueller Transmission und zum anderen ohne nähere Angaben zum Übertragungsweg. Eine Verknüpfung von 2 Fällen war ohne belastbare Angaben zum Infektionsumfeld.

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 unbemerkt oder werden erst viele Jahre nach der Infektion im Stadium der Spätfolgen diagnostiziert. Die übermittelten Hepatitis-C-Erstdiagnosen 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 Inzi-

denz 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-Erstdiagnosen – 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.

Angaben zum wahrscheinlichen Übertragungsweg lagen bei knapp einem Viertel der Fallmeldungen 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-Erstdiagnosen ist 2015 im Vergleich zum Vorjahr weiter gesunken, vermutlich vor allem bedingt durch die Änderung der Falldefinition, nach der nur aktive Infektionen mit Erregernachweis die labordiagnostischen Kriterien erfüllen, und die seit 2015 schrittweise umgesetzt wird.

Wie auch in den Vorjahren lag die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen. Die Tatsache, dass Männer häufiger i.v.-Drogen konsumieren als Frauen und dies der am häufigsten berichtete Übertragungsweg ist, erklärt unter anderem die erheblich höhere Inzidenz erstdiagnostizierter Hepatitis C bei Männern. Seit 2003 ist Berlin das Bundesland mit der höchsten Inzidenz von erstdiagnostizierten Fällen, wobei diese in den letzten Jahren deutlich gegenüber dem Median der Vorjahre zurückgegangen ist. Mögliche Ursache ist der in großstädtischen Ballungszentren überdurchschnittlich hohe Anteil von Personen, die Risikogruppen wie i.v.-Drogenkonsumierenden und Männern, die Sex mit Männern haben, angehören.

Die Inzidenz übermittelter Erstdiagnosen mit Angabe i. v.-Drogenkonsum ist zwar im Vergleich zu den beiden Vorjahren gesunken. Ein Grund dafür kann sein, dass nach alter Falldefinition häufig auch bereits ausgeheilte Infektionen übermittelt wurden, die die neue Falldefinition nicht erfüllen. Auch ist möglich, dass Drogengebrauchende zwar regelmäßig auf HCV-Antikörper gescreent werden, jedoch möglicherweise nicht einer weiterführenden Diagnostik zugeführt werden. Injizierende Drogengebrauchende sind jedoch weiter mit Abstand die größte Gruppe der Fälle mit einer Hepatitis-C-Erstdiagnose. Deshalb sollte in Deutschland der Prävention von Hepatitis C unter Drogenkonsumierenden sowie der Fallfindung, Diagnostik und Therapie in dieser Gruppe weiter höchste Priorität zukommen.

Die Zahl der Erstdiagnosen mit dem wahrscheinlichen Übertragungsweg durch Blutprodukte vor Einführung der diagnostischen Testung ist im Vergleich zum Vorjahr unverändert hoch geblieben, wobei es sich seit Einführung der Testung von Blutprodukten kaum um neue Übertragungen, sondern eher um lange zurückliegende Infektionen handelt, die erst jetzt diagnostiziert werden.

Die Inzidenz übermittelter Erstdiagnosen durch sexuelle Kontakte zwischen Männern ist im Vergleich zum Vorjahr leicht gesunken. Informationen zu Ko-Infektionen werden im Rahmen des IfSG nicht erhoben, es ist aber anzunehmen, dass es zu einer sexuellen Übertragung von Hepatitis C insbesondere bei zugrunde liegender HIV-Infektion kommt.

Zwar können die Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland als Annäherung an die Schätzung von Hepatitis-C-Neudiagnosen 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 gemäß IfSG derzeit bei Hepatitis C keine Angaben zum Migrationsstatus oder Herkunftsland übermittelt werden können, außer bei Asylsuchenden. Der Anteil neu diagnostizierter Hepatitis-C-Fälle bei Personen aus Hochprävalenzregionen ist jedoch unbekannt. Es ist anzunehmen, dass diese Gruppe einen größeren Anteil der an Hepatitis C Erkrankten in Deutschland stellt und dass hier Verbesserungsbedarf bei der Fallfindung, Prävention und Behandlung besteht.

Literaturhinweise

- 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; [im Druck]
- 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.
- Beermann S, Zimmermann R, Seeling S.: *Hepatitis C – GBE-Themenheft 2016*. <http://edoc.rki.de/docviews/abstract.php?id=4462>
- an der Heiden M, Ritter S, Hamouda O, Offergeld R: *Estimating the residual risk for HIV, HCV and HBV in different types of platelet concentrates in Germany*. Vox Sang 2015; 108:123–130.
- Wolffram I, Petroff D, Batz O, et al.: *Prevalence of elevated ALT values, HBsAg, and anti-HCV in the primary care setting and evaluation of guideline defined hepatitis risk scenarios*. J Hepatol 2015; 62:1256–1264.
- WHO: *Guidelines for the screening, care and treatment of persons with chronic hepatitis C infection. Updated version, April 2016*. www.who.int/hepatitis/publications/hepatitis-c-guidelines-2016/en
- RKI: *Hepatitis C: Situationsbericht Deutschland 2015*. Epid Bull 2016; 29:255–265.
- RKI: *Abschlussbericht der Studie „Drogen und chronischen Infektionskrankheiten in Deutschland“ (DRUCK-Studie)*. 2016.
- RKI: *Auswirkungen der Falldefinitionsänderungen auf die Fallzahlen von Hepatitis B und Hepatitis C im Jahr 2015*. Epid Bull 2015; 49:528.

6.19 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 labor-diagnostischen 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

Tab. 6.19.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung, Deutschland, 2015 und 2016.

Kategorie	2015				2016			
			Falldefinition				Falldefinition	
	gesamt		vor 2015	2015	gesamt		vor 2015	2015
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl
klinisch-labordiagnostisch (C)	16	36%	13	3	20	53%	3	17
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	10	23%	9	1	11	29%	4	7
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	18	41%	14	4	7	18%	1	6
alle	44	100%	36	8	38	100%	8	30
Referenzdefinition	C, C+D+E		C	C+D+E	C, C+D+E		C	C+D+E
	21	48%	13	8	33	87%	3	30

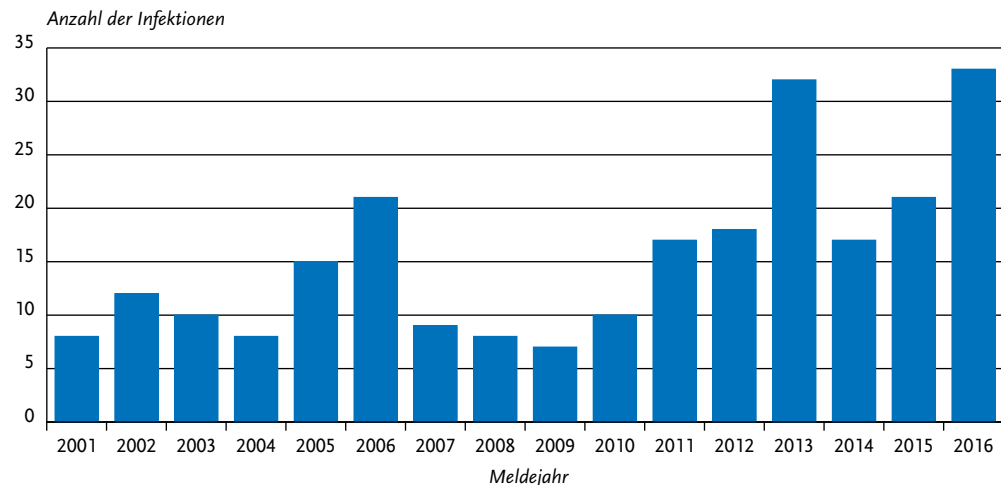
Referenzdefinition und wurden daher in diesen Statistiken nicht veröffentlicht. Da eine klinische Symptomatik bei Hepatitis-D-Virus-Infektionen nicht immer gegeben ist, wurde mit der neuen Falldefinition die Referenzdefinition um diese Fälle erweitert (siehe Tab. 6.19.1). Im Jahr 2016 wurden von den übermittelten Hepatitis-D-Fällen nur

noch 8 von 38 Fällen nach der alten Falldefinition erfasst, von denen 3 die Referenzdefinition erfüllten.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden 33 Hepatitis-D-Virus-Infektionen übermittelt (s. Abb. 6.19.1). Die 33 Fälle wur-

Abb. 6.19.1:
Übermittelte Hepatitis-D-Virus-Infektionen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



den aus 11 Bundesländern (je 1 bis 12 Fälle) übermittelt. Bei 6 Infektionen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. In 4 Fällen wurde Deutschland, in jeweils einem Fall die Türkei und die Russische Föderation als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Von den 33 Hepatitis-D-Virus-Infektionen waren 21 (64 %) Männer und 12 (36 %) Frauen. Die meisten Infektionen (61 %) wurden bei den 30- bis 49-jährigen übermittelt.

Im Jahr 2016 wurden mehr Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen, übermittelt als im Vorjahr (21) und im Jahr 2014 (17). Dies kann auf die Erweiterung der Referenzdefinition für die Hepatitis D zurückgeführt werden, die mittlerweile vollständig umgesetzt ist. So wurden im Jahr 2016 bereits 30 von 33 übermittelten Fällen nach der neuen Falldefinition erfasst und damit nach der neuen Referenzdefinition gezählt, während es 2015 nur 8 von 21 übermittelten Fällen waren. Es ist zu beachten, dass sich bei niedrigen Fallzahlen schon leichte Schwankungen stärker auswirken.

Literaturhinweise

- WHO: *Hepatitis D. Fact sheet* 2016. 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; 15:31–8.
- 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.
- RKI: *Virushepatitis B und D im Jahr 2014*. *Epid Bull* 2015; 29:271–285.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.20 Hepatitis E



- Fälle nach Referenzdefinition 2016: 1.991
- Seit Jahren deutliche Zunahme der Fallzahlen
- Die meisten Infektionen (84 %) 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. 6.20.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden dem RKI insgesamt 1.991 Hepatitis-E-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Gegenüber dem Vorjahr (1.264 Erkrankungen) entspricht dies einer Zunahme um 58 %. Damit hat sich der steigende Trend der letzten Jahre fortgesetzt (s. Abb. 6.20.1). Die bundesweite Inzidenz betrug 2,4 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 (5,6 Erkr./100.000 Einw.), Thüringen (4,9), Brandenburg (4,2), Sachsen-Anhalt (4,1), Mecklenburg-Vorpommern (3,7), dem

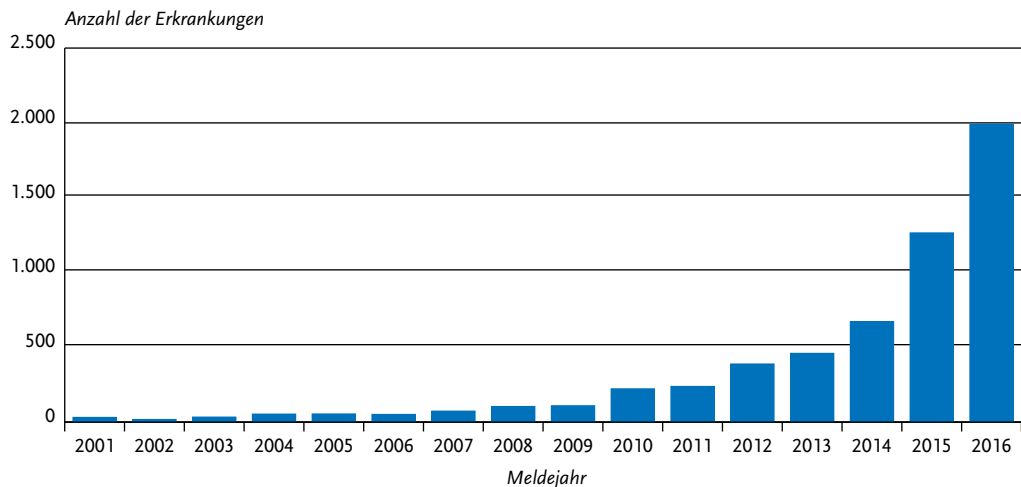
Tab. 6.20.1:

Übermittelte Hepatitis-E-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.262	73 %	1.991	70 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	198	12 %	392	14 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	256	15 %	457	16 %
alle	1.718	100 %	2.840	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.264	74 %	1.991	70 %

Abb. 6.20.1:

Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Saarland und Berlin (jeweils 3,2) sowie Rheinland-Pfalz (2,9) beobachtet.

Bei 1.121 Erkrankten wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht (s. Tab. 6.20.2). Von den 1.159 Nennungen entfielen 84 % auf Deutschland. Dieser Anteil ist gegenüber dem Vorjahr (80 %) etwas angestiegen.

Demografische Verteilung

Hepatitis-E-Erkrankungen traten hauptsächlich im Erwachsenenalter auf. Dabei entfielen 1.526 der übermittelten Erkrankungen (77 %) auf die Alters-

gruppe der 40- bis 79-Jährigen. Mit 1.148 Erkrankungen waren Männer (58 %) deutlich häufiger betroffen als Frauen. Die höchste Inzidenz (6,0 Erkr./100.000 Einw.) wurde bei den 60- bis 69-jährigen Männern beobachtet (s. Abb. 6.20.2).

Klinische Aspekte

Ein ikterischer Verlauf wurde für 637 (32 %) der Fälle angegeben. Im Zusammenhang mit einer Hepatitis E wurden 7 Todesfälle übermittelt. Betroffen waren 6 Männer im Alter von 58 bis 68 Jahren und eine Frau im Alter von 33 Jahren.

Tab. 6.20.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Hepatitis-E-Erkrankungen, Deutschland, 2016
(Mehrfachnennungen möglich, 1.121 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	972	84 %
Spanien	25	2 %
Italien	16	1 %
Frankreich	11	1 %
Türkei	11	1 %
Indien	10	1 %
Griechenland	8	1 %
Kroatien	6	1 %
Polen	6	1 %
Sri Lanka	6	1 %
Andere	88	8 %
Summe	1.159	100 %

Ausbrüche

Im Jahr 2016 wurden 8 Hepatitis-E-Ausbrüche mit insgesamt 17 Erkrankten übermittelt.

Fazit

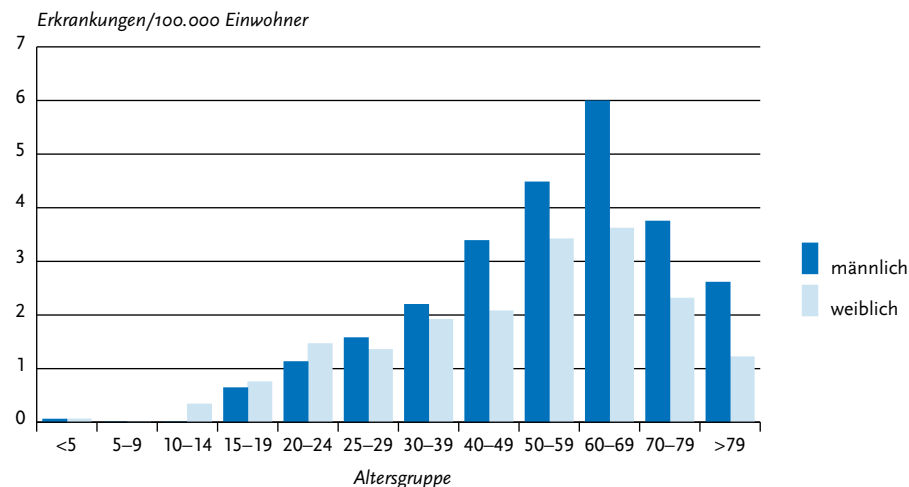
Die Hepatitis E wurde in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend häufiger diagnostiziert und gemeldet, was wahrscheinlich auf eine erhöhte Aufmerksamkeit der Ärzte und häufigeres labor-diagnostisches Testen zurückzuführen ist.

Literaturhinweise

- 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.
- 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.
- Pauli G, Aepfelbacher M, Bauerfeind U, et al.: *Hepatitis-E-Virus*. Bundesgesundheitsbl 2015; 58:198–218.
- Faber MS, Wenzel JJ, Jilg W, Thamm M, Hohle M, Stark K: *Hepatitis E virus seroprevalence among adults, Germany*. Emerg Infect Dis 2012; 18:1654–1657.
- RKI: *Hepatitis-E-Virus-Infektion aus virologischer Sicht*. Epid Bull 2015; 15:119–127.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.20.2:

Übermittelte Hepatitis-E-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland 2016 (n=1.990)



6.21 HIV-Infektion



- ▶ Fälle 2016: 3.419
- ▶ Rückgang der Neudiagnosen gegenüber dem Vorjahr
- ▶ 79 % der Neudiagnosen bei Männern
- ▶ Bei 95 % der Neudiagnosen wahrscheinlich sexuelle Übertragung, davon zwei Drittel bei Männern, die Sex mit Männern haben, und ein Drittel bei Heterosexuellen
- ▶ Höchste Diagnose-Inzidenz in den Altersgruppen 25 bis 39 Jahre sowohl bei Frauen als auch bei Männern

Kurzbeschreibung

Die Infektion mit dem Humanen Immundefizienz-Virus (HIV) ist unbehandelt durch einen fortschreitenden Verlust der Immunabwehr gekennzeichnet. HIV führt zu einer chronischen Infektion, die lebenslang bestehen bleibt. Nach einer symptomarmen Latenzzeit, die bei Unbehandelten im Mittel 10–12 Jahre dauert, treten gehäuft sogenannte opportunistische Infektionen und verschiedene Krebsarten auf, die das Vollbild des Acquired Immunodeficiency Syndrome (erworbenes Immundefektsyndrom, AIDS) kennzeichnen.

Übertragen wird HIV durch ungeschützten Geschlechtsverkehr (Analverkehr, Vaginalverkehr, selten orogenitale Kontakte), Einbringung von erregertem Blut oder Blutprodukten in die Blutbahn (Gebrauch von Spritzbestecken durch mehrere Personen – »Nadeltausch« bei i.v.-Drogengebrauchern, Transfusion von kontaminierten Blutkonserven oder Gerinnungspräparaten) sowie prä-, peri- oder postnatal (durch Stillen) von der infizierten Mutter auf ihr Kind.

Das Fortschreiten der Erkrankung kann durch eine antiretrovirale Therapie aufgehalten werden, wenn dadurch die Virusvermehrung wirksam blockiert wird. Darüber hinaus wird auch das HIV-Übertragungsrisiko durch eine wirksame antiretrovirale Therapie (messbare Viruslast < 50 Kopien/ml) so drastisch reduziert, dass bei sexuellen Kontakten, Nadelstichverletzungen und unter der Geburt eine Nichtübertragbarkeit erreicht werden kann.

Fallkriterien

Gemäß § 7 Abs. 3 IfSG muss der direkte (Virusan-zucht, NAT) oder indirekte (HIV-AK) Nachweis von HIV an das RKI gemeldet werden. Alle Fälle beziehen sich auf labordiagnostisch gesicherte Nachweise der HIV-Infektion. Bis 2004 waren nur Fälle mit bestätigt positivem HIV-Antikörpertest in die Statistik aufgenommen worden, bei denen angegeben war, dass es sich nach Kenntnis des Labors oder des diagnostizierenden Arztes um eine Erstdiagnose handelte. Seit 2005 wurden zusätzlich – auch retrospektiv – solche Fälle aufgenommen, bei denen diese Angabe fehlte, dafür aber ein negativer HIV-AK-Test im Jahr 2001 oder später angegeben wurde und bei einem Abgleich mit den gemeldeten Fällen keine frühere Meldung identifizierbar war (seit 2001 besteht die Möglichkeit, anhand der fallbezogenen Verschlüsselung und weiterer Parameter Mehrfachmeldungen zu erkennen; s. Datenqualität). Seit Veröffentlichung einer neuen HIV-Diagnostikleitlinie im Juli 2015 gelten Fälle auch dann als bestätigt, wenn anstelle eines Antikörper-basierten Bestätigungstestes eine Viruslast von mindestens 1.000 Kopien/ml mit einem NAT-basierten Verfahren nachgewiesen worden ist.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden dem RKI 5.425 HIV-Infektionen gemeldet, von denen 3.419 den Fallkriterien entsprachen und klar als Erstdiagnosen identifiziert werden konnten. Die bundesweite Inzidenz lag damit bei 4,2 Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner. Gegenüber dem Vorjahr (3.699) sank die Anzahl der Erstdiagnosen um 280 (7,6 %) (s. Abb. 6.21.1).

Geografische Verteilung

Der Rückgang der Infektionszahlen gegenüber dem Vorjahr ließ sich sowohl für in Deutschland erworbene HIV-Infektionen (1.939; 2015: 2.245) als auch für wahrscheinlich im Ausland erworbene HIV-Infektionen (768; 2015: 966) beobachten. Die Zahl der Infektionen, bei denen das Infektionsland nicht ermittelt werden konnte (712; 2015: 488) stieg dagegen an.

Die höchsten Inzidenzen von HIV-Erstdiagnosen fanden sich in den beiden Stadtstaaten Hamburg und Berlin (je 10 Fälle pro 100.000 Einwohner), gefolgt von Bremen (5,8) (s. Abb. 6.21.2).

Abb. 6.21.1
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen, Deutschland, 2001 bis 2016

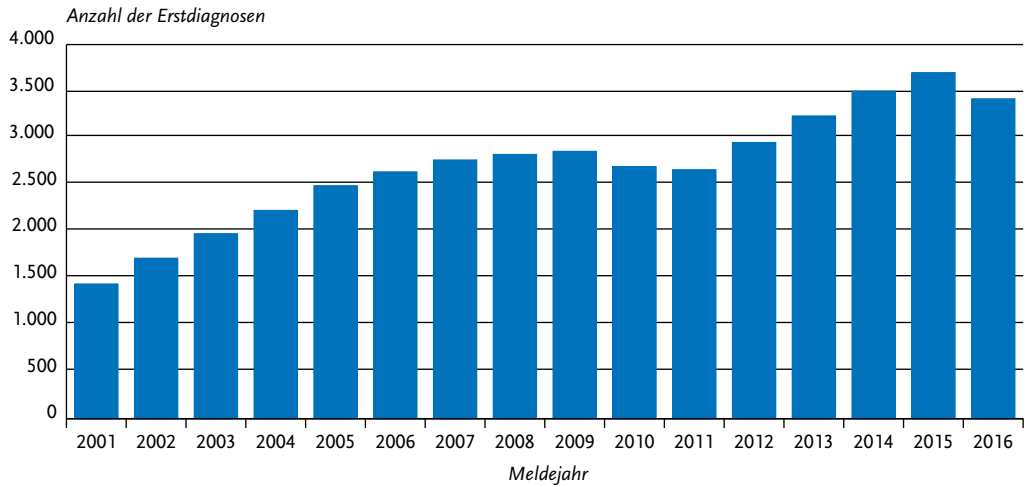


Abb. 6.21.2:
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=3.419) im Vergleich mit den Vorjahren

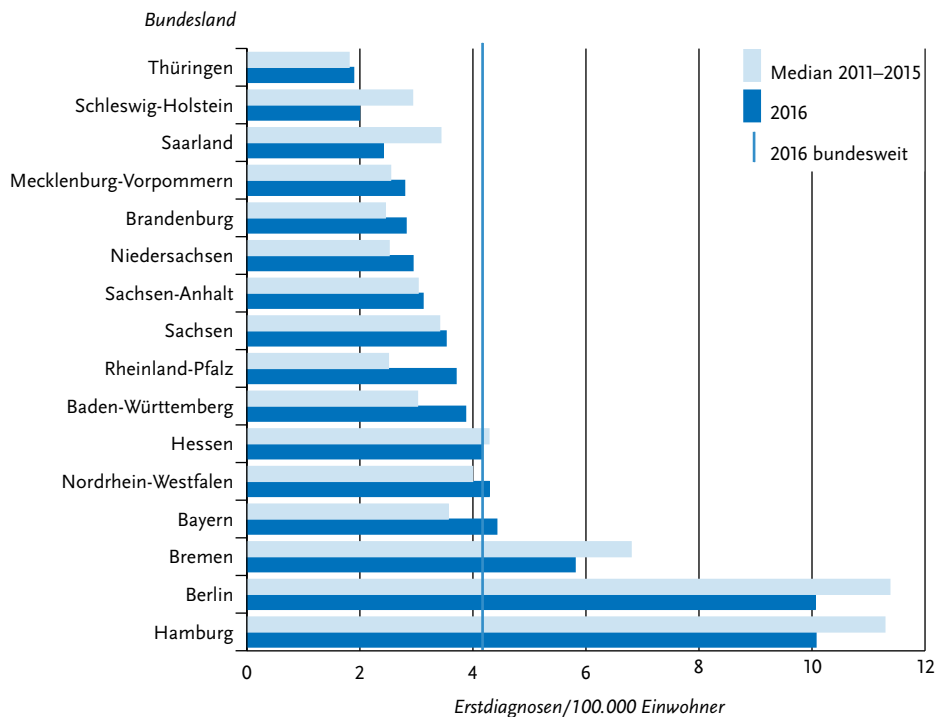
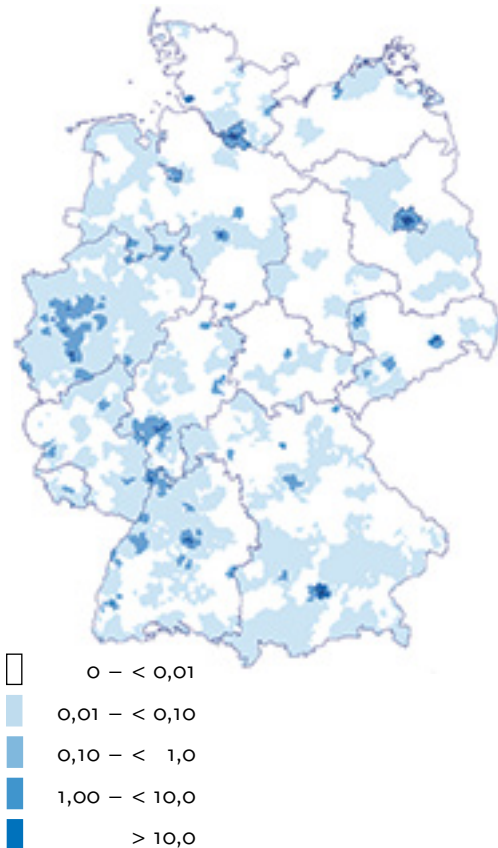


Abb. 6.21.3:
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach
Postleitzbereich (geglättet), Deutschland, 2016 (n=3.419)



Großstädte wie München, Köln, Frankfurt/Main, Düsseldorf, Stuttgart, Mannheim, Leipzig und Halle (Saale) wiesen ähnlich hohe Inzidenzen wie die Stadtstaaten auf (s. Abb. 6.21.3). Im Vergleich mit dem Median der Inzidenz der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz in 10 Bundesländern an, in 6 Bundesländern (Berlin, Bremen, Hamburg, Hessen, Saarland, Schleswig Holstein) ging sie zurück.

In den 10 Bundesländern mit Anstiegen in der Inzidenz ging die Zahl der in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen in den letzten 3 Jahren entweder zurück oder blieb stabil, während die Anzahl der nicht in Deutschland erworbenen Infektionen zunahm. Die Unterschiede zwischen den Bundes-

ländern könnten dabei auch durch unterschiedliche Testpolitik und Testangebote für Migranten bedingt sein.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz der HIV-Erstdiagnosen lag bei der männlichen Bevölkerung mit 6,7 Fällen pro 100.000 Einwohner deutlich höher als bei Frauen (1,7). Aufgrund eines stärkeren Rückgangs der Inzidenzen bei Männern als bei Frauen ist der Anteil der Frauen unter den HIV-Erstdiagnosen (21 %) leicht angestiegen.

Bei Männern wie bei Frauen wiesen die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen und der 30- bis 39-Jährigen die höchsten Inzidenzen von HIV-Erstdiagnosen auf. Bei Männern wurden in diesen Altersgruppen jeweils 16 Erstdiagnosen pro 100.000 Männer erreicht, bei Frauen lagen die Inzidenzen bei 4,6 und 4,9. In der nächsthöheren Altersgruppe (40 bis 49 Jahre) lag die Inzidenz bei Männern noch bei 11. Bei Frauen waren die 20 bis 24-Jährigen mit 3,3 Erstdiagnosen pro 100.000 Frauen die nächst stark betroffene Altersgruppe (s. Abb. 6.21.4).

Die Inzidenz von HIV-Erstdiagnosen bei Männern, die Sex mit Männern haben ging in den jüngeren Altersgruppen (20 bis 34 Jahre) im Vergleich zu den letzten vier Jahren zurück, in den höheren Altersgruppen bleibt sie eher stabil oder steigt leicht an. Im Unterschied dazu ist die Inzidenz von HIV-Erstdiagnosen bei Heterosexuellen im Vergleich zu den letzten vier Jahren in fast allen Altersgruppen angestiegen, lediglich im Vergleich zum Vorjahr 2015 ging die Inzidenz in den meisten Altersgruppen zurück.

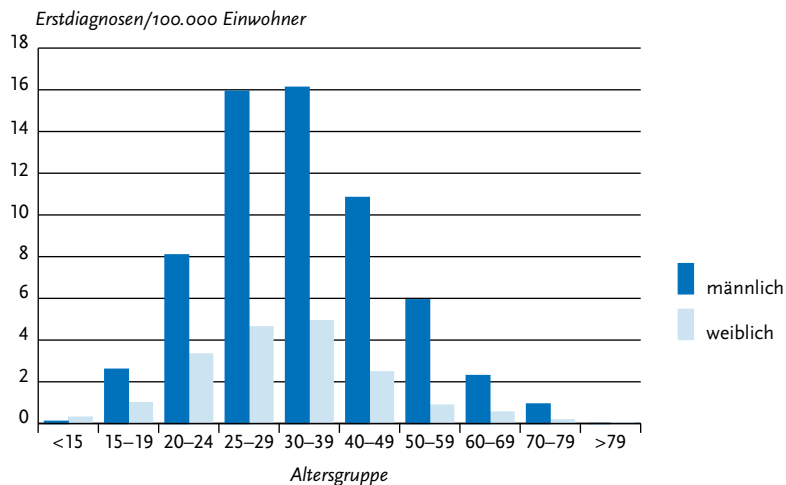
Nachgewiesene Erreger

Fast alle gemeldeten Fälle waren auf Infektionen mit HIV-1 zurückzuführen. Es wurden 5 Infektionen mit HIV-2 (0,1 %) neu diagnostiziert.

Verteilung nach Herkunftsland und Infektionsland

Für 3.235 Erstdiagnosen (95 %) liegen Angaben zum Herkunftsland der betroffenen Person vor. Für 2.707 davon wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Der Anteil der HIV-Erstdiagnosen mit bekanntem Herkunftsland, bei denen Deutschland als Infektionsland angegeben wurde, ist von 66 % im Jahr 2015 auf

Abb. 6.21.4:
Gemeldete HIV-Erstdiagnosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=3.401)



60 % gesunken. Der Anteil der Erstdiagnosen mit einem Infektionsland außerhalb Deutschlands ging von 29 % auf 24 % ebenfalls zurück, und der Anteil der Erstdiagnosen mit unbekanntem Infektionsland stieg auf 16 %.

Für 633 von 836 (97 %) der im Jahr 2016 in Deutschland diagnostizierten, von Nichtdeutschen im Ausland erworbenen HIV-Infektionen lagen Angaben zum Herkunftsland vor. Unter denjenigen mit Herkunftsangabe stammten 55 % aus Subsahara-Afrika, 12 % aus Osteuropa, 9 % aus Zentraleuropa, 6 % aus Südostasien, 6 % aus Westeuropa, 5 % aus Lateinamerika oder der Karibik, und 4 % aus dem Nahen Osten oder Nordafrika. Von den 300 im Jahr 2016 in Deutschland diagnostizierten und wahrscheinlich auch in Deutschland erworbenen HIV-Infektionen bei Menschen nicht-deutscher Herkunft stammten 31 % aus Zentraleuropa, 14 % aus Osteuropa, 11 % aus Westeuropa, 13 % aus Subsahara-Afrika, 9 % aus Nordafrika oder dem Nahen Osten, 8 % aus Südostasien, und 8 % aus Lateinamerika oder der Karibik. Nordafrika und der Nahe Osten war die Herkunftsregion mit dem deutlichsten relativen Anstieg in Deutschland erworbener Infektionen: der Anteil stieg von 2 % im Jahr 2014 auf 9 % im Jahr 2016.

Infektionsrisiken nach Infektionsregion

Für 2.738 der 3.419 Erstdiagnosen (80 %) lagen Angaben zum Infektionsrisiko vor. Bei Mehrfachangaben wurde die Angabe auf das wahrscheinlichste Risiko reduziert. Unter den Erstdiagnosen mit Angaben hatten sich 63 % (1.725) möglicherweise über gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern infiziert, 32 % (865) über heterosexuelle Kontakte, und 5 % (127) bei intravenösem Drogenkonsum. Bei 1 % (21) der Erstdiagnosen handelte es sich um Kinder, die über ihre Mütter infiziert worden waren. Nur 3 dieser Kinder wurden von HIV-infizierten Müttern in Deutschland geboren.

Von den 127 Erstdiagnosen des Jahres 2016, die sich durch intravenösen Drogengebrauch infiziert hatten, leben 38 in Bayern. Im Jahr 2014 waren es noch 8, im Jahr 2015 schon 18 gewesen. Die Mehrzahl der Diagnostizierten in Bayern war deutscher Herkunft und hat sich in Deutschland infiziert. Der Anstieg betraf alle Altersgruppen, am häufigsten waren die 30- bis 39-jährigen vertreten. Die meisten Diagnosen erfolgten in München, aber eine Zunahme war auch in Orten mit weniger als 100.000 Einwohnern zu verzeichnen.

Für 1.690 (87 %) der 1.939 Infektionen, die wahrscheinlich in Deutschland erworben wurden,

lagen Angaben zum Infektionsweg vor. Von diesen wurden 1.381 (82 %) durch gleichgeschlechtliche Kontakte unter Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), übertragen. Bei 235 (14 %) wurden heterosexuelle Kontakte als Infektionsrisiko mitgeteilt, und bei 72 (4 %) wurde der intravenöse Konsum von Drogen als wahrscheinlichster Infektionsweg angegeben. Die Anzahl der unter MSM in Deutschland erworbenen Infektionen ist im Vergleich zum Vorjahr (1.604) gesunken, die Zahl der durch intravenösen Drogenkonsum in Deutschland erworbenen Infektionen hat sich gegenüber dem Vorjahr (2015: 75) kaum verändert. Die Zahl der Infektionen, die auf heterosexuelle Kontakte in Deutschland zurückgeführt wurden, ist im Vergleich zum Vorjahr (286) zurückgegangen.

Unter den 1.939 vermutlich in Deutschland infizierten Personen befanden sich auch 300 Personen, die nicht aus Deutschland stammen. Davon hatten sich 59 % über gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, 25 % über heterosexuelle Kontakte, und 7 % bei intravenösem Drogenkonsum mit HIV infiziert. Bei 10 % der Erstdiagnosen fehlten Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg.

Bei den im Ausland von Nichtdeutschen erworbenen und im Jahr 2016 in Deutschland neu diagnostizierten HIV-Infektionen (n=633) fehlten bei 14 % der Erstdiagnosen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsweg, 64 % wurden wahrscheinlich auf heterosexuellem Weg übertragen, 15 % durch gleichgeschlechtliche Kontakte zwischen Männern, und 5 % bei intravenösem Drogenkonsum.

Datenqualität

Neben den dargestellten 3.419 gesicherten HIV-Erstdiagnosen wurden dem RKI weitere 958 HIV-Diagnosen gemeldet, bei denen nicht bekannt ist, ob es sich um Erstdiagnosen handelt, sowie 1.023 Fälle, die als Mehrfachmeldungen gekennzeichnet waren und 25 Meldungen, die aus anderen Gründen den RKI-internen Fallkriterien nicht entsprachen. Diese Meldungen fanden keinen Eingang in die Auswertung. Unter den 958 Meldungen, die weder explizit als Erstdiagnose noch als Mehrfachmeldung gekennzeichnet waren, muss noch ein unbekannter Anteil von Erstdiagnosen vermutet werden. Deshalb stellt die Angabe von 3.419 HIV-Erstdiagnosen die untere Grenze der tatsächlichen

HIV-Erstdiagnosen dar. Die Zahl der Meldungen, die weder als Erstdiagnose noch als Mehrfachmeldung eingestuft werden konnten, hat sich praktisch nicht verändert (2015 n=947).

Fazit

Die Zahl der in Deutschland gemeldeten HIV-Erstdiagnosen geht leicht zurück. Damit bestätigt sich die bereits im letzten Jahr berichtete Beobachtung, dass die Zahl der Diagnosen von in Deutschland erworbenen Infektionen zurückgeht. Dies gilt insbesondere für Männer, die Sex mit Männern haben. Erfreulich ist insbesondere, dass die Zahl der Erstdiagnosen bei jungen MSM zurückgeht. Die Zahl der Personen, die sich über heterosexuelle Kontakte infiziert haben bleibt dagegen praktisch unverändert. Der im Jahr 2015 noch zu verzeichnende Anstieg von HIV-Erstdiagnosen war im Wesentlichen auf verstärkte Zuwanderung zurückzuführen. Diese Zuwanderung war im Jahr 2016 deutlich geringer. Gemessen am Rückgang der Zuwanderung fällt der Rückgang der Zahl der neu diagnostizierten, nicht sicher in Deutschland erworbenen Infektionen jedoch gering aus. Das darf nicht verwundern, weil zum einen die Diagnose in Deutschland mit zeitlicher Verzögerung erfolgen kann, zum anderen der Rückgang der Zuwanderung hauptsächlich Herkunftsländer betrifft, aus denen nur sehr wenige Menschen bereits mit einer HIV-Infektion nach Deutschland kommen.

Andererseits kann bei den von Menschen nicht-deutscher Herkunft in Deutschland neu erworbenen HIV-Infektionen eine Zunahme der Anzahl und des Anteils derer festgestellt werden, die aus dem Nahen Osten oder Nordafrika stammen, während die Erstdiagnosen für alle anderen Herkunftsregionen zurückgehen oder gleich bleiben. Das bedeutet, dass mit der HIV-Prävention auch die in den letzten Jahren nach Deutschland gekommenen Zuwanderer erreicht werden müssen.

Literaturhinweise

Schink SB, Offergeld R, Schmidt AJ, Marcus U: *Blood donor deferral policies across Europe and characteristics of MSM screened for HIV in blood establishments: data from the European Men-who-have-sex-with-men Internet Survey (EMIS)*. Blood Transfus 2017. DOI 10.2450/2017.0109-16

- Marcus U, Gassowski M, Drewes J: *HIV risk perception and testing behaviours among men having sex with men (MSM) reporting potential transmission risks in the previous 12 months from a large online sample of MSM living in Germany*. BMC Public Health 2016; 16:1111.
- Kramer SC, Schmidt A, Berg R, et al.: *Factors associated with unprotected anal sex with multiple non-steady partners in the past 12 months: results from the European Men-Who-Have-Sex-With-Men Internet Survey (EMIS 2010)*. BMC Public Health 2016; 16:47.
- Rabenau HF, Bannert N, Berger A, et al.: *Nachweis einer Infektion mit Humanem Immundefizienzvirus (HIV): Serologisches Screening mit nachfolgender Bestätigungsdiagnostik durch Antikörper-basierte Testsysteme und/oder durch HIV-Nukleinsäure-Nachweis*. Bundesgesundheitsbl 2015; 58:877–886.
- Hamouda O: *So breitet sich HIV in Deutschland aus*. MMW Fortschr Med 2015; 157:10–13.
- Kramer SC, Drewes J, Kruspe M, Marcus U: *Factors associated with sexual risk behaviors with non-steady partners and lack of recent HIV testing among German men who have sex with men in steady relationships: results from a cross-sectional internet survey*. BMC Public Health 2015; 15:702.
- Marcus U, Gassowski M, Kruspe M, Drewes J: *Recency and frequency of HIV testing among men who have sex with men in Germany and socio-demographic factors associated with testing behaviour*. BMC Public Health 2015; 15:272.
- Marcus U, Ort J, Grenz M, Eckstein K, Wirtz K, Wille A: *Risk factors for HIV and STI diagnosis in a community-based HIV/STI testing and counselling site for men having sex with men (MSM) in a large German city in 2011–2012*. BMC Infect Dis 2015; 15:14.
- Santos-Hövenner C, Marcus U, Koschollek C, et al.: *Determinants of HIV, viral hepatitis and STI prevention needs among African migrants in Germany: a cross-sectional survey on knowledge, attitudes, behaviors and practices*. BMC Public Health 2015; 15:753.
- Schmidt D, Kollan C, Stoll M, et al.: *From pills to patients: an evaluation of data sources to determine the number of people living with HIV who are receiving antiretroviral therapy in Germany*. BMC Public Health 2015; 15:252.
- RKI: *HIV-Jahresbericht 2015*. Epid Bull 2016; 38:407–429.
- RKI: *Schätzung der Zahl der HIV-Neuinfektionen und der Gesamtzahl von Menschen mit HIV in Deutschland, Stand Ende 2015*. Epid Bull 2016; 45:497–509.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.22 HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch



- Fälle nach Referenzdefinition 2016: **69**
- Seit Jahren stabile Fallzahlen (mit Ausnahme des Ausbruchs im Jahr 2011)
- 86 % der Erkrankungen wurden in Deutschland erworben, Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern
- 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. 6.10) auftreten können. In sehr seltenen Fällen kommt enteropathisches HUS auch bei Infektionen mit Shigellen (s. Kap. 6.46) 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.

Falldefinition

Im Jahr 2015 wurde die Falldefinition für die Übermittlung des enteropathischen HUS geändert. Seit 2015 unterscheidet man ein spezifisches und ein unspezifisches klinisches Bild. Das spezifische klinische Bild ist definiert als mindestens zwei der drei folgenden Kriterien: hämolytische Anämie, Thrombozytopenie ≤ 150.000 Zellen/mm³, Nierenfunktionsstörung. Das unspezifische klinische Bild ist als mindestens eines der folgenden Kriterien definiert: ärztliche Diagnose eines akuten enteropathischen HUS oder krankheitsbedingter Tod. Beide klinischen Bilder sind übermittlungspflichtig. Diese Änderung soll zur frühzeitigeren Erkennung von Häufungen beitragen. Des Weiteren wurde die Definition des labordiagnostischen Nachweises geändert: Bei Nachweis des O157-An-

tigens genügt seit 2015 der Nachweis von Shigatoxin (z. B. ELISA) aus Stuhlanreicherungskultur oder Stuhlmischkultur für einen positiven Befund.

Die Referenzdefinition für enteropathisches HUS umfasst alle klinisch begründeten Kategorien der Falldefinition (klinisch diagnostizierte, klinisch-epidemiologisch bestätigte und klinisch-labordiagnostisch 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. 6.22.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 69 HUS-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Diese Zahl entsprach dem Median der Vorjahre seit 2001 (n=69). Wie in fast allen Vorjahren wurde die größte Anzahl von Fällen im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.22.1).

Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Inzidenz bei 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die höchste Inzidenz wurde in Hessen (0,2) festgestellt. Die höchste Anzahl von Erkrankungen wurde aus Bayern (18), Hessen (13) und Nordrhein-Westfalen (12) übermittelt. Die Bundesländer Bremen, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Saarland und Thüringen übermittelten keine Erkrankungen.

Für 51 Erkrankungen wurden 51 Infektionsländer (Mehrfachnennungen möglich) angegeben. Deutschland wurde 44-mal (86 %) genannt. Italien, der Kosovo, Kroatien, Österreich, Tansania, die Türkei und Ägypten wurden jeweils einmal genannt.

Demografische Verteilung

Wie in allen Vorjahren, ausgenommen 2011, war die Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren am höchsten; 38 (55 %) der übermittelten HUS-Erkrankungen betrafen Kinder in dieser Altersgruppe. Zusätzlich wurden 24 HUS-Erkrankungen (35 %) bei älteren Kindern im Alter von 5 bis 14 Jahren und 7 HUS-Erkrankungen (10 %) bei Jugendlichen ab 15 Jahren und Erwachsenen übermittelt. Während bei den minderjährigen Fällen das Geschlechterverhältnis ausgeglichen war, waren bei den Erwachsenen Frauen stärker betroffen als Männer.

Nachgewiesene Erreger

Bei 44 Fällen (64 %; 2015: 62 %) wurde der labor-diagnostische Nachweis einer EHEC-Infektion angegeben. Bei 28 der EHEC-assoziierten Fälle (64 %; 2015: 35 %) wurden Angaben zur Serogruppe übermittelt. Darunter entfielen jeweils 9 (32 %) auf die Serogruppen O157 und O26. Des Weiteren wurden 3-mal die Serogruppe O145, 2-mal O80, sowie je einmal O113, O119, O121, O124 und Ont (nicht typisierbar) angegeben.

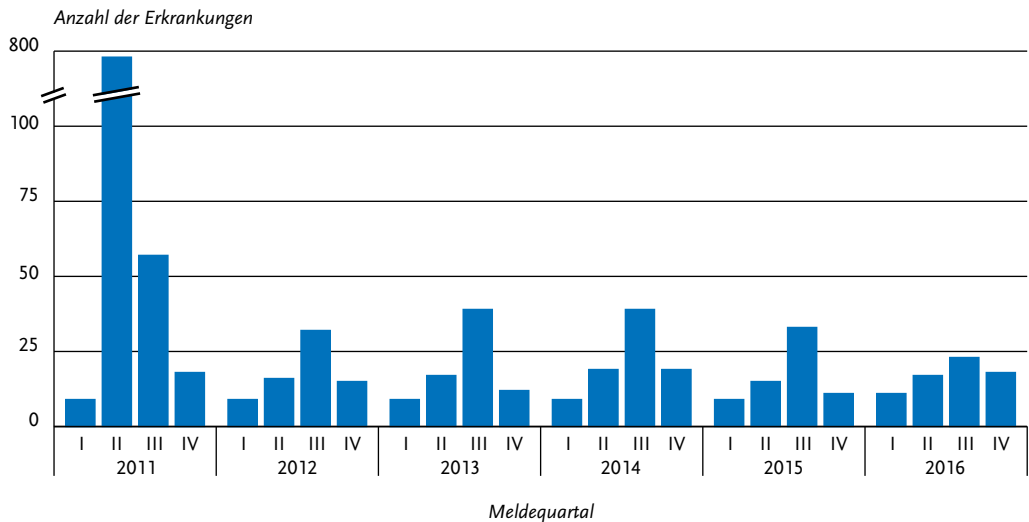
Tab. 6.22.1:

Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016, zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2015				2016			
	gesamt		Falldefinition		gesamt		Falldefinition	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl
klinisch (A)	24	35 %	19	5	17	24 %	1	16
– davon spezifisch (A1)	5			5	15			15
klinisch-epidemiologisch (B)	1		1	0	1	1 %	0	1
klinisch-labordiagnostisch (C)	44	64 %	30	14	52	74 %	12	40
alle	69	100 %	50	19	70	100 %	13	57
Referenzdefinition	A+B+C, A1+B+C		A+B+C	A1+B+C	A+B+C, A1+B+C		A+B+C	A1+B+C
	69	100 %	50	19	69	99 %	13	56

Abb. 6.22.1:

Übermittelte HUS-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016



Klinische Aspekte

Es wurden 4 bestätigte Todesfälle (6 %) im Zusammenhang mit HUS-Erkrankungen übermittelt. Bei den Betroffenen handelte es sich um eine 87-jährige Frau und 3 Kinder im Alter von 1, 2 und 9 Jahren (ein Junge und 2 Mädchen). Für keinen der verstorbenen Fälle wurden Infektionsquelle oder Serogruppe angegeben.

Ausbrüche

Im Berichtsjahr wurden 6 Ausbrüche mit insgesamt 18 Erkrankungen, davon 12 HUS-Erkrankungen, übermittelt. Der größte Ausbruch umfasste 5 HUS-Erkrankungen bei Kindern mit Nachweis von EHEC O26, allerdings ohne Angabe einer Infektionsquelle. In einem Ausbruch erkrankten 3 Kinder einer Großfamilie an HUS und ein Kind an einer EHEC-Enteritis nach Verzehr von Rohmilch und Kontakt zu Rindern auf einem Bauernhof. Es wurden EHEC mit den Serogruppen O80 und O157 nachgewiesen. Des Weiteren wurden 4 kleinere Ausbrüche mit jeweils einem HUS-Fall und 1 bis 2 EHEC-Enteritiden übermittelt. Für diese Ausbrüche wurde 2-mal die Serogruppe O157 und einmal O145 angegeben, einmal fehlte die Angabe

zur Serogruppe. Infektionsquellen konnten jeweils 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 Meldekategorie 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 nicht ohne Schwierigkeiten und wird im Routinealltag häufig nicht bis zur kulturellen Isolierung und zur 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 in Deutschland durch. Es ist davon auszugehen, dass es seitdem zu einer vollständigeren Erfassung pä-

diatrischer HUS-Erkrankungen im Meldesystem kommt.

Fazit

Die Zahl übermittelter HUS-Erkrankungen war im Vergleich zu den Vorjahren stabil. In den letzten Jahren wurde ein abnehmender Trend für den Anteil nachgewiesener EHEC bei den HUS-Erkrankungen und für den Anteil der nachgewiesenen EHEC, zu denen Serogruppen-Informationen übermittelt wurden, beobachtet. Im Jahr 2016 sind wieder deutlich mehr Serogruppen-Informationen übermittelt worden. Es bleibt abzuwarten, ob dies eine Trendumkehr bedeutet. Das Fehlen von Serogruppen-Angaben wirkt sich erschwerend auf die Ausbruchserkennung aus.

Literaturhinweise

- Gieraltowski L, Schwensohn C, Meyer S, et al.: *Notes from the Field. Multistate Outbreak of Escherichia coli O157:H7 Infections Linked to Dough Mix – United States*, 2016. MMWR Morb Mortal Wkly Rep 2017; 66:88–89. DOI: <http://dx.doi.org/10.15585/mmwr.mm6603a6>
- Jaakkonen A, Salminen S, Rimhanen-Finne R, et al.: *Severe Outbreak of Sorbitol-Fermenting Escherichia coli O157 via Unpasteurized Milk and Farm Visits, Finland 2012*. Zoonoses Public Health 2017. DOI: 10.1111/zph.12327
- 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.
- Severi E, Vial F, Peron E, Mardh O, Niskanen T, Takkinen J: *Community-wide outbreaks of haemolytic uraemic syndrome associated with Shiga toxin-producing Escherichia coli O26 in Italy and Romania: a new challenge for the European Union*. Euro surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22664
- Germinario C, Caprioli A, Giordano M, et al.: *Community-wide outbreak of haemolytic uraemic syndrome associated with Shiga toxin 2-producing Escherichia coli O26:H11 in southern Italy, summer 2013*. Euro Surveill. 2016. Euro Surveill 2016. <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22583>
- 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.
- Werber D, Krause G, Frank C, et al.: *Outbreaks of virulent diarrhoeagenic Escherichia coli – are we in control?* BMC Med 2012; 10:11.
- 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.

6.23 Influenza



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 64.227
- ▶ Saisonal hohe Fallzahlen im I. Quartal, im Vergleich eine weniger starke Welle als im Vorjahr
- ▶ 1.936 Ausbrüche mit 8.274 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter von 4 Jahren
- ▶ Impfpräventabel (Impfung empfohlen für bestimmte Personengruppen)

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 Influenza-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 10 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 80.748 Influenza-Fälle übermittelt, davon entsprachen 64.227 (80 %) der Referenzdefinition (s. Tab. 6.23.1). Bei den 16.471 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. In diesem Jahr traten keine Fälle von zoonotischer Influenza auf.

Tab. 6.23.1

Übermittelte Influenza-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	5.603	6 %	4.391	5 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	72.233	81 %	59.886	74 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.732	4 %	6.395	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7.766	9 %	10.076	12 %
alle	89.334	100 %	80.748	100 %
Referenzdefinition (B+C)	77.836	87 %	64.277	80 %

Zeitlicher Verlauf

Die Influenza-Meldungen der Grippewelle der Saison 2015/2016 fielen fast vollständig in das Jahr 2016. Bundesweit erreichten die übermittelten Meldungen 2016 in der 10. und 11. Meldewoche (MW) ihren Höhepunkt (s. Abb. 6.23.1). Die bundesweite Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2016 betrug 78 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner, eine im Vergleich zum Vorjahr (95) etwas niedrigere Inzidenz. Von der 40. MW 2016 an wurden 4.073 Influenza-Erkrankun-

gen an das RKI übermittelt, die zur Grippewelle 2016/2017 gerechnet werden.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz übermittelter Influenza-Erkrankungen 2016 zeigte einen Gipfel bei Kindern im Kindergartenalter (maximal 371 Erkr./100.000 Kinder im Alter von 4 Jahren) (s. Abb. 6.23.2). Kinder sind durch die fehlende bzw. geringere Grundimmunität, hohe Kontaktfreudigkeit und -häufigkeit, z. B. durch den Besuch

Abb. 6.23.1: Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2011 bis 2016

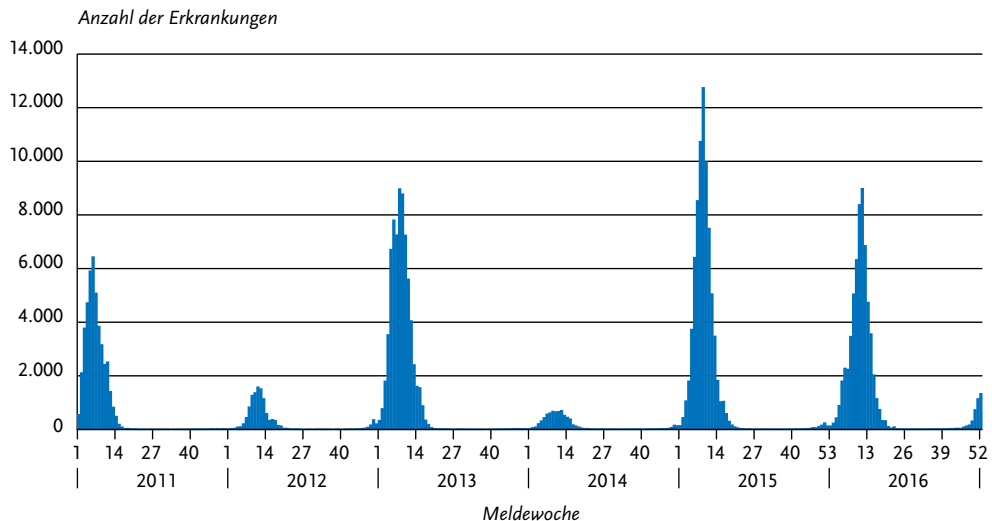
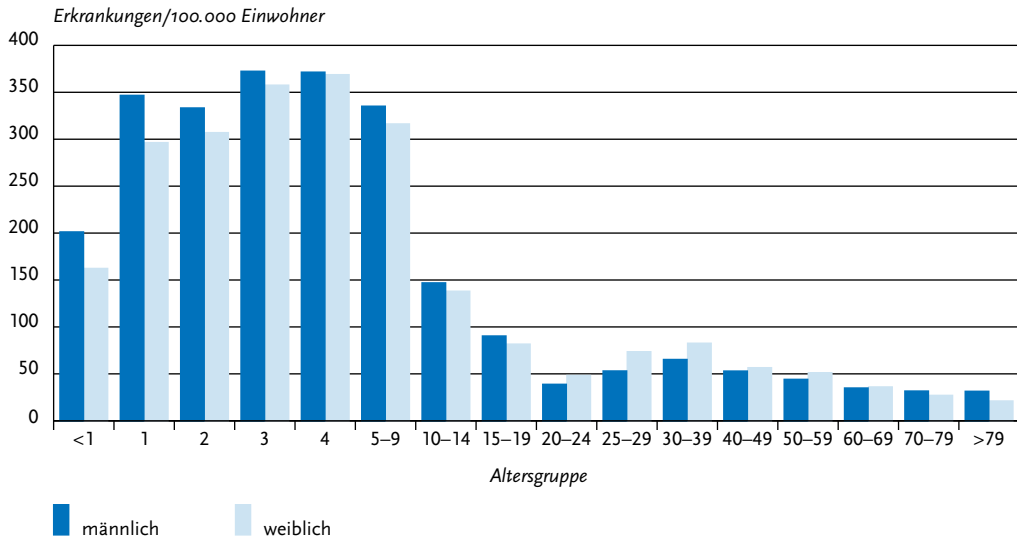


Abb. 6.23.2:

Übermittelte Influenza-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=64.096)



von Kindertagesstätten, häufig von Influenza-Erkrankungen während einer saisonalen Grippeperiode betroffen. Während die altersspezifische Inzidenz bei Jungen größer als bei Mädchen war, lag für Erwachsene jüngeren und mittleren Alters eine höhere Inzidenz bei Frauen vor. Ursächlich könnte der engere Kontakt von Frauen dieser Altersgruppen zu erkrankten Kindern sein. Ab der Altersgruppe 70 bis 79 Jahre war die Inzidenz der Influenza-Erkrankungen bei Männern höher als bei Frauen (32 bzw. 27). Im Vergleich zum Vorjahr waren die Altersgruppen ab 40 Jahren deutlich weniger stark betroffen.

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(H3N2). Influenza-B-Viren werden dagegen in 2 sogenannte Linien aufgegliedert (Yamagata- bzw. Victoria-Linie). Die saisonalen Viren verändern ihre antigenen Eigenschaften über Jahre hinweg durch Punktmutationen ihres Genoms (Antigendrift), weshalb eine jährliche Über-

prüfung und gegebenenfalls eine Anpassung der Impfstoffkomponenten notwendig sind. Es wird jeweils ein Influenzaimpfstoff mit A(H3N2)-, A(H1N1)- 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 als Influenza A und Influenza B charakterisierten und übermittelten Meldungen aus der 1. bis 22. Meldewoche 2016 (n=57.503) waren Infektionen mit Influenza A etwas seltener (n=24.669; 42,9 %) als Infektionen mit Influenza B (n=31.293; 54,4 %). Insgesamt 2,7 % (1.541) der Erreger wurden nicht nach Influenza A oder B differenziert. Bei den 7.533 Influenza-A-Erkrankungen mit bekanntem Subtyp wurde in der Grippeperiode 2016 fast ausschließlich der Subtyp A(H1N1)pdm09 mit 98 % nachgewiesen. Auch aus den Daten des Influenza-Sentinel der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) ergab sich eine Zirkulation mit einem deutlich höheren Anteil von Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren verglichen mit Influenza-A(H3N2)-Viren.

Der Altersmedian der Patienten mit Influenza-A(H1N1)pdm09-subtypisierten Erkrankungen lag bei 33 Jahren und damit deutlich über dem Altersmedian von 12 Jahren der mit Influenza-B-subtypisierten Erkrankungen. Der Altersmedian der Patienten mit Influenza-A(H3N2)-Erkrankungen lag bei 22 Jahren. Im Gegensatz dazu waren in der Vorjahressaison die Altersmediane für Influenza-A(H1N1)pdm09-Erkrankungen und für Influenza-B-Erkrankungen gleich hoch (33 Jahre) und lagen höher als für Influenza-A(H3N2)-Erkrankungen (15 Jahre).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2016 wurde wie im Vorjahr ein Anteil von 22 % hospitalisierter Patienten übermittelt. Insbesondere bei kleinen Kindern und bei älteren Erwachsenen war der Anteil höher als bei älteren Kindern und Erwachsenen jüngerer und mittleren Alters. So wurde bei 28 % der erkrankten Kinder unter 5 Jahren eine Hospitalisierung angegeben, dagegen nur bei 15 % der 10- bis 14-jährigen. Bei Erkrankten, die älter als 69 Jahre waren, wurde sogar ein Hospitalisierungsanteil von 68 % übermittelt. Diese Angaben überschätzen vermutlich die tatsächlichen Anteile der Krankenhauseinweisungen unter allen Influenza-Fällen, da es sich bei übermittelten Fällen um laborbestätigte oder epidemiologisch bestätigte Erkrankungen handelt, die eher »typisch« bzw. schwer verliefen. Darüber hinaus wurde bei 18 % der Erkrankungen keine Angabe zu einer möglichen Hospitalisierung gemacht.

Wie bei den meisten Infektionskrankheiten ist ein kausaler Zusammenhang zwischen Influenza-Infektion und Tod nicht immer eindeutig. Im Jahr 2016 wurden 152 Todesfälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, die durch die Influenza eingetreten sind. Im Jahr 2016 lag der Altersmedian aller Influenza-Erkrankten bei 20 Jahren und der der Verstorbenen bei 62,5 Jahren und war damit deutlich niedriger als im Vorjahr (Saison 2014/2015: 37 bzw. 74,5 Jahre). In der Saison 2015/2016 waren 61 % der Todesfälle unter 70 Jahre alt. Dennoch haben ältere Menschen, wenn sie sich mit Influenza infizieren, ein höheres Risiko, nach einem protrahierten Verlauf zu versterben.

Impfstatus

Für Personen, die ein erhöhtes Risiko für schwere Krankheitsverläufe oder berufsbedingt ein erhöh-

tes 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 Kindern im Alter von 2 bis einschließlich 6 Jahren sollte LAIV bevorzugt angewendet werden.« Die Empfehlung einer bevorzugten Anwendung von LAIV wurde in der Saison 2016/2017 von der STIKO ausgesetzt.

Für die Saison 2015/2016 wurden folgende Komponenten des Impfstoffs gegen Influenza in der nördlichen Hemisphäre empfohlen:

- Influenza-A(H1N1)-Komponente: ein A/California/7/2009 (H1N1)-ähnliches Virus
- Influenza-A(H3N2)-Komponente: ein A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2)-ähnliches Virus
- Influenza-B-Komponente: ein B/Phuket/3073/2013-ähnliches Virus (Yamagata-Linie)

Für quadrivalente Impfstoffe wurden die Antigene der oben genannten Viren sowie ein B/Brisbane/60/2008-ähnliches Virus (Victoria-Linie) empfohlen.

Von den 64.277 für 2016 übermittelten Influenza-Erkrankungen waren 50.972 klinisch-labor-diagnostisch bestätigte Fälle mit einem Erkrankungsbeginn zwischen der 1. und 22. KW 2016. Bei 43.132 Fällen (85 %) lag eine Angabe zum Impfstatus vor. Davon wurden 95 % (41.105) als nicht

geimpft und 5 % (2.027) als geimpft übermittelt (s. Abb. 6.23.3).

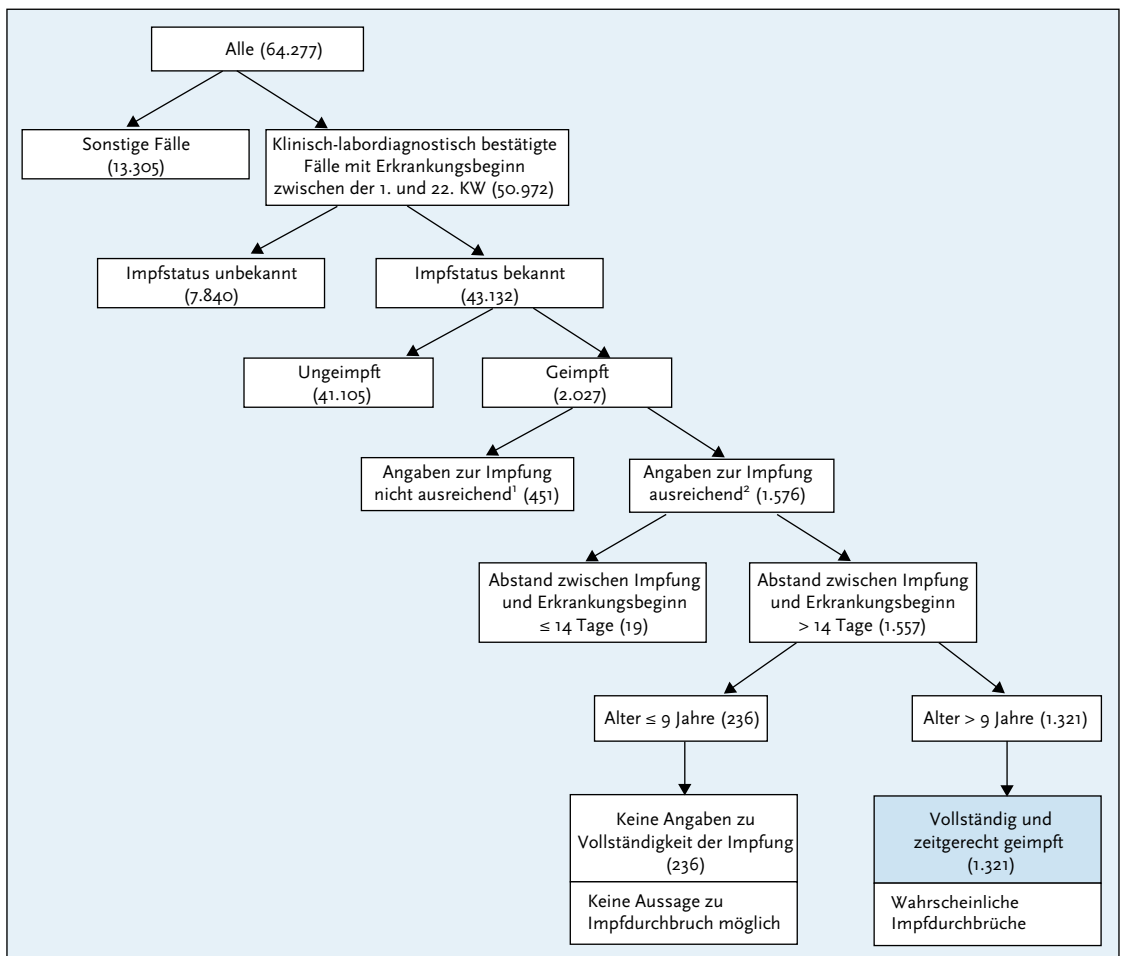
Die folgende Auswertung beschränkt sich auf die Fälle, die eine saisonale Impfung in der Saison 2015/2016 mit einem Impfdatum zwischen dem 01.07.2015 und 30.06.2016 erhalten haben. Für 1.576 dieser Fälle lagen bewertbare Angaben zur Impfung vor. Insgesamt 1.557 Personen waren mehr als 14 Tage vor Erkrankungsbeginn geimpft

worden. Davon waren 1.321 Fälle älter als 9 Jahre und 236 Fälle jünger als 10 Jahre.

Für Kinder unter 10 Jahren, die zum ersten Mal eine Influenza-Impfung erhalten, ist in den Fachinformationen der Impfstoffhersteller 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 236

Abb. 6.23.3:

Übermittelte Influenza-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=64.277)



1 Angaben zum Datum der Impfung lagen nicht vor oder waren nicht plausibel.

2 Die Angaben zum Impfstatus 2016 beziehen sich auf die saisonale Impfung in der Saison 2015/16 mit einem Impfdatum zwischen 01.07.2015 und 30.06.2016.

Kinder unter 10 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 10 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 1.321 übermittelten Influenza-Fälle zwischen der 1. und der 22. Meldewoche mit einem Alter von über 9 Jahren sind somit als wahrscheinliche 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 2015/2016 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 Wirksamkeit der Impfung in der Saison 2015/16 wurde basierend auf den Daten aus der virologischen Surveillance der AGI als niedrig bis moderat eingeschätzt und lag bei 15 % (95 %-Vertrauensbereich – 19 bis 40 %).

Ausbrüche

Im Jahr 2016 wurden 1.936 Influenza-Ausbrüche mit insgesamt 8.274 Erkrankungen im Alter zwischen 0 und 102 Jahren übermittelt. Durchschnittlich waren pro Ausbruch 4 Fälle beteiligt. Etwa die Hälfte (51 %) der Ausbruchsfälle gehörten zu 261 größeren Ausbrüchen mit jeweils 5 oder mehr Fällen. Der Altersmedian der im Rahmen von Ausbrüchen erkrankten Fälle mit bekanntem Alter ($n=8.176$) lag mit 9 Jahren unter dem Altersmedian aller Fälle (20 Jahre, s. o.). Fast zwei Drittel (63 %) 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 vorbestehende Im-

munität leicht erkranken. Aber auch in Einrichtungen für ältere Menschen wurden Influenza-Ausbrüche identifiziert, allerdings deutlich weniger als im Vorjahr.

Insgesamt waren nur 4 % der im Rahmen von Ausbrüchen übermittelten Fälle über 69 Jahre alt (363 Fälle; Vorjahr: 1.708 Fälle, 19 %). Von ihnen wurden 67 % (213) hospitalisiert und 1,2 % (4) verstarben. Das waren 2,6 % der Todesfälle, die 2016 als influenzabedingt verstorben übermittelt wurden (insgesamt 152, s. o.).

Datenqualität

Da die Meldung von Influenza an den labordiagnostischen 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, weil keine Angaben zum klinischen Bild vorliegen. Auch diese Fälle werden in den Veröffentlichungen des RKI nicht gezählt. Die dargestellten Daten werden auch davon beeinflusst, wie viele Ärzte sich im Rahmen ihrer Mitarbeit entweder in der AGI oder bei Initiativen der Bundesländer an labordiagnostisch 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.

Insbesondere seit der Pandemie 2009, aber auch in den folgenden Jahren haben Krankenhäuser die labordiagnostische 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. Die Grippewelle in der Saison 2015/2016 war im Gegensatz zu der vorangegangenen Saison 2014/2015 nach Auswertungen der AGI eher moderat.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Influenza-Erkrankungen sowie Daten aus dem AGI-Sentinel der Saison 2015/2016 spiegeln eine schwächere Grippewelle im Vergleich zum Vorjahr wider. Die Altersgruppe der Kleinkinder war am häufigsten betroffen, ältere Patienten waren weniger stark betroffen als im Vorjahr. Bei älteren Patienten fiel aber eine höhere Hospitalisierungsrate auf. Der Anteil der Hospitalisierten unter den übermittelten Influenza-Fällen insgesamt ist jedoch im Vergleich zum Vorjahr gleich geblieben. 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.

Literaturhinweise

- Broberg E, Melidou A, Proscenc K, et al.: *Predominance of influenza A(H1N1)pdm09 virus genetic subclade 6B.1 and influenza B/Victoria lineage viruses at the start of the 2015/16 influenza season in Europe*. Euro Surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21431
- Arbeitsgemeinschaft Influenza: *Bericht zur Epidemiologie der Influenza in Deutschland – Saison 2015/16*. <https://influenza.rki.de/Saisonberichte/2015.pdf>
- Kissling E, Valenciano M: *Early influenza vaccine effectiveness results 2015–16: I-MOVE multicentre case-control study*. Euro Surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21378
- Buchholz U, Buda S, Goldmann A, Weber-Carstens S: *Monitoring schwerer Lungenerkrankungen durch Influenza-Infektionen in den Saisons 2012/2013 bis 2014/2015 – Bericht vom ARDS-Netzwerk*. Epid Bull 2017; 8:75–80.
- Rieck T, Feig M, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten der Rotavirus-, Masern-, HPV- und Influenza-Impfung in Deutschland*. Epid Bull 2017; 1:1–12.

RKI: *Stellungnahme der STIKO zur Anwendung von Influenza-Lebendimpfstoffen bei Kindern in der Saison 2016/2017*. Epid Bull 2016; 39:442–443.

RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.

RKI: *Influenzamelungen gemäß IfSG in der Saison 2014/2015 unter besonderer Berücksichtigung von Ausbruchsgeschehen in Altenheimen/Pflegeheimen*. Epid Bull 2015; 28:261–265.

RKI: *Aktualisierung der der Influenza zugeschriebenen Mortalität bis einschließlich der Saison 2012/2013*. Epid Bull 2015; 3:17–20.

RKI: *Die Arbeitsgemeinschaft Influenza als zentrales Instrument im Gesamtkonzept der Influenzüberwachung in Deutschland*. Epid Bull 2014; 40:391–369.

RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

Zoonotische Influenza A bei Menschen

Neben den nachfolgend ausführlicher beschriebenen humanen Erkrankungen durch aviäre Influenzaviren der Subtypen A(H5N1), A(H5N6) und A(H7N9) sind seit 2013 in China auch einzelne humane Erkrankungen durch die Subtypen A(H9N2) und A(H10N8) aufgetreten. In Ostasien zirkulieren seit 2013 insbesondere Reassortanten einer H5N1-Variante in Geflügelbeständen (H5N2, H5N3, H5N5, H5N8), die sich inzwischen, wahrscheinlich durch den Vogelzug von Wildvögeln, auch nach Europa und Nordamerika weiterverbreitet und Geflügelbestände infiziert haben.

Kurzbeschreibung aviäre Influenza A(H5N1)

Das Reservoir der Erreger der aviären Influenza sind Wasservögel. Seit 2003 haben sich Erreger der (für Geflügel hochpathogenen) aviären Influenza A(H5N1) 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 Februar 2017 (Datenstand: 14.02.2017) bei 858

Personen aus 16 Ländern Erkrankungen an aviärer Influenza A(H5N1). 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. Seit 2016 wurden 12 humane Erkrankungen mit der aviären Influenza A(H5N1) gemeldet, alle Meldungen kamen dabei aus Ägypten. 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(H5N1)-Virusstämme (Clades) sowie der je nach Gesundheitssystem der Landes unterschiedlich schnellen Identifikation und nachfolgenden Behandlung der Fälle bedingt sein.

Kurzbeschreibung 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. Die Influenza-A(H7N9)-Viren zirkulieren weiterhin in China. Bis zum 16.03.2017 wurden insgesamt 1.307 Fälle an die WHO berichtet, darunter 489 (37%) Todesfälle. Bis auf 3 aus China eingereiste Fälle, die in Kanada und in Malaysia identifiziert wurden, sind alle Fälle bei in den betroffenen Regionen Chinas (einschließlich Hongkong) und Taiwan wohnenden Personen festgestellt worden. Bisher (Stand: 16.03.2017) wurde das Influenza-A(H7N9)-Virus jedoch nicht in Geflügelbeständen außerhalb Chinas nachgewiesen. 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. Infektionen treten gehäuft in den Wintermonaten auf, jedoch sind seit Oktober 2016 deutlich mehr Fälle (509, Stand 11.03.2017) aufgetreten als in den 4 Erkrankungswellen zuvor (zwischen 121 und 320 Fälle), zudem ist die geografische Ausbreitung in China größer. Die Letalität nach einer Influenza-

A(H7N9)-Infektion hat sich nicht wesentlich verändert, sie lag bisher je nach Erkrankungswoche zwischen 32 % und 44 %.

Im Februar 2017 wurde erstmals von Nachweisen eines neuen Influenza-A(H7N9)-Virus berichtet, das für Geflügel hochpathogen ist. Das neue Virus trat bisher in einer chinesischen Provinz bei Vögeln sowie bei drei humanen Fällen auf. Das Risiko einer fortgesetzten Übertragung zwischen Menschen wird weiterhin als gering bewertet.

Kurzbeschreibung aviäre Influenza A(H5N6)

Möglicherweise bedingt durch die intensivierte Influenzasurveillance in China wegen des Auftretens von humanen Fällen mit Influenza A(H7N9), wurden insgesamt 16 labordiagnostisch bestätigte humane Fälle mit (für Geflügel hoch pathogener) aviärer Influenza A(H5N6) von 2014 bis zum 16.03.2017 identifiziert und an die WHO berichtet, darunter 6 Todesfälle.

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. Bei 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.

Nach 2009 wurde im November 2014 erstmals wieder hochpathogene aviäre Influenza (HPAI) in einer Geflügelhaltung in Deutschland festgestellt. Das bis dahin in Europa noch nie 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. Seit Dezember 2016 zirkuliert zudem der ebenfalls hochpathogene Subtyp A(H5N5) unter Wildvögeln in Deutschland und wurde auch bereits in einen Geflügelbestand eingetragen (Stand: 25.01.2017). In Deutschland wurden bislang keine humanen Erkrankungs- oder Todesfälle durch aviäre Influenza übermittelt.

Das Europäische Zentrum für Krankheitsprävention und Kontrolle (ECDC) bewertete die Situation bezüglich aviärer Influenza A(H7N9) bei Menschen in China in einer Risikoeinschätzung in 2017. Danach können weitere sporadische Fälle und eine geografische Ausbreitung möglicherweise in angrenzenden Ländern auftreten. Einzelne nach Europa importierte humane Fälle können nicht ausgeschlossen werden. Eine Ausbreitung innerhalb Europas wird wegen des geringen Risikos einer Übertragung zwischen Menschen jedoch als gering eingeschätzt.

Literaturhinweise

- Adlhoch C, Brown IH, Angelova SG, et al.: *Highly pathogenic avian influenza A(H5N8) outbreaks: protection and management of exposed people in Europe, 2014/15 and 2016*. Euro Surveill 2017. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22663
- 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.
- Höfken G, Kern P, Buchholz U, Ewig S, Schaberg T: *Informationen und Empfehlungen der Deutschen Gesellschaft für Pneumologie und Beatmungsmedizin e.V. und der Paul-Ehrlich-Gesellschaft für Chemotherapie e.V. zum Ausbruch der Influenza A(H7N9)-Virus-Infektion beim Menschen*. Pneumologie 2013; 67:599–604.
- WHO: *Monthly Risk Assessment Summary: Influenza at the Human-Animal Interface*. 2017. www.who.int/influenza/human_animal_interface/HAI_Risk_Assessment/en
- ECDC: *Genetic evolution of A(H7N9) virus in China – implications for public health. Sixth update*, 9 March 2017. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/09-mar-2017-RRA-update-6-influenza-A-%28H7N9%29-China-Taiwan.pdf>
- Friedrich-Loeffler-Institut: *Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland 13.02.2017*. https://openagrar.bmel-forschung.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00001750/FLI-isikoeinschaetzung_HPAIV_H5_20170213.pdf
- RKI: *Aviäre Influenza (Geflügelpest, Vogelgrippe)*. www.rki.de/DE/Content/InfAZ/A/AviaereInfluenza/AviaereInfluenza.html
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.24 Keuchhusten



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **13.809**
- ▶ Zunahme der Fallzahl um 52 % gegenüber dem Vorjahr
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern und Jugendlichen mit einem Maximum bei Säuglingen
- ▶ 3 Todesfälle aufgrund von Keuchhusten, alle bei Säuglingen
- ▶ 84 % der übermittelten Erkrankungen mit bewertbarem Impfstatus waren unzureichend oder gar nicht geimpft
- ▶ **682** Ausbrüche mit 2.062 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 von 1 bis 2 Wochen Dauer entwickelt sich der charakteristische anfallsartige 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 seit 2002 basierend auf Landesverordnungen meldepflichtig war, besteht erst seit dem 29.03.2013 gemäß IfSG eine bundesweite Meldepflicht für Ärzte und Labore.

Falldefinition

Von 22.155 im Jahr 2016 übermittelten Keuchhustenfällen erfüllten 8.346 (38 %), wegen Fehlens oder Nichterfüllung der Kriterien für das klinische Bild, nicht die Referenzdefinition. Dieser Anteil nimmt seit Einführung der bundesweiten Meldepflicht zu (35 % im Jahr 2015; 4.887 von 13.970 Erkrankungen) und ist mit 42 % (7.675 von 18.125 Erkrankungen) in den westlichen Bundesländern

deutlich höher als in Berlin und den 5 östlichen Bundesländern mit 17 % (666 von 4.021 Erkrankungen). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die 13.809 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllten (s. Tab. 6.24.1).

Zeitlicher Verlauf

Gegenüber dem Vorjahr nahm die Zahl der übermittelten Erkrankungen um 52 % zu. Die Keuchhusten-Erkrankungen traten im gesamten Jahresverlauf auf, jedoch häufiger im III. Quartal und

IV. Quartal mit 28 % und 29 % aller Fälle (s. Abb. 6.24.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 17 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (im Vorjahr 11 Erkr./100.000 Einw.). Dabei lag die Inzidenz in Thüringen, Berlin, Brandenburg, Hamburg und Bayern über diesem Wert, in den anderen Bundesländern darunter (s. Abb. 6.24.2). Die Inzidenz stieg in allen Bundesländern im Vergleich zum Vorjahr an;

Tab. 6.24.1:
Übermittelte Keuchhusten-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	257	2 %	467	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	8.826	63 %	13.342	60 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.091	22 %	5.745	26 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.796	13 %	2.601	12 %
alle	13.970	100 %	22.155	100 %
Referenzdefinition (B+C)	9.083	65 %	13.809	62 %

Abb. 6.24.1:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2014 bis 2016

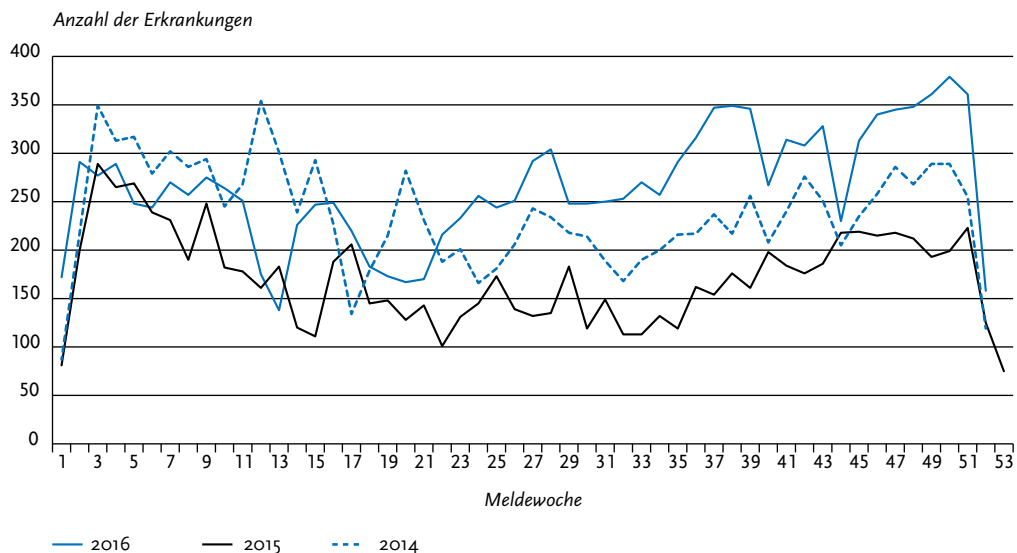
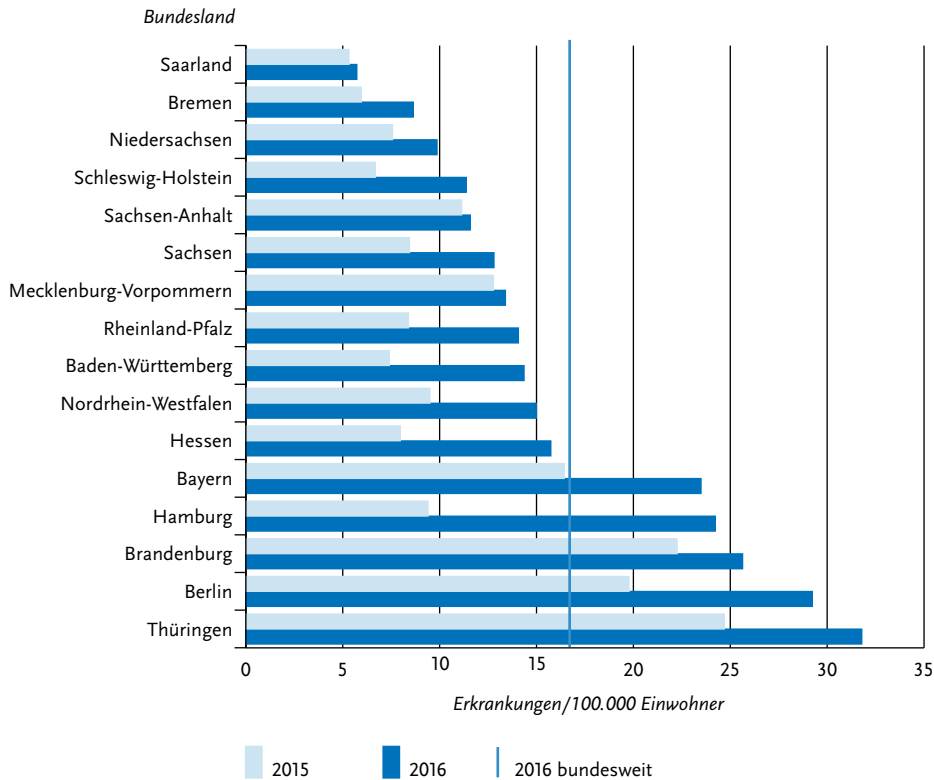


Abb. 6.24.2:

Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=13.809)



in Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und dem Saarland jedoch nur geringfügig. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 8.467 Erkrankungen (61%) vor (8.485 Nennungen; Mehrfachangaben möglich). Die Erkrankungen wurden nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (98% der Nennungen).

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten mit 61 Erkr./100.000 Einw. bei Säuglingen auf. Die zweithöchste Inzidenz fand sich bei den 10- bis 14-jährigen Kindern mit 42 Erkr./100.000 Einw. Die restlichen Altersgruppen unter den Kindern und Jugendlichen wiesen zwar niedrigere, aber beinahe durchweg Inzidenzen von über 30 Erkr./100.000 Einw. auf, während diese bei den Erwachsenen zwischen

5 (bei den über 79-jährigen) und 16 Erkr./100.000 Einw. (40- bis 49-jährige) lag.

Insgesamt lag die Inzidenz bei weiblichen Personen mit 19 Erkr./100.000 Einw. höher als bei männlichen (15). Nur bei 4-jährigen Kindern sowie bei den über 79-jährigen verhielt es sich umgekehrt (s. Abb. 6.24.3).

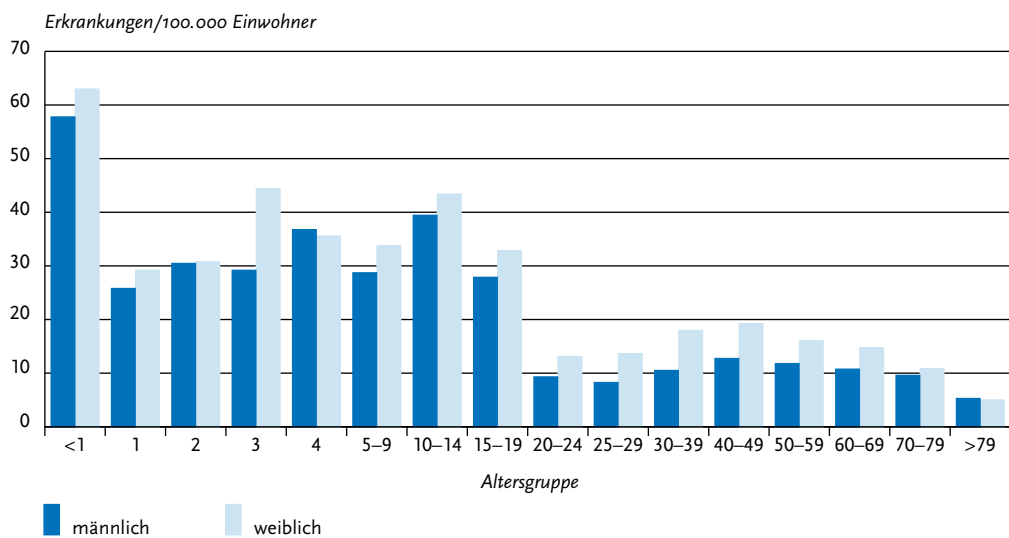
Nachgewiesene Erreger

Angaben zum Erreger lagen nur für 10.638 (77%) der 13.809 übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen vor. Davon waren 97% *B. pertussis* und 3% *B. parapertussis*.

Klinische Aspekte

Für 11.751 der Fälle (85%) lag eine Angabe zur Hospitalisierung vor. Von diesen wurden 682 (6%) aufgrund ihrer Erkrankung im Krankenhaus be-

Abb. 6.24.3:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=13.770)



handelt. Dieser Anteil war bei erkrankten Säuglingen mit 52 % (221 von 425) deutlich höher als in allen anderen Altersgruppen: Bei 1-jährigen Kindern lag er noch bei 10 %, bei 2- bis 69-Jährigen zwischen 2 und 5 %, bei 70- bis 79-Jährigen bei 8 % und ab dem Alter von 80 Jahren bei 21 %. Apnoen wurden bei 126 (28 %) der 452 übermittelten Erkrankungen bei Säuglingen angegeben. Für 13.420 der übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen lag eine Angabe zum Vitalstatus vor. Von diesen wurden 6 Fälle als verstorben übermittelt, davon verstarben 3 an der gemeldeten Krankheit (alles Säuglinge) und 3 aufgrund anderer Ursache (ein Säugling und 2 Personen im Alter von ≥ 70 Jahren). Die Letalität lag damit unter 1 %.

Impfstatus
Eine Grundimmunisierung gegen Pertussis bestehend aus 4 Impfdosen eines hochdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoffs (aP) ist für alle Kinder im Alter von 2, 3, 4 und 11 bis 14 Monaten empfohlen. Auffrischimpfungen werden im Vorschul- und Jugendalter sowie für Erwachsene bei der nächsten fälligen Tetanus-Diphtherie-Impfung mit einem niedrigdosierten azellulären pertussishaltigen Impfstoff (ap) empfohlen. 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 6.24.2 zeigt für verschiedene Altersgruppen

Tab. 6.24.2:
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

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 Analyse 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. 12.233 Erkrankungen) (s. Abb. 6.24.4). 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 10.027 (82 %) eine Angabe zum Impfstatus vor; davon waren 5.965 (59 %) nicht geimpft und 4.062 (41 %) 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 1.692 (42 %) unvollständig oder nicht plausibel, so dass der Impfstatus nur für 2.370 (58 %) Fälle bewertet werden konnte. Somit war der Impfstatus bei 8.335 Fällen bewertbar (5.965 Fälle mit der Angabe, nie geimpft worden zu sein, und 2.370 Fälle mit vollständigen Angaben zu erhaltenen Impfungen); dies waren 68 % der 12.233 Pertussis-Fälle, die in die Analyse des Impfstatus einbezogen wurden. Von den als geimpft übermittelten Fällen wurde bei 1.330 der Impfstatus als vollständig bewertet; es handelt sich daher um wahrscheinliche Impfdurchbrüche. Dies waren 33 % der als geimpft übermittelten Fälle und 16 % aller Fälle mit bewertbarem Impfstatus. Somit waren 84 % der übermittelten Fälle mit bewertbarem Impfstatus unzureichend oder gar nicht geimpft.

Ausbrüche

Insgesamt 2.062 der 13.809 (15 %) übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen traten im Rahmen von 682 Häufungen auf. Von diesen Häufungen hatten 609 weniger als 5 Erkrankungen (1.479 Fäl-

le) und 73 mindestens 5 Fälle (583 Fälle). Bei den 73 Häufungen mit mindestens 5 Fällen lag für 51 eine Angabe zum Umfeld vor. Von diesen traten 35 (69 %) in Kindertagesstätten, Schulen oder anderen Betreuungseinrichtungen, 13 (25 %) in privaten Haushalten oder Wohnstätten, 2 (4 %) verstreut und einer im Krankenhaus (2 %) auf. Die Mehrzahl der Häufungen mit <5 Fällen trat in Privathaushalten auf (84 % der 380 Häufungen mit Angabe zum Umfeld) gefolgt von Kindertagesstätten oder Schulen (8 %).

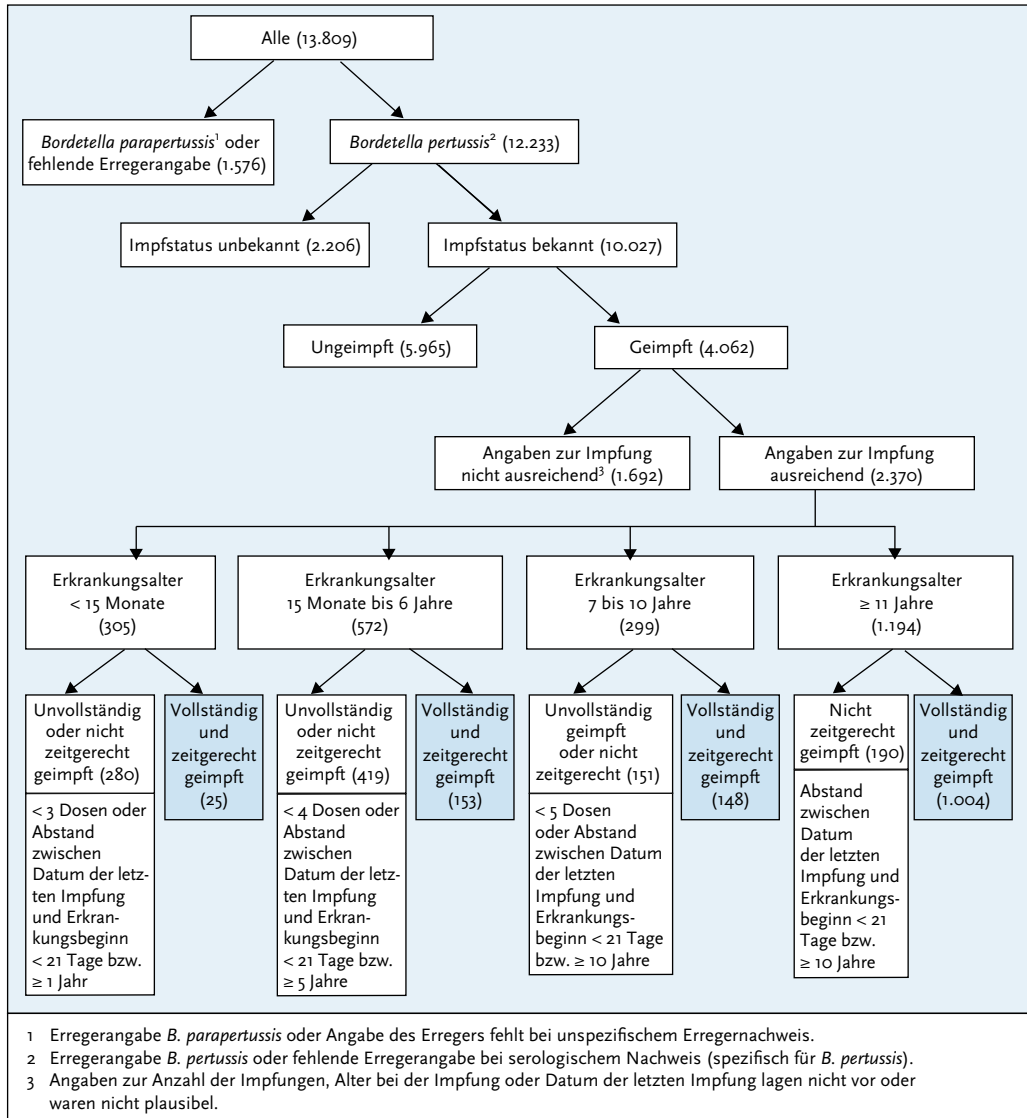
Datenqualität

Der hohe Anteil von Fällen, der wegen Nichterfüllung der Kriterien für das klinische Bild die Referenzdefinition nicht erfüllte (s. Tab. 6.24.1), könnte verschiedene Gründe haben. Möglicherweise melden Labore, die meist ein teil-automatisiertes Meldeverfahren nutzen, vollständiger als Ärzte, bei denen die Meldepflicht in den westlichen Bundesländern immer noch nicht so bekannt ist wie in den östlichen Bundesländern, wo schon seit 2002 Meldepflichten beruhend auf Landesverordnungen 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 Symptomangabe möglicherweise um Antikörper-Titerkontrollen handeln, für die keine Meldepflicht besteht.

Der Erregernachweis fehlte bei fast einem Viertel aller übermittelten Keuchhusten-Erkrankungen, der Anteil der fehlenden Angaben sank jedoch im Vergleich zum Vorjahr (2015: 36 %). Bei Fällen mit Angabe zum Erreger machten Parapertussis-Erkrankungen mit 3 % weiterhin nur einen kleinen Teil aller Keuchhusten-Erkrankungen aus. Durch den großen Anteil von Fällen mit fehlender Erregerangabe bleibt bezüglich des tatsächlichen Anteils der Parapertussis-Erkrankungen jedoch eine hohe Unsicherheit bestehen.

Bei einem hohen Anteil (18 %) der übermittelten Pertussis-Erkrankungen fehlte die Angabe des Impfstatus. Zudem waren bei 42 % der als geimpft angegebenen Fälle 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

Abb. 6.24.4:
Übermittelte Keuchhusten-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=13.809)



bei 163 (12%) der 1.330 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 Fallddefinition befindet sich ein ent-

sprechender Hinweis zur Bewertung der Diagnostik am Gesundheitsamt.

Fazit

Die Krankheitslast durch Keuchhusten in Deutschland ist mit 17 Erkr./100.000 Einw. beträchtlich und hat seit dem Vorjahr zugenommen. Besonders stark betroffen sind weiterhin Säuglinge (61 Erkr./100.000 Einw.), die häufig hospitalisiert werden müssen und ein hohes Risiko für Komplikationen tragen. Alle 3 Todesfälle, die durch Keuchhusten verursacht wurden, fanden sich in dieser Altersgruppe. Vermutlich führen Probleme bei der Ermittlung oder Erfassung von klinischen Kriterien dazu, dass die Inzidenz insgesamt unterschätzt wird, da 38 % der übermittelten Fälle zwar labor-diagnostisch gesichert waren, jedoch die klinische Falldefinition – und daher die Referenzdefinition – nicht erfüllten. Während im Vorjahr noch vorwiegend östliche Bundesländer die höchsten Inzidenzen aufwiesen, wiesen im Jahr 2016 auch einige westliche Bundesländer hohe Inzidenzen auf. Am ehesten ist die Entwicklung durch eine zunehmend bessere Erfassung auch in den westlichen Bundesländern bei zunehmender Routine zu erklären. Der insgesamt starke Anstieg von 2015 auf 2016 ist zudem im Einklang mit dem bekannten zyklischen Auftreten des Keuchhustens; so wurden in den östlichen Bundesländern z. B. auch in den Jahren 2007 und 2012 Inzidenzspitzen beobachtet.

Der im Vergleich zu anderen impfpräventablen Krankheiten hohe Anteil an Impfdurchbrüchen unter den Fällen 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 Pertussis-Fälle – sofern die Angaben ausreichend waren – unzureichend oder gar nicht geimpft (84 %) und hätte daher zu einem großen Teil verhindert werden können.

Literaturhinweise

- 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.
- Cherry JD: *Pertussis: challenges today and for the future*. PLoS Pathog 2013; 9:e1003418.
- Guiso N, Berbers G, Fry NK, et al.: *What to do and what not to do in serological diagnosis of pertussis: recommendations from EU reference laboratories*. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 2011; 30:307–312.
- ECDC: *Guidance and Protocol for the serological diagnosis of human infection with Bordetella pertussis*. 2012. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/bordetella-pertussis-guidance-protocol-serological-diagnosis.pdf>
- ECDC: *Guidance and protocol for the use of realtime PCR in laboratory diagnosis of human infection with Bordetella pertussis or Bordetella parapertussis*. 2012. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/Guidance-protocol-PCR-laboratory-diagnosis-bordetella-pertussis-parapertussis.pdf>
- Schönfeld V, Hellenbrand W: *Untersuchung eines Keuchhusten-Ausbruchs bei Kindern mit hohen Impfquoten in Kiel*. Epid Bull 2017; 6.
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2015*. Epid Bull 2017; 16:137–145.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Keuchhusten-Erkrankungen in den neuen Bundesländern, 2002 bis 2012*. Epid Bull 2014; 1:1–11.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2014). www.rki.de/ratgeber

6.25 Kryptosporidiose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 1.858
- ▶ Seit 2010 Zunahme der Fallzahlen, höchste Fallzahlen 2014 und 2016
- ▶ 36 Ausbrüche mit 86 Erkrankungen
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren, insbesondere bei Ein- und 2-Jährigen

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. homi-*

nis kommt fast ausschließlich beim Menschen vor. 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

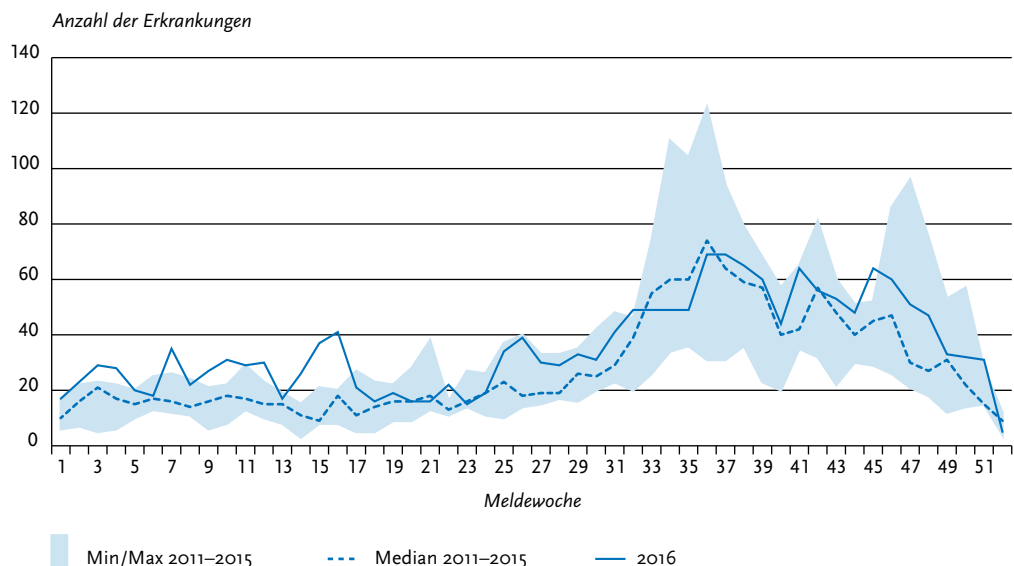
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.25.1).

Seit der Änderung der Falldefinition im Jahr 2015 gilt auch der Nukleinsäurenachweis (z. B. PCR) als labordiagnostischer Nachweis einer Kryptosporidiose.

Tab. 6.25.1:
Übermittelte Kryptosporidiose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	39	2 %	23	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.696	87 %	1.835	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	57	3 %	64	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	150	8 %	143	7 %
alle	1.942	100 %	2.065	100 %
Referenzdefinition (B+C)	1.735	89 %	1.858	90 %

Abb. 6.25.1:
Übermittelte Kryptosporidiosen nach Meldewoche, Deutschland, 2016 (n=1.858) im Vergleich mit den Vorjahren



Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 1.858 Kryptosporidiosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Dies entspricht einer Zunahme gegenüber dem Vorjahr um 7 %. Die bundesweite Inzidenz der Kryptosporidiose lag bei 2,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und damit um 17 % über dem Median der 5 Vorjahre (1,9).

Kryptosporidiosen unterliegen saisonalen Schwankungen mit höheren Inzidenzen in der zweiten Jahreshälfte. Im Jahr 2016 zeigte sich diese Saisonalität in einer erhöhten Zahl von Erkrankungen im Zeitraum von Anfang August bis Ende November (s. Abb. 6.25.1).

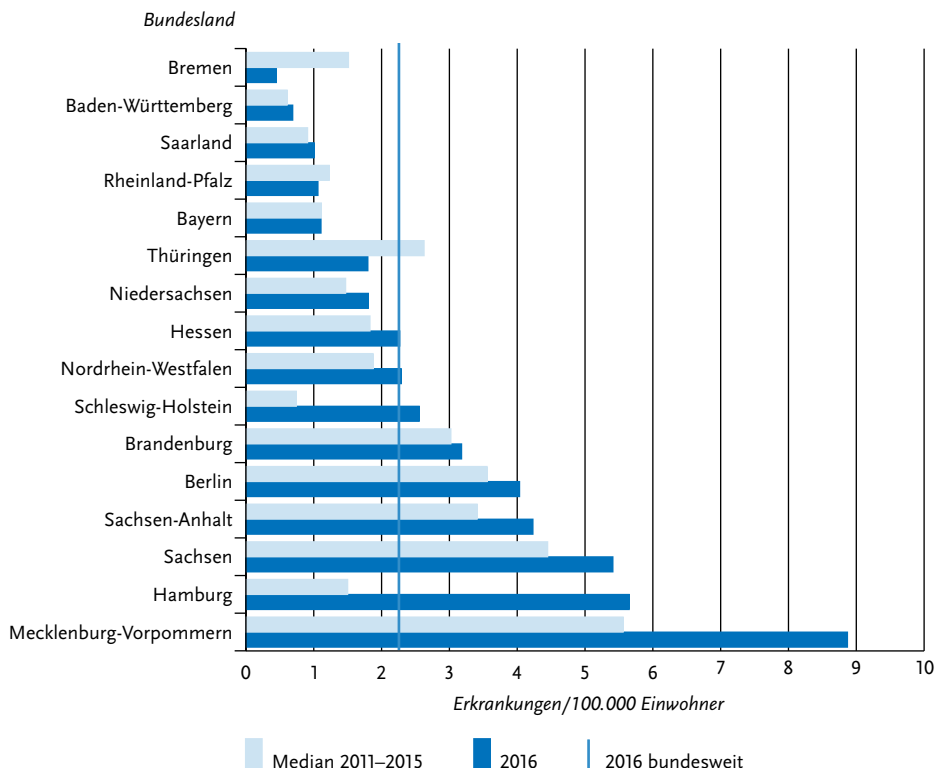
Geografische Verteilung

Die Inzidenz in den Bundesländern variierte deutlich. Während Baden-Württemberg und Bremen

(jeweils <1,0 Erkr./100.000 Einw.) die niedrigsten Inzidenzen verzeichneten, wurden in Mecklenburg-Vorpommern (8,9), Hamburg (5,7), Sachsen (5,4), und Sachsen-Anhalt (4,2) die höchsten Inzidenzen festgestellt. Im Vergleich zum Median der Inzidenz der 5 Vorjahre wurde in Hamburg (277 %), Schleswig-Holstein (244 %) und Mecklenburg-Vorpommern (60 %) eine besonders starke relative Zunahme verzeichnet (s. Abb. 6.25.2). In Bremen, Thüringen und Rheinland-Pfalz lag die Inzidenz im Jahr 2016 unter dem Median der 5 Vorjahre. In Bayern ist die Inzidenz im Vergleich zum Median der 5 Vorjahre etwa gleich geblieben.

Bei 1.174 Erkrankungen (63 %) lagen Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (insgesamt 1.199 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich). Dabei entfielen 74 % der Nennungen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten ande-

Abb. 6.25.2:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=1.858) im Vergleich mit den Vorjahren



ren Infektionsländer waren die Türkei (26 Nennungen), Spanien (23) und Italien (21).

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen traten bei Kindern unter 10 Jahren auf. Besonders hoch war sie bei den Ein- und 2-Jährigen (10 bzw. 11 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Insgesamt 53 % der Betroffenen waren weiblich (s. Abb. 6.25.3).

Klinische Aspekte

Bei 1.854 (99,8 %) der übermittelten Kryptosporidiosen wurde mindestens ein Symptom angegeben. Dabei trat Durchfall bei 95 % der Erkrankungen auf, Bauchschmerzen wurden bei 69 % der Erkrankungen angegeben. Im Jahr 2016 wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit einer Kryptosporidiose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 36 Ausbrüche mit insgesamt 86 Erkrankungen übermittelt (2015: 34 Ausbrüche mit 101 Erkrankungen), was 5 % der übermittelten Kryptosporidiosen entspricht. Die Mehrzahl der Ausbrüche (34 von 36) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Die beiden größten übermittelten Ausbrüche umfassten jeweils 5 Fälle.

Datenqualität

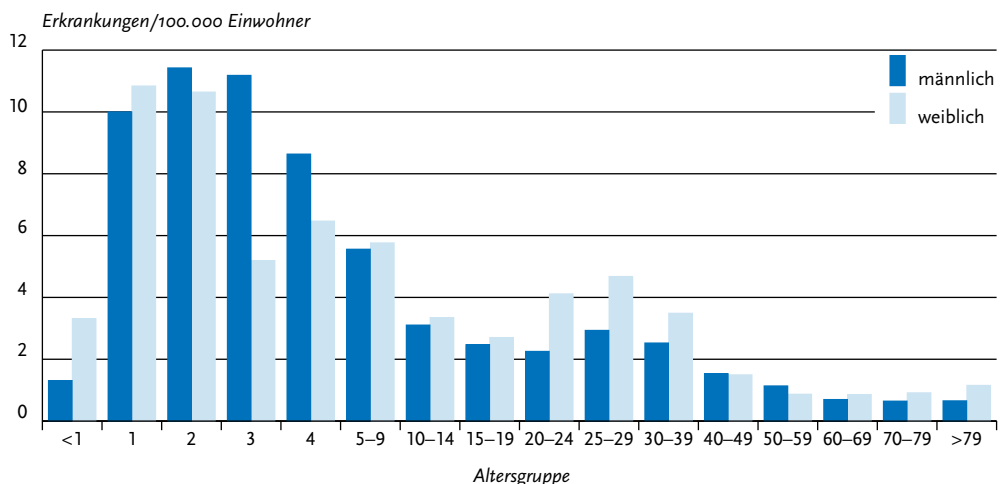
Man muss davon ausgehen, dass vor allem bei erwachsenen Patienten mit Durchfallsymptomatik nicht routinemäßig auf *Cryptosporidium* getestet wird, was zu einer Untererfassung von Kryptosporidiose in dieser Altersgruppe führen würde. Damit ließe sich die niedrigere Inzidenz bei Erwachsenen im Vergleich zu Kindern zumindest teilweise erklären. Bei der Spezies *C. hominis*, die in den letzten Jahren häufiger Ausbrüche beim Menschen verursacht hat, handelt es sich um den ehemaligen Genotyp 1 von *C. parvum*. Seit dem 29.03.2013 sind alle humanpathogenen *Cryptosporidium*-Spezies meldepflichtig.

Die in der Routinediagnostik gängigen Methoden (Antigennachweis, mikroskopischer Nachweis, Standard PCR-Methoden) erlauben keine Differenzierung der *Cryptosporidium*-Spezies.

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
 RKI-Ratgeber für Ärzte (2014). www.rki.de/ratgeber

Abb. 6.25.3:
Übermittelte Kryptosporidiosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=1.853)



6.26 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 2016 wurden 5 Erkrankungen an Läuserückfallfieber übermittelt. Das starke Vorkommen im Jahr 2015 (43 Fälle) setzte sich nicht fort. Davor wurde in den Jahren 2002 und 2004 jeweils eine Erkrankung an Läuserückfallfieber erfasst.

Alle Erkrankungen wurden von der 2. bis 15. Meldewoche übermittelt. Bei allen 5 Erkrankungen handelte es sich um Asylsuchende mit Herkunftsland Somalia. Eine Erkrankung wurde aus Hessen und 4 Erkrankungen aus Bayern übermittelt.

Bei einer typischen Inkubationszeit von bis zu 15 Tagen, wiederholten Krankheitsschüben und Personen, die in kurzer Folge durch verschiedene Länder reisen, ist die Feststellung des Infektionslandes nicht einfach. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurden bei 2 Erkrankungen gemacht (2-mal Libyen).

Die Erkrankten waren zwischen 16 und 35 Jahre alt, 4 waren männlich. Unter den übermittelten Erkrankungen gab es keinen Todesfall infolge des Läuserückfallfiebers. Zusammenhänge zwischen den Fällen wurden nicht berichtet. Sekundärfälle in Deutschland traten nicht auf.

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 Asylsuchende aus diesen Ländern in Deutschland angekommen sind, wurden in vielen Vorjahren und bis zum Herbst 2015 keine derartigen Fälle in Deutschland gemeldet.

Nachdem 2015 und 2016 ähnliche Fälle bei ostafrikanischen Asylsuchenden aus der Niederlande, Schweiz, Italien und zuletzt Finnland berichtet wurden, gab es in Italien nun auch einen

Fall aus Mali. Die Angaben zu den Fällen aus 2015 deuten darauf hin, dass fast alle die zentrale Mittelmeerroute über Libyen nach Italien genommen hatten. Es wird vermutet, dass die Infektionen in Flüchtlingslagern in Libyen oder auf der Überfahrt über das Mittelmeer erworben wurden. Aus Italien wurde von lokaler Transmission in einer Unterkunft für Asylsuchende berichtet.

Es ist unklar, ob das Auftreten dieser Fluchtassoziierten Infektionen eine Folge der Läuserückfallfieber-Epidemiologie am Horn von Afrika oder auf der Fluchtroute widerspiegelt. Zusätzlich gab es eine erhöhte Aufmerksamkeit auf diese Krankheit in Deutschland, nachdem die Niederlande im Sommer 2015 die ersten derartigen Fallberichte veröffentlicht hatten.

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.
- 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:e0004522.
- Hoch M, Wieser A, Löscher T, et al.: Louse-borne relapsing fever (*Borrelia recurrentis*) diagnosed in 15 refugees from northeast Africa: epidemiology and preventive control measures, Bavaria, Germany, July to October 2015. *Euro Surveill* 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21282
- Lucchini A, Lipani F, Costa C, et al.: Louseborne Relapsing Fever among East African Refugees, Italy, 2015. *Emerg Infect Dis* 2016; 22:298.
- Wilting K, Stienstra Y, Sinha B, Braks M, Cornish D, Grundmann H: Louse-borne relapsing fever (*Borrelia recurrentis*) in asylum seekers from Eritrea, the Netherlands, July 2015. *Journal* 2015; *Euro Surveill* 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21196

6.27 Legionellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 992
- ▶ Seit Jahren kontinuierliche Zunahme der gemeldeten Erkrankungszahlen
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Erwachsenen – insbesondere Männern – ab einem Alter von 50 Jahren.
- ▶ Ein größerer Ausbruch mit 24 Erkrankungen sowie 12 kleinere Geschehen mit jeweils 2 bis 3 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 schwerer verlaufende 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 erregereicher 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 nicht bekannt.

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. 6.27.1). In Deutschland entspricht nur die Legionärskrankheit der Referenzdefinition, das Pontiac-Fieber nicht.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 992 Legionellosen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (881 Erkrankungen) wurden somit 111 Erkrankungen mehr erfasst, was einem Anstieg der Fallzahlen um 13 % entspricht.

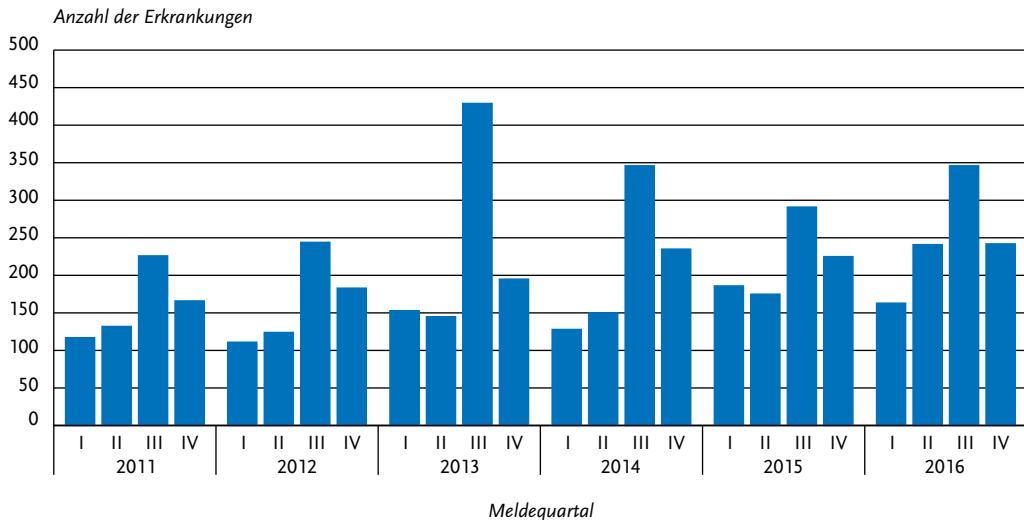
Wie in jedem Jahr weist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen einen saisonalen Verlauf, mit einem Maximum im III. Quartal, auf (s. Abb. 6.27.1). Die generell höheren Fallzahlen in den Sommer- und Herbstmonaten sind sowohl auf im privaten und beruflichen Umfeld erworbene als auch auf reiseassoziierte Legionellosen 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). Ursache für die vergleichsweise hohe Fallzahl im III. Quartal des Jahres 2013 war ein großer Ausbruch in Nordrhein-Westfalen.

Tab. 6.27.1:

Übermittelte Legionellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	0 %	2	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	879	85 %	990	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	92	9 %	81	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	64	6 %	42	4 %
alle	1.037	100 %	1.115	100 %
Referenzdefinition (B+C)	881	85 %	992	89 %

Abb. 6.27.1:
Übermittelte Legionellosen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016 (n=4.953)



Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 1,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (Vorjahr 1,1). Die mit Abstand höchste Inzidenz wurde mit 3,9 Erkr./100.000 Einw. in Bremen registriert, was auf ein Ausbruchsgeschehen mit 24 Fällen im Februar und März des Jahres (s.u.) zurückzuführen ist. Aufgrund des Ausbruchsgeschehens in Bremen weist Berlin mit 3,0 Erkr./100.000 Einw. erstmalig seit 2001 nicht die bundesweit höchste Inzidenz auf, obwohl auch hier ein deutlicher Anstieg gegenüber dem Median der 5 Vorjahre zu beobachten war (s. Abb. 6.27.2).

Bei 638 (64 %) der insgesamt 992 Erkrankungen wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (Mehrfachnennung möglich), wobei auf Deutschland 71 % (471 von 659) der Nennungen entfielen. Das nach Deutschland am häufigsten angegebene Land war – wie schon im vergangenen Jahr – Italien mit insgesamt 48 Nennungen, gefolgt von Spanien mit 21 und der Türkei mit 20 Nennungen (s. Tab. 6.27.2).

Demografische Verteilung

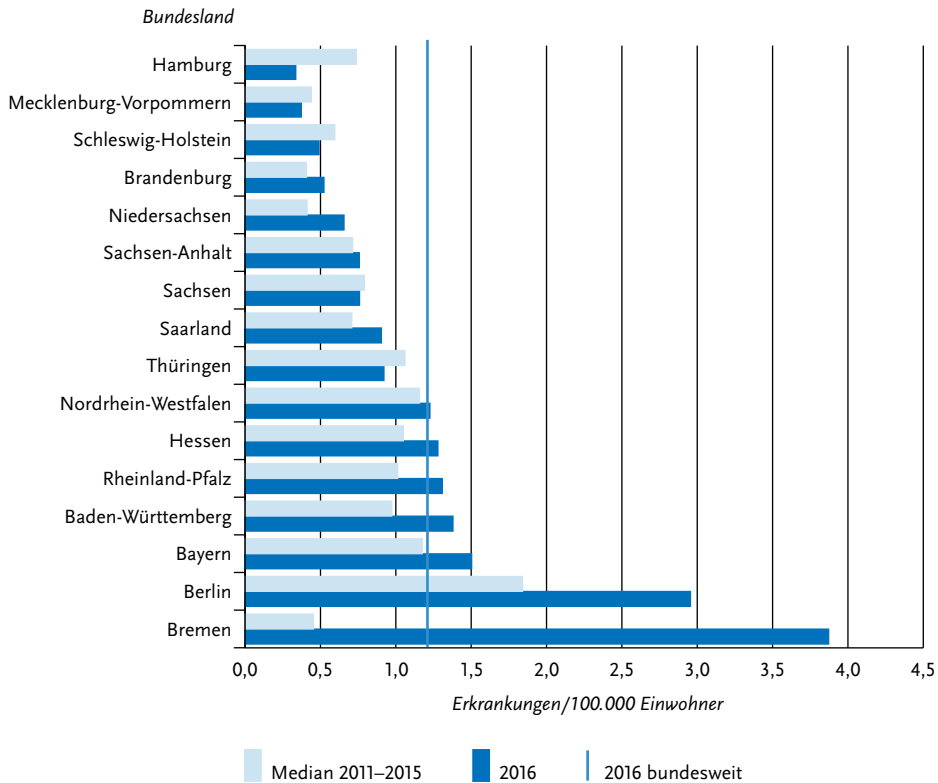
Die Analyse der alters- und geschlechtsspezifischen Inzidenz zeigt, dass Erkrankungen vorwiegend bei Erwachsenen – insbesondere in höherem

Alter – übermittelt wurden, während Kinder und junge Erwachsene bis zu einem Alter von 29 Jahren kaum betroffen waren. Der Altersmedian der Erkrankten lag bei 60 Jahren. Die geschlechtsspezifische Inzidenz war bei Männern (1,8) rund 2,6-mal so hoch wie bei Frauen (0,7). Dieser Unterschied tritt aber erst ab einem Alter von 30 Jahren deutlich hervor (s. Abb. 6.27.3).

Nachgewiesene Erreger

Für 952 (96 %) der 992 übermittelten Fälle lagen Angaben zum Erreger vor. Bei 279 (29 %) Fällen wurde lediglich *Legionella* spp. angegeben. Für 673 Fälle (71 %) waren nähere Informationen zum Erreger vorhanden. Davon konnten 658 Erkrankungen (98 %) der Spezies *L. pneumophila* zugeordnet werden. Jeweils ein Fall entfiel auf die Spezies *L. anisa*, *L. bozemanii* und *L. longbeachae* (je 0,1 %) und weitere 12 Fälle (1,8 %) wurden als andere, aber nicht näher beschriebene Legionellen-Spezies übermittelt. Von den 658 *L.-pneumophila*-Erkrankungen lagen bei 343 (52 %) zusätzlich Angaben zur Serogruppe vor. Mit insgesamt 315 Fällen (92 %) überwog dabei die Serogruppe 1. Andere Serogruppen kamen nur vereinzelt vor: Die Serogruppen 3, 7, 8, 10 und 13 wurden in jeweils einem Fall übermittelt. Bei 20 Erkrankungen wurde die

Abb. 6.27.2:
Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland,
2016 (n=992) im Vergleich mit den Vorjahren



Serogruppe nicht genau bestimmt, sondern zur Charakterisierung lediglich ein Pool-Antigen verwendet, das mehrere Serogruppen nachweist (in 18 Fällen inklusive Serogruppe 1 und in 2 Fällen exklusive Serogruppe 1). In 3 weiteren Fällen wurde die Angabe »andere Serogruppe« übermittelt.

Klinische Aspekte

Von 968 Fällen mit einer Angabe zum Krankheitsverlauf verstarben 45 Patienten (31 Männer, 14 Frauen) infolge der Legionellen-Pneumonie. Dies entspricht einer Letalität von 4,6 %. Gegenüber dem Vorjahr ist die Letalität – bei annähernd gleichen Todeszahlen – geringfügig gesunken (2015: Letalität 5,3 %; 46 Todesfälle unter 862 Erkrankten mit entsprechenden Angaben).

Infektionsquellen

Bei 446 der 992 Erkrankungen (45 %) ist mindestens eine Angabe zur Exposition übermittelt worden (Mehrfachnennung möglich). Zusätzlich zu diesen Angaben wurden für die Auswertung der wahrscheinlichen Infektionsquelle auch die angegebenen Expositionszeiten berücksichtigt. Darüber hinaus wurden auch Angaben zu Krankenhausaufenthalten herangezogen, die mit dem übermittelten Erkrankungsbeginn abgeglichen und so auf das Vorliegen einer im Krankenhaus erworbenen Infektion überprüft wurden. Erkrankungen, bei denen anhand der übermittelten Angaben eine reiseassoziierte oder im Krankenhaus erworbene Erkrankung definitiv ausgeschlossen werden konnte, wurden als »community acqui-

Tab. 6.27.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Legionellosen, Deutschland, 2016 (Mehrfachnennungen möglich, 638 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

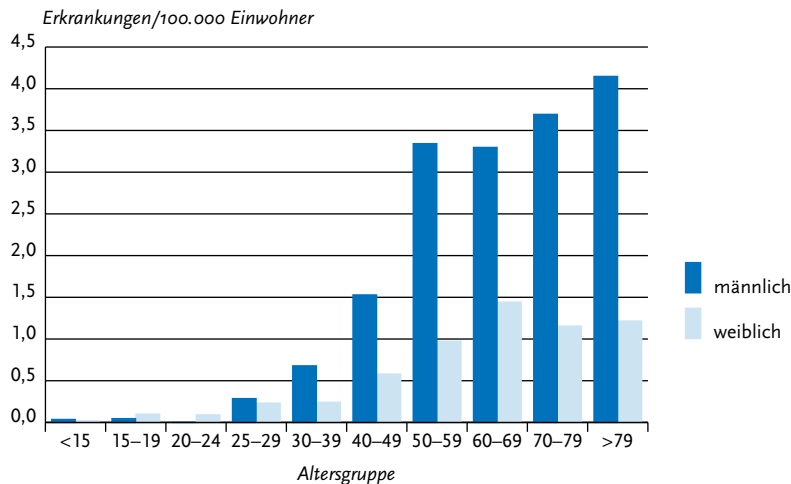
Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	471	71%
Italien	48	7%
Spanien	21	3%
Türkei	20	3%
Kroatien	15	2%
Österreich	14	2%
Griechenland	9	1%
Vereinigte Arabische Emirate	6	1%
Frankreich	5	1%
China	5	1%
Polen	5	1%
Andere	40	5%
Summe	659	100%

red«, also als ambulant im privaten und beruflichen Umfeld erworben, eingestuft. Erkrankungen, bei denen mehrere mögliche Expositionen in der Inkubationszeit vorlagen, wurde eine Exposition nach folgender Hierarchie zugewiesen: Krankenhaus und Pflegeeinrichtung > reiseassoziiert > privates und berufliches Umfeld.

Unter den oben genannten Voraussetzungen konnte für zusätzliche 30 Fälle eine mögliche Exposition innerhalb der 2 bis 10 Tage vor Erkrankungsbeginn zugeordnet werden, sodass für insgesamt 476 (48%) der 992 Erkrankungen eine entsprechende Zuordnung vorlag. Mit 272 (57%) der 476 zuordenbaren Fälle steht eine Exposition im privaten und beruflichen Umfeld an erster Stelle. An zweiter Stelle standen reiseassoziierte Erkrankungen, bei denen die Erkrankung wahrscheinlich während eines Aufenthaltes in einem Hotel oder ähnlichen Reiseunterkünften erworben wurde (171 Erkrankungen; 36%). An dritter Stelle folgten 22 (4,6%) im Krankenhaus erworbene Erkrankungen und in 11 Fällen (2,3%) der Aufenthalt in einer Pflegeeinrichtung (gesamt 6,9%).

Abb. 6.27.3:

Übermittelte Legionellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=992)



Im Vergleich zum Vorjahr haben sich kaum nennenswerte Änderungen ergeben. So ist der Anteil der Erkrankungen, die einer Exposition im privaten und beruflichen Umfeld zugeordnet werden konnten, mit jeweils 57 % gleich geblieben, wenngleich die absolute Anzahl von 239 auf 272 Erkrankungen gestiegen ist. Gleiches gilt auch für die reiseassoziierten Erkrankungen, deren Anteil sowohl 2015 als auch 2016 unverändert bei rund 36 % lag (152 und 171 Erkrankungen). Die registrierte Zahl der im Krankenhaus erworbenen Erkrankungen lag im Vorjahr bei 18 Erkrankungen – 4 weniger als 2016. Im Zusammenhang mit einem Aufenthalt im Pflegeheim waren es 3 Erkrankungen weniger (8 Erkrankungen 2015, 11 Erkrankungen 2016).

Ausbrüche

Im Jahr 2016 wurden dem RKI 13 Häufungen übermittelt: Ein größeres Ausbruchsgeschehen mit insgesamt 24 Erkrankungen – darunter 2 Todesfälle – ereignete sich im Februar und März 2016 in Bremen. Hier war es bereits im November und Dezember 2015 zu einer Häufung mit insgesamt 19 Erkrankungen gekommen. Bei dem erneuten Ausbruchsgeschehen waren 15 Männer und 9 Frauen im Alter von 27 bis 88 Jahren betroffen. Mithilfe der im Konsiliarlabor für Legionellen durchgeführten Feintypisierung konnte bei 3 Patienten (2015) und bei 9 Patienten (2016) eine Infektion durch *L. pneumophila* der Serogruppe 1 Subtyp Benidorm ST 2151 nachgewiesen werden. Aufgrund des gleichen Legionellenstammes in beiden Ausbruchsgeschehen und der ähnlichen epidemiologischen Eigenschaften gehören die beiden Ereignisse wahrscheinlich zusammen. Aufgrund der geografischen Verteilung wird vermutet, dass die Infektionsquelle im Bremer Westen liegt. Trotz umfassender Untersuchungen konnte die ursächliche Infektionsquelle jedoch nicht identifiziert werden.

Bei den weiteren 12 Häufungen handelte es sich um vergleichsweise kleine Geschehen mit jeweils 2 bis 3 Erkrankungen, bei denen die Infektionsquelle im häuslichen Umfeld vermutet wurde, oder die im Rahmen einer Reise aufgetreten ist.

Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass die im Rahmen des Meldewege erfassten Erkrankungen 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.

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Angaben zu einer Exposition liegt in den vergangenen Jahren relativ konstant bei nur ca. 50 %.

Gemäß Falldefinition des RKI erfüllt ein Fall das klinische Bild nur, wenn auch eine Lungenentzündung vorgelegen hat. Von den 992 Erkrankungen, die 2016 übermittelt wurden, lag in 11 Fällen (1 %) keine Angabe zum Vorhandensein einer Lungenentzündung vor, obwohl das klinische Bild als erfüllt angegeben wurde. Diese Möglichkeit gibt es in den neueren Versionen der Meldesoftware nicht mehr. Mit der automatischen (berechneten) Zuordnung der Falldefinitions-kategorie ist diese Implausibilität gegenüber dem Vorjahr (25 Erkrankungen, 3 %) deutlich zurück gegangen.

Auch der Anteil der labordiagnostisch bestätigten Fälle mit unbekanntem klinischen Bild (Falldefinitions-kategorie E) hat sich 2016 erstmals wieder verringert und liegt derzeit bei etwa 3,8 % (42 Fälle; 2015: 6,2 %; 64 Fälle). Im Vergleich zu früheren Jahren ist dieser Anteil aber dennoch vergleichsweise hoch (2011: 2 Fälle, 0,3 %; 2012: 4 Fälle; 0,5 %).

Fazit

Die Legionärskrankheit kommt vor allem bei Erwachsenen vor, wobei Männer ein höheres Erkrankungsrisiko haben 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, 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 Labordiagnostik 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 wahrscheinlichen (und noch besser: nachgewiesenen) Infektionsquellen zu ermitteln, um durch die Einleitung geeigneter Schutzmaßnahmen weiteren Erkrankungen vorzubeugen 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. Sputum 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, die ursächlichen Infektionsquellen zu identifizieren.

Literaturhinweise

- Maisa A, Brockmann A, Renken F, et al.: *Epidemiological investigation and case-control study: a Legionnaires' disease outbreak associated with cooling towers in Warstein, Germany, August–September 2013*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21303
- Phin N, Parry-Ford F, Harrison T, et al.: *Epidemiology and clinical management of Legionnaires' disease*. Lancet Infect Dis 2014; 14:1011–1021.
- Beauté J, Zucs P, de Jong B: *Legionnaires' disease in Europe, 2009–2010*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20417
- de Jong B, Hallström L, Robesyn E, et al.: *Travel-associated Legionnaires' disease in Europe, 2010*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20498
- Brodhun B: *Häufung von reiseassoziierten Legionellen-Erkrankungen in Dubai*. Epid Bull 2017; 3:30.
- RKI: *Legionärskrankheit in Deutschland (2001 bis 2013)*. Epid Bull 2015; 13:95–106.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2013). www.rki.de/ratgeber

6.28 Lepra

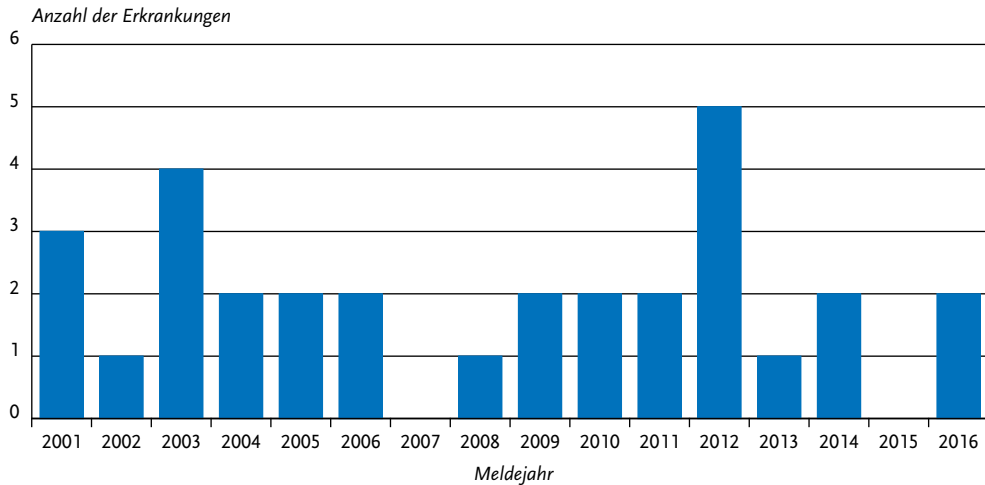
Kurzbeschreibung

Lepra wird durch *Mycobacterium leprae* hervorgerufen. Nach einer Inkubationszeit von 9 Monaten bis zu maximal 20 Jahren können sehr 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 (so genannte Borderline-Lepra) unterschieden.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden 2 Erkrankungen an Lepra gemäß Referenzdefinition übermittelt (s. Abb. 6.28.1). Die Erkrankungen betrafen 2 Männer im Alter von 18 bzw. 46 Jahren. Bei einem Fall handelt es sich um eine neue Episode einer indeterminierten Lepra; eine frühere Episode wurde bereits im Jahr 2009 übermittelt. Bei dem anderen Fall lag das klinische Bild einer tuberkuloiden Lepra vor, als wahrscheinliches Infektionsland wurde Somalia genannt.

Abb. 6.28.1:
Übermittelte Lepra-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Literaturhinweise

Schwienhorst-Stich EM, Puchner K, Parisi S, Kasang C: *Welt-lepratag 2017. Lepra lebt*. *Epid Bull* 2017; 4:35–38.
 Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. *Epid Bull* 2016; 39:431–444.

hauptsächlich durch den direkten oder mittelbaren Kontakt 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, Leber- und Nierenversagen (Morbus Weil) auf.

6.29 Leptospirose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 93
- ▶ Anzahl der Erkrankungen auf dem Niveau der Vorjahre
- ▶ Knapp 50 % der Fälle zwischen August und Oktober
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen
- ▶ Ein Ausbruch mit 3 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Pathogene Bakterien der Gattung *Leptospira* sind die Erreger der weltweit verbreiteten Leptospirose, deren natürliche Wirte neben Ratten und Mäusen auch zahlreiche weitere Haus-, Nutz- und Wildtiere sind. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt

Falldefinition

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

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 93 Erkrankungen übermittelt, was einer Inzidenz von 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner entspricht. Die Anzahl der Erkrankungen lag damit wieder in etwa auf dem Niveau derjenigen Vorjahre, in denen keine größeren Ausbrüche auftraten. Dem gegenüber waren die Jahre 2007 und 2014 von je einem Ausbruch mit 33 und 47 Erkrankungen geprägt (s. Abb. 6.29.1).

Knapp die Hälfte der Erkrankungen (47 %) wurde zwischen August und Oktober mit besonders hohen Fallzahlen im August und September (je 16) übermittelt.

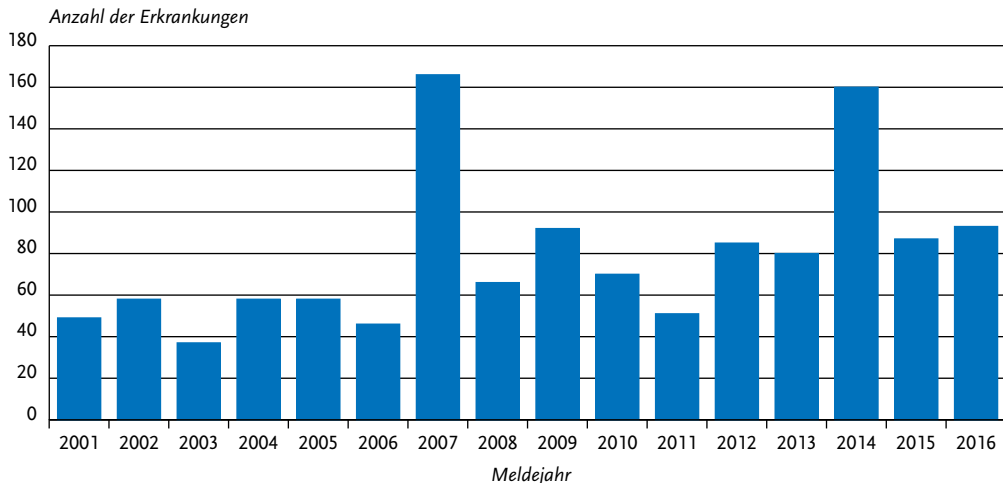
Tab. 6.29.1:

Übermittelte Leptospirose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	2	2%
klinisch-labordiagnostisch (C)	87	89%	91	90%
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	4	4%	2	2%
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	7	7%	6	6%
alle	98	100%	101	100%
Referenzdefinition (B+C)	87	89%	93	92%

Abb. 6.29.1:

Übermittelte Leptospirosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Bremen und dem Saarland waren alle Bundesländer betroffen, wobei die höchste Inzidenz in Mecklenburg-Vorpommern verzeichnet wurde (0,4 Erkr./100.000 Einw.). Für 73 Fälle wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 76 Nennungen). Deutschland wurde in 62% (47 Nennungen) als Infektionsland angegeben (2015: 63%). Die 29 Nennungen anderer Länder verteilten sich auf das europäische Ausland (7), Asien (16), Südamerika (3), Afrika (2) und ein nicht weiter spezifiziertes Land (1).

Demografische Verteilung

Insgesamt 68 Erkrankte (73%) waren männlich. Während bei Männern die Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen mit einer Inzidenz von 0,3 Erkr./100.00 Einw. am stärksten betroffen war, war bei Frauen die Inzidenz mit 0,2 Erkr./100.00 Einw. in der Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen am höchsten. Zwei Fälle wurden bei Kindern unter 15 Jahren übermittelt.

Nachgewiesene Erreger

Bei den 9 Erkrankungen, bei denen Angaben zu einem Serovar vorlagen, wurde in 3 Fällen *Lepto-*

spira spp. Serovar Grippotyphosa, in je 2 Fällen Serovar Icterohaemorrhagiae und Serovar Copenhageni und in jeweils einem Fall Serovar Sejroe und Serovar Bataviae angegeben.

Klinische Aspekte

Es wurde ein Todesfall bei einem 34-jährigen Mann im Zusammenhang mit Leptospirose übermittelt. Als Symptome wurden allgemeine Krankheitszeichen, Dyspnoe, Fieber, Hämorrhagien und eine Nierenfunktionsstörung angegeben. Die Infektion erfolgte vermutlich über den Kontakt zu einer Ratte, bei der ebenfalls Leptospiren nachgewiesen wurden.

Ausbrüche

Im Jahr 2016 wurde ein Leptospirose-Ausbruch mit 3 Erkrankungen übermittelt. Bei den Erkrankungen handelte es sich um Mitglieder einer Familie, die sich während des relevanten Expositionszeitraumes in Thailand aufgehalten und Kontakt zu verschiedenen freilaufenden Tieren gehabt hatten.

Datenqualität

Die Angaben zur Häufigkeit der einzelnen nachgewiesenen Serovare in den Meldedaten können nicht als Hinweis auf die möglicherweise deutschlandweit zirkulierenden Leptospiren-Serovare gewertet werden, da bei den meisten Erkrankungen eine sichere Identifizierung durch Anzucht der Bakterien in den meisten Fällen nicht erfolgt ist. Die Untererfassung für Leptospirose-Erkrankungen ist aufgrund der Variabilität des Krankheitsbildes und der häufig milden Krankheitsverläufe wahrscheinlich erheblich.

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
- 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 für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.30 Listeriose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 707
- ▶ Seit Jahren deutlicher Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Nicht-schwangerschaftsassoziierte, invasive Listeriose betrifft vor allem ältere Personen
- ▶ Größerer Ausbruch in Süddeutschland aufgeklärt

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 geschädigten 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 und Entzündungen der Hirnhäute oder des Gehirns kommen. Die Übertragung von *L. monocytogenes* erfolgt zumeist durch den Konsum kontaminierter Lebensmittel.

Falldefinition

Die Meldepflicht gemäß IfSG betrifft nur Nachweise aus normalerweise sterilen Materialien, aus Abstrichen vom Neugeborenen oder aus Abstrichen von mütterlichem Gewebe. Bezüglich der umfangreichen Änderungen der Falldefinition wird auf das vorherige Jahrbuch verwiesen. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.30.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 707 Listeriosen übermittelt. Das entspricht einer Inzidenz von 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Seit 2011 gibt es kontinuierlich ansteigende Fallzahlen. Gegenüber dem Vorjahr (662 Erkrankungen) hat die Zahl der Listeriosen um 7 % zugenommen und ist da-

Tab. 6.30.1:

Übermittelte Listeriose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016.

Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2015				2016			
	gesamt		Falldefinition		gesamt		Falldefinition	
	Anzahl	Anteil	vor 2015	2015	Anzahl	Anteil	vor 2015	2015
klinisch-epidemiologisch (B)	82	12 %	80	2	10	1 %	2	8
klinisch-labordiagnostisch (C)	553	78 %	345	208	596	83 %	109	487
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	43	6 %	30	13	67	9 %	9	58
davon bei Kind im ersten Lebensmonat (D*)	2		2	0				
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	35	5 %	23	12	48	7 %	5	43
davon bei Kind im ersten Lebensmonat (E*)	0		0	0	0			1
alle	713	100 %	478	235	721	100 %	125	596
Referenzdefinition	B+C+D*+E*, B+C+D+E		B+C+ D*+E*	B+C+D+E	B+C+D*+E*, B+C+D+E		B+C+ D*+E*	B+C+D+E
	662	93 %	427	235	707	98 %	111	596

mit die höchste seit 2001. Die meisten Fälle wurden im III. Quartal übermittelt (227), in den anderen Quartalen waren es 154, 158 bzw. 168 (s. Abb. 6.30.1).

Geografische Verteilung

Die niedrigste Inzidenz wurde mit 0,1 Erkr./100.000 Einw. im Saarland und die höchste Inzidenz mit 1,7 in Sachsen verzeichnet. In Baden-Württemberg, Berlin, Brandenburg, Bremen, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Sachsen und Schleswig-Holstein lagen die Inzidenzen über der bundesweiten Inzidenz (s. Abb. 6.30.2). Vierzehn Bundesländer verzeichneten im Vergleich mit den Vorjahren einen Anstieg der Inzidenz. Besonders hoch war der Anstieg in Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein mit einer mehr als verdoppelten Inzidenz.

Für 354 Erkrankungen (50 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland übermittelt; 98 % der Nennungen entfielen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Im Jahr 2016 wurden 657 Fälle von nicht-schwangerschaftsassoziierter, invasiver Listeriose übermittelt. Die Inzidenz stieg mit dem Lebensalter deutlich an: von 0,6 Erkr./100.000 Einw. in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen, über 2,7 in der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen, bis auf 3,8 bei den über 79-Jährigen (s. Abb. 6.30.3). Die nicht-schwangerschaftsassozierten, invasiven Listeriosen betrafen 286 Frauen (44 %) und 371 Männer (56 %). Insbesondere in den Altersgruppen ab 50 Jahre war die Inzidenz bei Männern deutlich höher als bei Frauen.

Es wurden 22 Fälle von Schwangerschafts-Listeriose und 28 Neugeborenen-Listeriosen übermittelt. Darunter konnten 16 Mutter-Kind-Paare identifiziert werden. Außerdem wurden 12 Neugeborenen-Listeriosen ohne Verbindung zur Mutter übermittelt. Schwangerschafts-Listeriosen machten 53 % der insgesamt 41 Listeriosen bei Frauen im Alter zwischen 15 und 49 Jahren aus.

Abb. 6.30.1:
Übermittelte Listeriosen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016

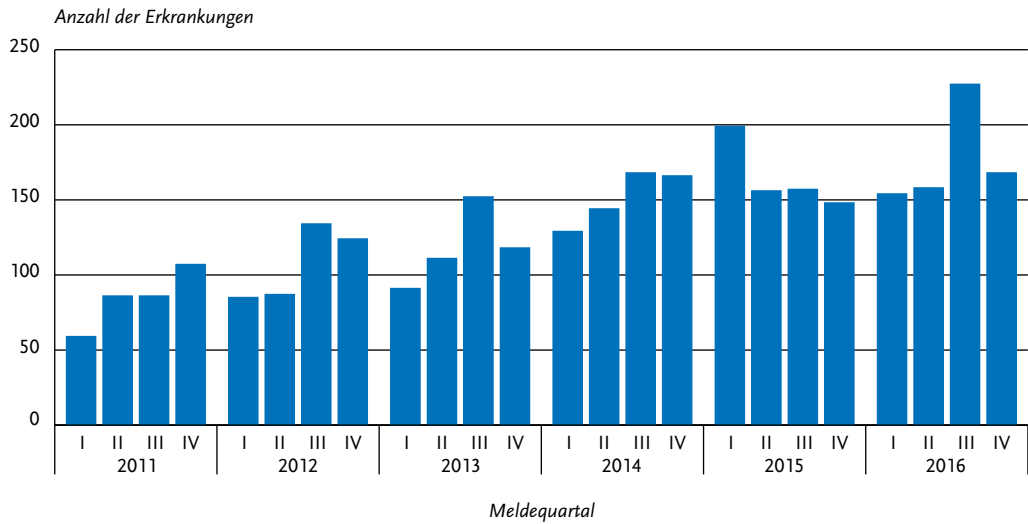


Abb. 6.30.2:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=707) im Vergleich mit den Vorjahren

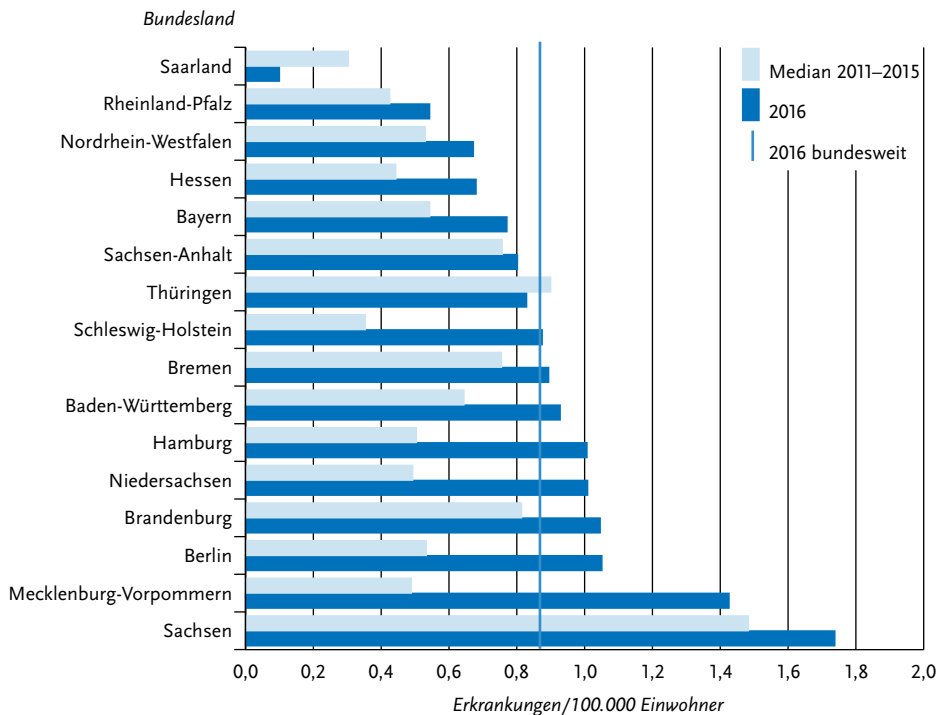
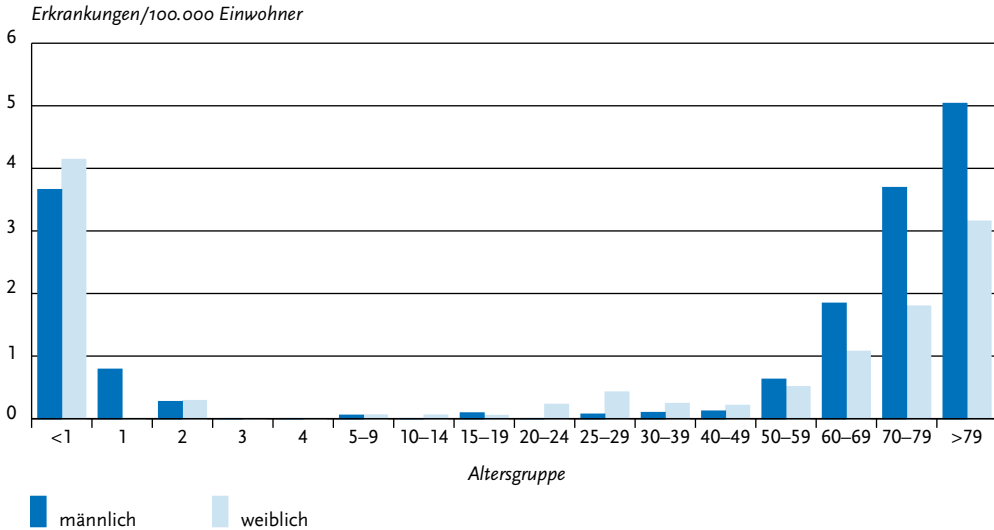


Abb. 6.30.3:
Übermittelte Listeriosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=707)



Nachgewiesene Erreger

Für 255 der 707 erfassten Fälle (36 %) lag eine Angabe zum Serovar von *L. monocytogenes* vor; 125-mal wurde das Serovar 4b, 93-mal das Serovar 1/2a und 37-mal das Serovar 1/2b übermittelt.

Klinische Aspekte

Bei 202 (31 %) der 657 nicht-schwangerschaftsassozierten invasiven Listeriosen wurde eine Sepsis angegeben und bei 102 (16 %) eine Meningitis oder Enzephalitis.

Bei 11 der 22 Frauen mit Schwangerschafts-Listeriose (50 %) lag eine symptomatische Listerien-Infektion vor. Unter den Fällen von Schwangerschafts-Listeriose waren 4 Fälle mit angegebener Frühgeburt (18 %), 2 Fehlgeburten (9 %) und 2 Totgeburten (9 %).

Eine symptomatische Listerien-Infektion lag auch bei 23 der 27 (85 %) lebend geborenen Neugeborenen vor: 16 (59 %) zeigten ein septisches Krankheitsbild, 11 (41 %) eine Atemstörung, bei 3 Neugeborenen (11 %) war eine Haut-, Bindehaut- oder Schleimhautläsion angegeben und bei 3 Kindern (11 %) eine Granulomatosis infantiseptica (Mehrfachnennungen möglich).

Es wurden 48 Todesfälle übermittelt, bei denen die Listeriose als Todesursache angegeben war (2015: 46). Unter diesen waren 45 nicht-schwangerschaftsassozierte Listeriosen und 3 Neugeborenen-Listeriosen. Die Letalität lag 2016 bei 7 %. Die Listeriose gehört damit zu den meldepflichtigen Krankheiten mit der höchsten Letalität.

Ausbrüche

Bei einem seit 2012 beobachteten Ausbruch von Listeriose-Erkrankungen mit identischem Feintypisierungsmuster (Pulsfeld-Gelelektrophorese) und identischem Sequenztyp (Whole genome sequencing) der *L. monocytogenes*-Isolate konnte im Jahr 2016 ein fleischverarbeitender Betrieb als Ursache identifiziert und somit aufgeklärt werden. Innerhalb dieses Geschehens wurden 78 Fälle zwischen 2012 und 2016, davon 11 Fälle im Jahr 2016 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 2016 übermittelten Listeriosen war die höchste seit In-Kraft-Treten des Infektionsschutzgesetzes im Jahr 2001.

Literaturhinweise

- Ruppitsch W, Prager R, Halbedel S: *Ongoing outbreak of invasive listeriosis, Germany, 2012 to 2015*. Euro Surveill 2015. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21336
- 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 für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.31 Malaria



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 970
- ▶ Nach deutlicher Zunahme der Fallzahlen und des Anteils von *P.vivax*-Malaria in den Jahren 2014 und 2015, 2016 leichter Rückgang für beides aber noch deutliche Erhöhung im Vergleich zu den Jahren vor 2014
- ▶ Zunahme der Fallzahlen seit 2014; hauptsächlich durch aus Nordafrika einreisende Personen bedingt
- ▶ Höchste Inzidenz bei Jugendlichen im Alter zwischen 15 und 19 Jahren

Kurzbeschreibung

Malaria wird durch Plasmodien genannte parasitäre Einzeller verursacht. Die verschiedenen Plasmodienarten werden typischerweise durch Mücken übertragen. Malaria wird überwiegend in Ländern Afrikas, Asiens bzw. Südamerikas erworben. Charakteristisch für Malaria-Erkrankungen ist Fieber. Die gefährlichste Form, Malaria tropica, 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 diejenigen Fälle berücksichtigt, bei denen eindeutig ersichtlich war, dass die betroffenen Patienten ihren Wohnsitz in Deutschland hatten. Auf der Basis dieser Fallkriterien wurden für das Jahr 2016 insgesamt 970 Malaria-Fälle (1,2 Fälle pro 100.000 Einwohner) gemeldet.

Zeitlicher Verlauf

In den Jahren 2014 und 2015 war ein deutlicher Anstieg der Fallzahlen gegenüber den Vorjahren zu verzeichnen gewesen (1.007 und 1.063 Fälle). Im Jahr 2016 war die Fallzahl etwas rückläufig, aber immer noch deutlich höher im Vergleich zu den Jahren vor 2014 (s. Abb. 6.31.1).

Die Anzahl der 2016 in den einzelnen Monaten diagnostizierten Malaria-Fälle reichte von 38 im März bis zu 128 im September.

Geografische Verteilung

Die Anzahl der Malaria-Fälle, die aus den verschiedenen Bundesländern gemeldet wurden, differierte sehr stark (s. Abb. 6.31.2). Für Hamburg wurde eine Inzidenz von 4,4 Fällen/100.000 Einw. ermittelt (n=79), für Bremen von 2,4 (n=16) und für Berlin von 2,0 (n=70). Besonders niedrig war die Inzidenz in Mecklenburg-Vorpommern (0,2; n=3).

Das wahrscheinliche Infektionsland wurde für 636 (66%) Fälle angegeben. Der größte Teil der Nennungen (570; 90%) entfiel, wie schon in den Vorjahren, auf afrikanische Länder (s. Tab. 6.31.1). Nigeria, Kamerun und Ghana führen schon seit Jahren mit Abstand die Liste der wahrscheinlichen Infektionsländer an. Der Anteil der Fälle aus Ländern Asiens war mit 8% (insgesamt 51 Fälle) etwas höher als 2015 und mehr als doppelt so hoch wie 2014. Afghanistan war mit 25 Fällen das am häufigsten genannte Land außerhalb Afrikas.

Demografische Verteilung

Jugendliche im Alter zwischen 15 und 19 Jahren wiesen mit 3,3 Fällen/100.000 Einw. die höchste Inzidenz auf, gefolgt von den 20- bis 24-Jährigen (2,2) (s. Abb. 6.31.3). Jungen und Männer waren 2,8-mal stärker betroffen als Mädchen und Frauen.

Abb. 6.31.1:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016

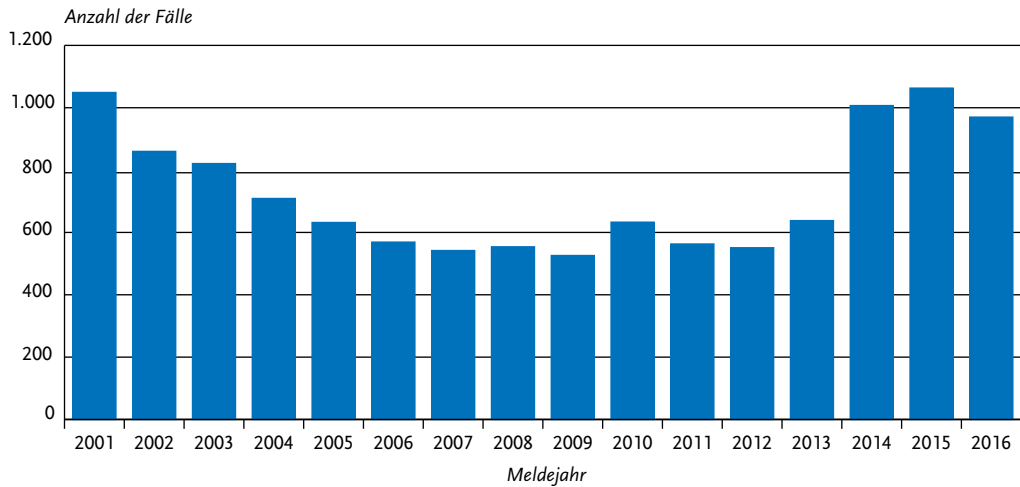
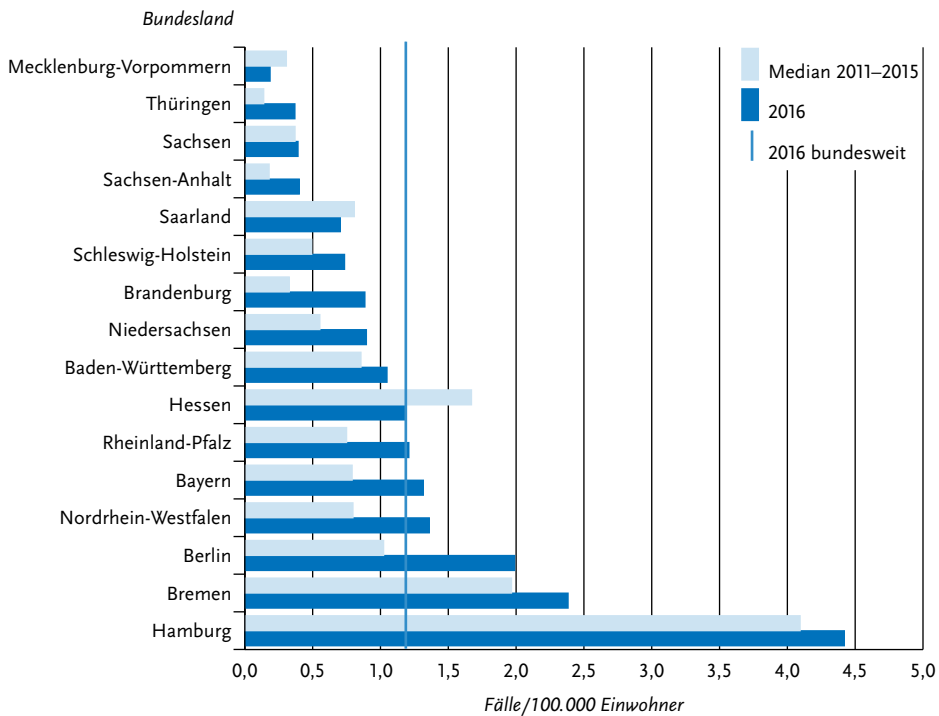


Abb. 6.31.2:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=970) im Vergleich mit den Vorjahren



Tab. 6.31.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der gemeldeten Malaria-Fälle, Deutschland, 2016 (n=636)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Nigeria	123	19 %
Kamerun	90	14 %
Ghana	66	10 %
Togo	32	5 %
Afghanistan	25	4 %
Kenia	24	4 %
Kongo, Demokratische Republik	23	4 %
Elfenbeinküste (Côte d'Ivoire)	20	3 %
Pakistan	18	3 %
Sierra Leone	17	3 %
Andere	198	31 %
Summe	636	100 %

In der Altersgruppe der 15- bis 19-Jährigen lag die Inzidenz bei den Männern mehr als 3-mal höher. Die Unterschiede zwischen den Inzidenzen bei Männern und Frauen, die auch in den Vorjahren

ausgeprägt waren, sind vermutlich auf ein unterschiedliches Reise- oder Präventionsverhalten sowie auf unterschiedliche Personengruppen unter den nach Deutschland neu Einreisenden zurückzuführen.

Nachgewiesene Erreger

Unter den 937 Fällen mit Angaben zur Erregerspezies (97 % aller Fälle) wurde *Plasmodium falciparum* mit 72 % am häufigsten diagnostiziert (2015: 58 %; 2014: 55 %; 2001 bis 2013 lag der Mittelwert bei 78 %). Mit 18 % (2015: 30 %; 2014: 31 %; 2001 bis 2013: im Mittel 11 %) lag *P. vivax* wie im Vorjahr an zweiter Stelle, gefolgt von *P. malariae*, *P. ovale* und Malaria tertiana (*P. vivax* oder *P. ovale*, ohne weitere Differenzierung des Erregers) (jeweils 3 %). Mischinfektionen hatten einen Anteil von 2 %. *P. knowlesi*-Infektionen wurden im Jahr 2016 nicht gemeldet (s. Abb. 6.31.4). Die in den Jahren 2014 und 2015 beobachtete Veränderung der Verteilung der Erregerspezies zugunsten von *P. vivax* bzw. von Malaria tertiana war 2016 weniger stark ausgeprägt.

Datenqualität

Zusätzlich zu den 970 ausgewiesenen Fällen wurden dem RKI weitere 29 Malaria-Fälle gemeldet, die aus den eingangs beschriebenen Gründen

Abb. 6.31.3:
Gemeldete Malaria-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=961)

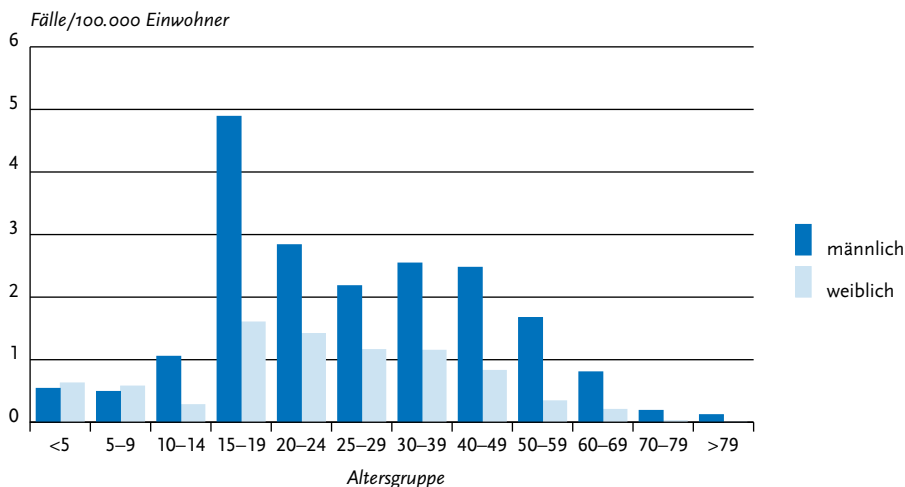
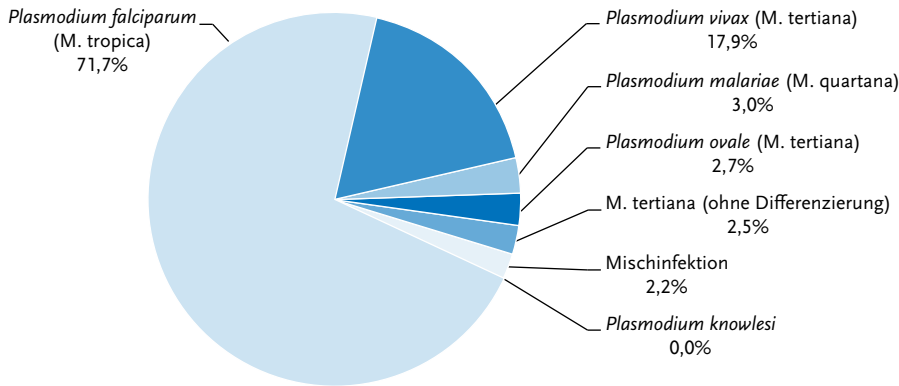


Abb. 6.31.4:
Gemeldete Malaria-Fälle nach Erregerspezies, Deutschland, 2016 (n=937)



nicht in die Statistik aufgenommen werden konnten. Nicht für alle 970 in der Auswertung berücksichtigten Fälle lagen vollständige Angaben vor. Für insgesamt 729 (75%) Fälle lagen die Meldebögen sowohl vom Labor als auch vom Arzt vor, für 234 Fälle nur der Laborbogen, für 7 Fälle nur der Arztbogen.

Fazit

Die 2014 und 2015 erhöhte Anzahl der nach Deutschland importierten Malaria-Infektionen im Vergleich zu den Vorjahren, hat 2016 leicht abgenommen. Der Anteil von Malaria tertiana war im Vergleich zu den Jahren vor 2014 weiterhin erhöht, aber im Vergleich zu 2014 und 2015 rückläufig. In den Jahren 2014 und 2015 waren die erhöhten Fallzahlen zu einem großen Teil durch nach Deutschland neu einreisende Personen aus Ländern Nordafrikas und Südasiens erklärbar. Die rückläufige Gesamtfallzahl und Anzahl von Malaria-tertiana-Fällen ist durch eine im Vergleich zu 2014 und 2015 verminderte Anzahl von nach Deutschland einreisenden Personen, besonders aus dem nordafrikanischen Raum, bedingt.

Literaturhinweise

- de Gier B, Suryapranata FS, Croughs M, et al.: *Increase in imported malaria in the Netherlands in asylum seekers and VFR travellers*. Malar J 2017; 16:60.
- 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; 15:325.

Sondén K, Castro E, Trönberg L, Stenström C, Tegnell A, Färnert A: *High incidence of Plasmodium vivax malaria in newly arrived Eritrean refugees in Sweden since May 2014*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20890

Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.

RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.32 Masern



- Fälle nach Referenzdefinition 2016: 326
- Inzidenz: 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner
- Höchste Inzidenz bei Kindern unter 3 Jahren
- 34 Ausbrüche mit 241 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

nation der Masern ist ein erklärtes Ziel der deutschen Gesundheitspolitik. Diese 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. 6.32.1). Im Jahr 2016 wurden 360 Fälle übermittelt, von denen 326 der Referenzdefinition entsprachen. Die Falldefinition für die Masern wurde im Jahr 2015 geändert und orientiert sich an der Falldefinition der WHO. Auffällig ist der steigende Anteil der Fälle mit nicht erfülltem klinischen Bild. Der Anstieg ist möglicherweise auch auf Masernerkrankungen bei bereits Geimpften mit einem Impfversagen, jedoch abgeschwächter Symptomatik zurückzuführen.

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2016 wurden 326 Masern-Erkrankungen übermittelt. Im Jahr 2015 waren es 2.464. Die Anzahl der übermittelten Masern-Erkrankungen schwankt von Jahr zu Jahr zum Teil erheblich. Während sie im Vorjahr eine der höchsten seit Beginn der Meldepflicht im Jahr 2001 war, ist die Anzahl der im Jahr 2016 übermittelten Masern-Erkrankungen eine der niedrigsten. Lediglich in den Jahren 2004 und 2012 wurden weniger Masern-Erkrankungen übermittelt (123 und 165). Für das

Jahr 2016 zeigte sich der für Masern typische saisonale Verlauf mit höchsten Erkrankungszahlen in den Frühsommermonaten (17. bis 27. Meldewoche) (s. Abb. 6.32.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner und war damit deutlich niedriger als im Jahr 2015 (3,0) und als der Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (2,0). In Berlin, Thüringen und Brandenburg lag die Inzidenz über 1, in allen anderen Bundesländern 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 2016 in Mecklenburg-Vorpommern erreicht. Das Saarland lag genau bei einer Inzidenz von 0,1 (s. Abb. 6.32.2).

Rund 23 % der 326 Masern-Erkrankungen wurden aus Berlin übermittelt (n=75), rund 11 % aus Thüringen (n=36), gefolgt von Brandenburg und Sachsen mit jeweils 10 % (jeweils n=34) und Bayern (n=33).

Die höchsten Inzidenzen wurden für Berlin (2,1), Thüringen (1,7) und Brandenburg (1,4) berechnet. In diesen Bundesländern wie auch in Sachsen (0,8) und Hamburg (0,6) lagen die Inzidenzen über dem bundesweiten Durchschnittswert (s. Abb. 6.32.2). Thüringen, Sachsen, Rheinland-Pfalz und Brandenburg lagen mit der Inzidenz für 2016 über dem Median der Inzidenz der letzten 5 Vorjahre, alle anderen Bundesländer lagen darunter.

Tab. 6.32.1:
Übermittelte Masern-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	240	9 %	19	5 %
klinisch-epidemiologisch (B)	638	25 %	35	10 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.586	61 %	272	76 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	108	4 %	25	7 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	30	1 %	9	2 %
alle	2.602	100 %	360	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	2.464	95 %	326	91 %

Abb. 6.32.1:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2011 bis 2016

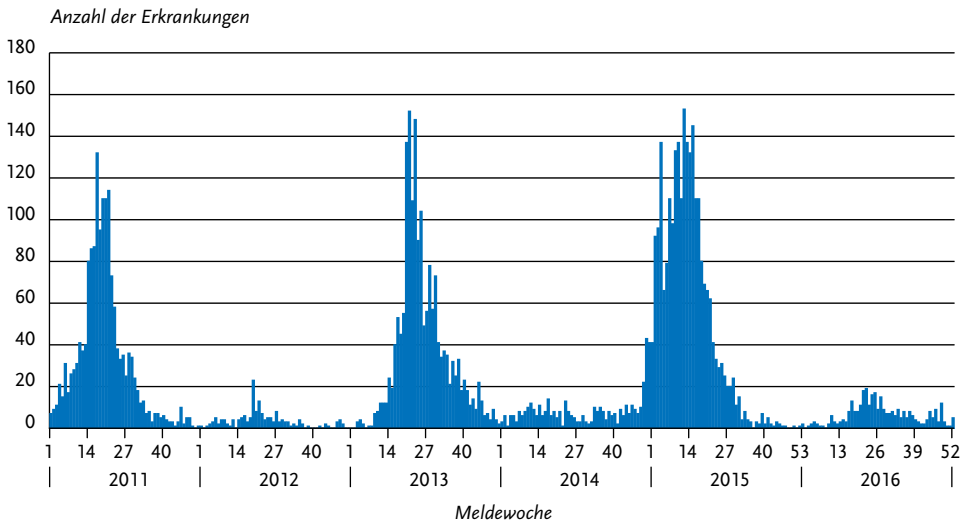
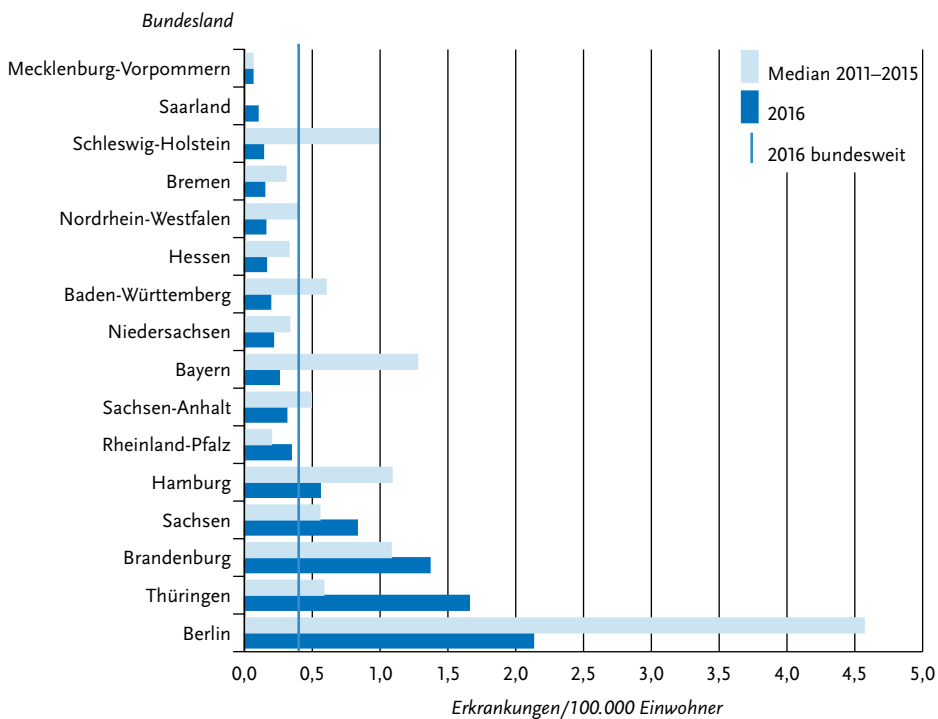


Abb. 6.32.2:
Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=326) im Vergleich zu den Vorjahren



Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 224 Erkrankungen vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 231 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend in Deutschland erworben (74 % der Nennungen; $n=170$). Im Vorjahr machte Deutschland noch 95 % der Nennungen zum Infektionsland aus. Als weitere wahrscheinliche Infektionsländer wurden am häufigsten (28-mal) Länder der russischen Föderation angegeben. Für 17 Masern-Erkrankungen wurden andere Länder der europäischen WHO-Region genannt. Länder außerhalb der europäischen WHO-Region wurden 14-mal angegeben.

Demografische Verteilung

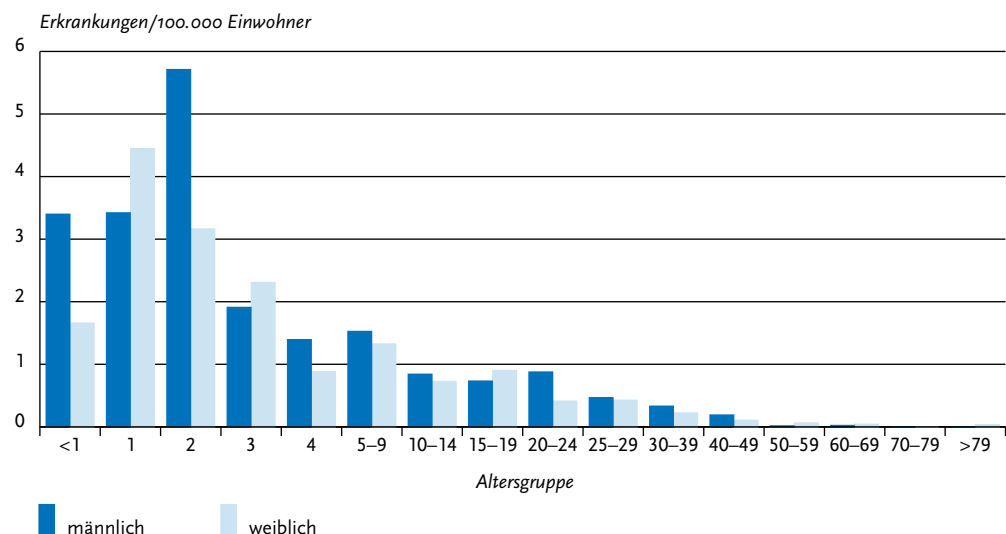
Wie schon in den Vorjahren wurde die höchste altersspezifische Inzidenz bei Kindern in den ersten 3 Lebensjahren beobachtet. Sie lag bei Kindern im ersten Lebensjahr bei 2,6 Erkr./100.000 Einw., bei den 1-jährigen bei 3,9 und bei den 2-jährigen bei 4,5. Die höchste Inzidenz wurde somit, anders als in den Vorjahren, bei 2-jährigen Kindern errechnet. Die Inzidenz der 3- und 4-jährigen lag bei 2,1 und 1,1. Für die 5- bis 9-jährigen wurde eine Inzidenz von 1,4 errechnet. Die 10- bis 19-jährigen wie-

sen eine Inzidenz von 0,8 auf. In den höheren Altersgruppen nahmen die Inzidenzen weiter ab und reichten von 0,7 bei den 20- bis 24-jährigen, über 0,3 bei den 30- bis 39-jährigen und 0,1 bei den 40- bis 49-jährigen bis 0,04 bei den 50- bis 59-jährigen (s. Abb. 6.32.3).

Insgesamt 47 % der Erkrankungen betrafen die Altersgruppe der 0- bis 9-jährigen (2015: 36 %). Innerhalb dieser Gruppe lag der Anteil der 0- bis 2-jährigen bei rund 52 % (2015: 52 %). Etwa die Hälfte der Erkrankungen (53 %; 2015: 64 %) traten bei Patienten im Alter von 10 Jahren oder älter auf. Von allen Masern-Erkrankungen entfielen 19 % (2015: 27 %) auf die Altersgruppe der 10- bis 19-jährigen und 25 % (2015: 29 %) auf die Altersgruppe der 20- bis 39-jährigen. Rund 5 % waren zwischen 40 und 49 Jahre alt (2015: 6 %) und 3 % der an Masern Erkrankten über 50 Jahre alt (2015: 2 %). Seit 2010 wird von der STIKO für nach 1970 geborene Erwachsene mit unvollständigem oder unklarem Impfschutz generell eine einmalige Masernimpfung empfohlen.

Im Jahr 2016 war die Maserninzidenz bei Mädchen und Frauen etwas niedriger als bei Jungen und Männern (0,3 und 0,5).

Abb. 6.32.3: Übermittelte Masern-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 ($n=325$)



Klinische Aspekte

Der Anteil der übermittelten Erkrankungen mit Klinikaufenthalt ($n=168$) lag bei 52 % und damit sehr viel höher als im Jahr 2015 (23 %). Die relative Häufigkeit einer Hospitalisierung variierte nach Alter. So wurden im Berichtsjahr 56 % (2015: 26 %) der in den ersten beiden Lebensjahren erkrankten Kinder (27 von 48) sowie 46 % (2015: 14 %) der Masern-Patienten im Alter von 2 bis 19 Jahren (78 von 169) hospitalisiert. Von Erkrankten, die 20 Jahre oder älter waren, betrug dieser Anteil rund 58 % (63 von 109; 2015: 35 %).

Der Anteil der Masern-Erkrankungen mit Komplikationen hat sich im Vergleich zum Vorjahr nicht wesentlich verändert. Für 233 der 326 Erkrankten lagen Angaben zu Komplikationen vor. Von diesen wurden für 218 Patienten (94 %, 2015: 97 %) keine Komplikationen angegeben. Bei 9 der 233 Erkrankungen (3,9 %, 2015: 1,3 %) wurde eine Lungenentzündung und bei 3 Patienten (1,3 %, 2015: 0,5 %) eine Mittelohrentzündung im Verlauf der Masern-Erkrankung dokumentiert. Zudem wurden 2 Erkrankungen mit einer Darm-Komplikation angegeben. Ein Patient wies 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. Es sind im Jahr 2016 keine durch eine Masern-erkrankung verursachten Todesfälle aufgetreten.

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 – empfohlen im Alter von 11 Monaten, im Rahmen besonderer Umstände auch bereits im Alter von 9 Monaten – kein Immunschutz aufgebaut wurde. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO daher 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, ausgesprochen. 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.

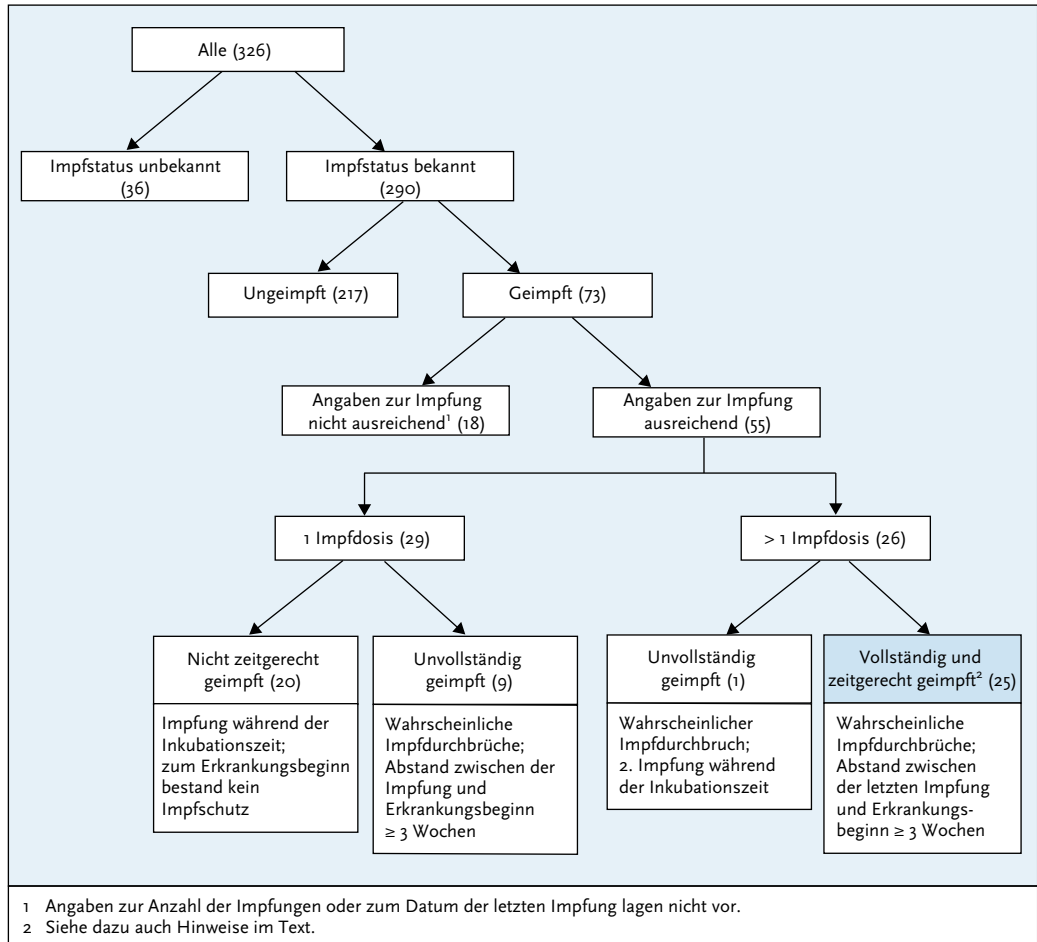
Von den 326 an Masern Erkrankten wurden 73 als geimpft und 217 als ungeimpft übermittelt; bei 36 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.32.4). Bei 55 geimpften Fällen lagen valide Angaben zur Anzahl der Impfungen und zum Datum der letzten Impfung vor.

Bei 20 von 29 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 9 Patienten mit einmaliger Impfung, die mehr als 21 Tage, überwiegend jedoch Jahre, zurücklag, kann ein unzureichender Impfschutz aufgrund einer nicht erfolgten zweiten Impfung angenommen werden. Drei dieser 9 Patienten waren 1 Jahr alt, bei 2 Kindern hätte man durch eine nach STIKO-Empfehlungen rechtzeitige zweite Impfung höchstwahrscheinlich eine Erkrankung verhindern können.

Nur bei einem der 26 mindestens 2-mal geimpften Fälle wurde die 2. Impfung kurz vor Erkrankungsbeginn verabreicht, so dass bei allen anderen 25 Erkrankungen nach vollständiger und zeitgerechter Impfung zunächst von Impfdurchbrüchen ausgegangen werden kann. Bei mindestens 17 dieser 25 Erkrankten ist allerdings höchstwahrscheinlich ein systematischer Fehler bei der Durchführung der Impfungen, die über Jahre hinweg erfolgten, aufgetreten. Dies konnte durch weitere Untersuchungen, insbesondere der Avidität der Antikörper, am Nationalen Referenzzentrum festgestellt werden.

Um Impfdurchbrüche, d. h. Masern-Erkrankungen, die trotz regelrechter Impfung auftreten, sicher feststellen zu können, sollte somit 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.

Abb. 6.32.4:
Übermittelte Masern-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=326)



Ausbrüche

Die Epidemiologie der Masern in Deutschland ist geprägt von regionalen und überregionalen Ausbrüchen mit zum Teil über Monate andauernden bundeslandübergreifenden Transmissionsketten.

Während im Jahr 2015 insgesamt 224 Ausbrüche (191 mit jeweils weniger als 5 Fällen und 33 mit jeweils mindestens 5 Fällen) mit insgesamt 971 Fällen übermittelt wurden, waren es im Jahr 2016 insgesamt 34 Ausbrüche mit insgesamt 241 Fällen. Dabei wiesen 22 Ausbrüche jeweils weniger als 5

Fälle und 12 Ausbrüche jeweils mindestens 5 Fälle auf. Es konnten somit 74 % aller Masernfälle des Jahres 2016 zu Ausbrüchen zusammengefasst werden.

Insgesamt wurden 2016 Ausbrüche aus 12 Bundesländern (außer Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, dem Saarland und Schleswig-Holstein) übermittelt. Von den 34 übermittelten Ausbrüchen wurden 5 in Nordrhein-Westfalen und jeweils 4 Ausbrüche in Bayern, Berlin und Sachsen zusammengefasst. Zwei Ausbrüche traten in mehreren Bundesländern auf.

Von 12 Ausbrüchen mit mindestens 5 Erkrankungen wiesen 4 Ausbrüche jeweils mehr als 10 Fälle auf. Zwei große Ausbrüche mit 79 und 39 Fällen ereigneten sich in Berlin und Thüringen, 2 weitere in Sachsen (15 Fälle) und Niedersachsen (11 Fälle).

Eine Genotypisierung mindestens einer der Fälle, die jeweils zu den 34 Ausbrüchen zusammengefasst wurden, wurde bei 29 der 34 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 zu erreichenden niedrigen Inzidenz von unter 0,1 Erkr./100.000 Einw. der positive, also richtige Vorhersagewert einer lediglich klinischen Masern diagnose niedrig ist. Eine Laboruntersuchung sollte besonders bei sporadischen Fällen und bei anamnestisch gegen Masern Geimpften erfolgen. Der Anteil an laborbestätigten Fällen ist in Deutschland mit 76 % (2015: 61 %) im Vergleich zum letzten Jahr gestiegen.

Bei 60 der 326 übermittelten Fälle (18 %, 2015: 5,4 %) war ein Genotyp angegeben, bei 227 Fällen war dieser nicht erhoben worden oder konnte nicht ermittelt werden. Ergebnisse einer Genotypisierung können elektronisch übermittelt werden. Falls dies nicht möglich ist, sollten sie im Kommentarfeld eingegeben werden. Bei 39 Fällen erfolgte die Angabe »andere/sonstige«, hier wäre eine genauere Angabe im Kommentarfeld hilfreich, auch mit einem Hinweis, welche Angaben ggf. in der vorgegebenen Liste fehlen. Die vom Nationalen Referenzzentrum für Masern, Mumps und Röteln (NRZ) an die Gesundheitsämter berichteten Erkenntnisse zu vorliegenden Genotypen sollten bitte nachgetragen werden, damit die epidemiologische Surveillance am RKI valide Analysen vornehmen kann.

Ergebnisse zur Genotypisierung sind sehr wichtig, um Transmissionsketten einschätzen zu können. Diese ist besonders bei sporadisch aufgetretenen Masernfällen von Relevanz. Die Einschätzung der Länge von Transmissionsketten ist unmittelbare Voraussetzung für die Verifizierung des

Standes der Elimination der Masern in Deutschland.

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 durch Impfungen vornehmen zu können.

Ansichts des hohen Anteils der Hospitalisierten im Vergleich zu den angegebenen Komplikationen ist eine Untererfassung der Komplikationen anzunehmen. So wurden 168 Masern-Erkrankungen im Krankenhaus behandelt, Komplikationen jedoch nur bei 15 Erkrankungen näher spezifiziert. Zu 93 der 326 Masern-Erkrankungen (29 %) waren Angaben zu möglichen Komplikationen nicht erhoben bzw. nicht ermittelbar.

Fazit

Die Anzahl der übermittelten Masern-Erkrankungen war im Jahr 2016 deutlich niedriger als 2015. Es wurde eine Masern-Inzidenz von 0,4 Erkr./100.000 Einw. errechnet (2015: 3,0). Die von der WHO vorgegebenen Indikatorinzidenz von <0,1 für die Masern-Elimination wurde nicht erreicht. Wie in den Vorjahren weisen Kinder in den ersten Lebensjahren die höchsten Inzidenzen auf.

Die weiterhin unzureichenden Impfquoten in der Bevölkerung, besonders bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen und die daraus folgende ungenügende Herdenimmunität haben im Jahr 2016 wieder zu Ausbrüchen geführt. Die Inzidenz bei Kindern unter 12 Monaten zeigt, 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 Altersgruppen ist die Impfung der Jugendlichen und Erwachsenen von Bedeutung.

Die Notwendigkeit der schnellstmöglichen Nachholimpfung bei Kindern und Jugendlichen und der Impfung junger Erwachsener entsprechend den Impfeempfehlungen der STIKO ist weiterhin dringend geboten.

Literaturhinweise

- Razum O, Matysiak-Klose D, Kouros B: *Elimination von Masern und Röteln: Keine signifikante Verbesserung*. Dtsch Arztebl Int 2016; 113:A646–A651.
- 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.
- Santibanez S, Prosenc K, Lohr D, Pfaff G, Jordan O, Mankertz A: *Measles virus spread initiated at international mass gatherings in Europe, 2011*. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20891
- Poethko-Müller C, Mankertz A: *Durchimpfung und Prävalenz von IgG-Antikörpern gegen Masern bei Kindern und Jugendlichen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1243–1252.
- STIKO: *Fachliche Anwendungshinweise zur Masern-Postexpositionsprophylaxe 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: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2015*. Epid Bull 2017; 16:137–145.
- 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: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Kontaktmanagement bei einem Masernausbruch in einer Unterkunft für Asylsuchenden in Frankfurt am Main*. Epid Bull 2015; 47/48:506–509.
- RKI: *Pilotprojekt zur Schließung von Impfücken bei Schülern der 6. Klassenstufe und Lehrern im Landkreis Görlitz (Sachsen)*. Epid Bull 2015; 24:211–16.
- RKI: *Spezialangebot und Beratung, Nationales Referenzzentrum Masern, Mumps, Röteln*. Epid Bull 2015; 24:217.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2014). www.rki.de/ratgeber

6.33 Meningokokken, invasive Infektion



- Fälle nach Referenzdefinition 2016: 338
- Höchste Inzidenz bei Säuglingen und Kleinkindern, gefolgt von Jugendlichen
- 6 Häufungen mit jeweils 2 Fällen
- Leichter Anstieg der Fallzahl im Jahr 2016 vor allem durch starken Anstieg in Berlin und Fälle verursacht durch die Serogruppen C, W und Y

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 Meningokokken-Erkrankungen 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 am Robert Koch-Institut (STIKO) empfohlen. Ältere Kinder sollen nachgeimpft werden. Des Weiteren sind tetravalente Konjugatimpfstoffe gegen die Serogruppen A, C, W und Y sowie ein oberflächenproteinbasierter Impfstoff gegen Meningokokken der Serogruppe B für Personen mit erhöhtem Risiko für eine invasive Meningokokken-Erkrankung empfohlen.

Falldefinition

Seit dem Jahr 2015 erfüllt auch ein Fall ohne Labornachweis und ohne epidemiologischen Zusammenhang die Referenzdefinition, wenn das spezifische klinische Bild (Purpura fulminans, inkl. WFS) erfüllt ist (s. Tab. 6.33.1). Ebenso erfüllen seit 2015 alle labordiagnostisch nachgewiesenen Infektionen die Referenzdefinition, auch wenn das klinische Bild nicht erfüllt oder unbekannt ist (Fall-

Tab. 6.33.1:

Übermittelte Meningokokken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016.
Für 2015 zusätzlich differenziert nach Version der Falldefinition bei Erfassung

Kategorie	2015				2016			
			Falldefinition				Falldefinition	
	gesamt		vor 2015	2015	gesamt		vor 2015	2015
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anzahl
klinisch (A)	1	0%	0	1	5	1%	0	5
klinisch-epidemiologisch (B)	0	0%	0	0	3	1%	0	3
klinisch-labordiagnostisch (C)	285	98%	216	69	322	95%	81	241
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	2	1%	1	1	8	2%	1	7
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3	1%	3	0	1	0%	0	1
alle	291	100%	220	71	339	100%	82	257
Referenzdefinition	B+C, A+B+C+D+E		B+C	A+B+C+D+E	B+C, A+B+C+D+E		B+C	A+B+C+D+E
	287	99%	216	71	338	100%	81	257

definitions-kategorie D und E). Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 erfüllten 338 Fälle die Referenzdefinition, 18 % mehr als im Vorjahr. Wie in den meisten Vorjahren wurde ein Erkrankungsgipfel im I. Quartal beobachtet, in dem ein Drittel aller Fälle (33 %) des Jahres 2016 auftraten (s. Abb. 6.33.1). Auch von 2011 bis 2015 traten insgesamt 35 % aller Fälle im I. Quartal auf.

Geografische Verteilung

Die Inzidenz der invasiven Meningokokken-Infektionen in den Bundesländern lag zwischen 0,2 (Sachsen und Schleswig-Holstein) und 1,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner in Berlin (bundesweite Inzidenz: 0,4, wie auch im Median der 5 Vorjahre). Gegenüber dem Median der 5 Vorjahre stieg die Inzidenz in Berlin, Rheinland-Pfalz, Bremen, Mecklenburg-Vorpommern, Baden-Württemberg, dem Saarland, Sachsen-Anhalt, Hessen und Brandenburg an. Mit Ausnahme Berlins (Anstieg von 0,7 auf 1,1) waren die Inzidenzanstiege nur gering. In den anderen Bundesländern blieb

die Inzidenz auf dem Niveau der Vorjahre oder darunter (s. Abb. 6.33.2).

Von den 285 (85 %) Fällen mit Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland wurde bei 273 (96 %) ausschließlich Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland genannt. Bei 13 Fällen wurde ein anderes Land als wahrscheinliches Infektionsland angegeben: Jeweils einmal Belgien, Griechenland, Schweiz, Spanien, Türkei, Ungarn und Vereinigtes Königreich und jeweils 2-mal die Niederlande, Polen und Serbien. Bei 3 dieser Fälle kam Deutschland als zweites wahrscheinliches Infektionsland in Frage.

Demografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen traten in den ersten Lebensjahren auf, mit einem Gipfel bei Säuglingen. Wie in den Vorjahren bestand ein zweiter, kleinerer Gipfel in der Altersgruppe der 15- bis 19-Jährigen. Insgesamt unterschied sich die Inzidenz zwischen männlichem und weiblichem Geschlecht nicht (jeweils 0,4 Erkr./100.000 Einw.).

Nachgewiesene Erreger

Für 280 (83 %) der 338 übermittelten Meningokokken-Erkrankungen lagen Angaben zur Serogruppe

Abb. 6.33.1:
Übermittelte Meningokokken-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2011 bis 2016 (n=1.971)

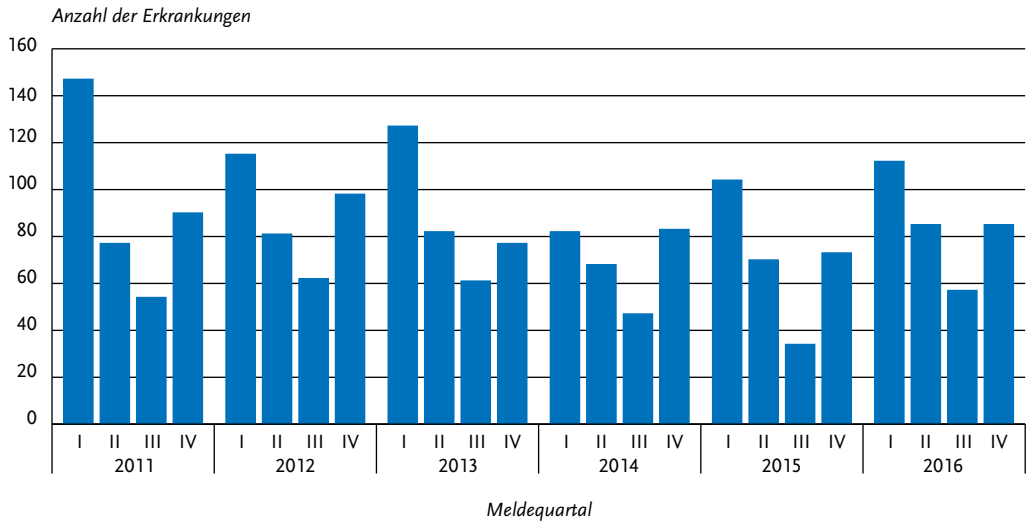


Abb. 6.33.2:
Übermittelte Meningokokken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=338) im Vergleich mit den Vorjahren

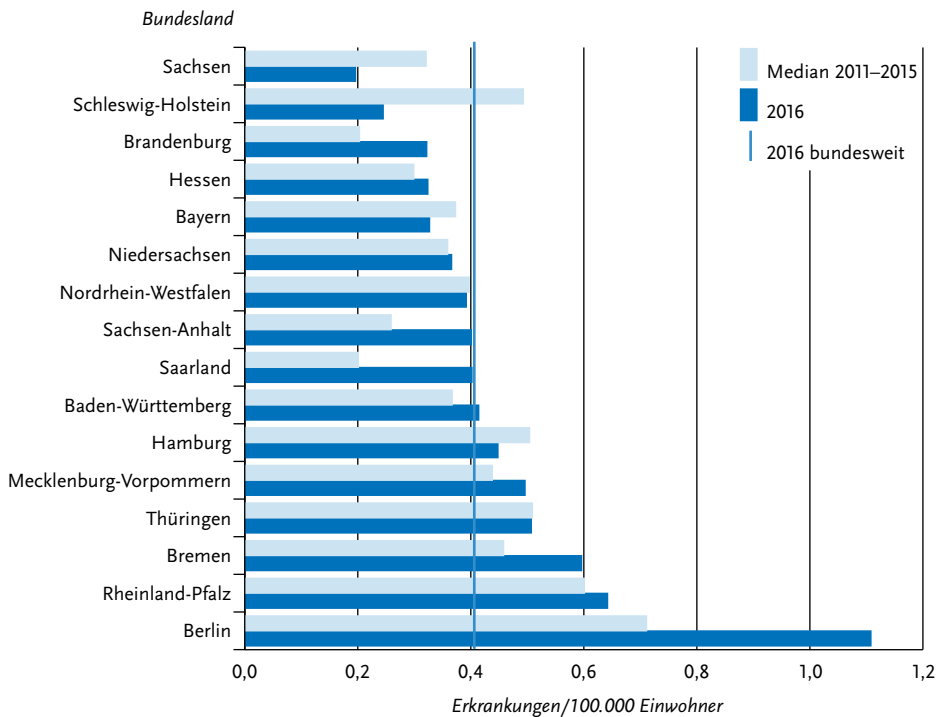
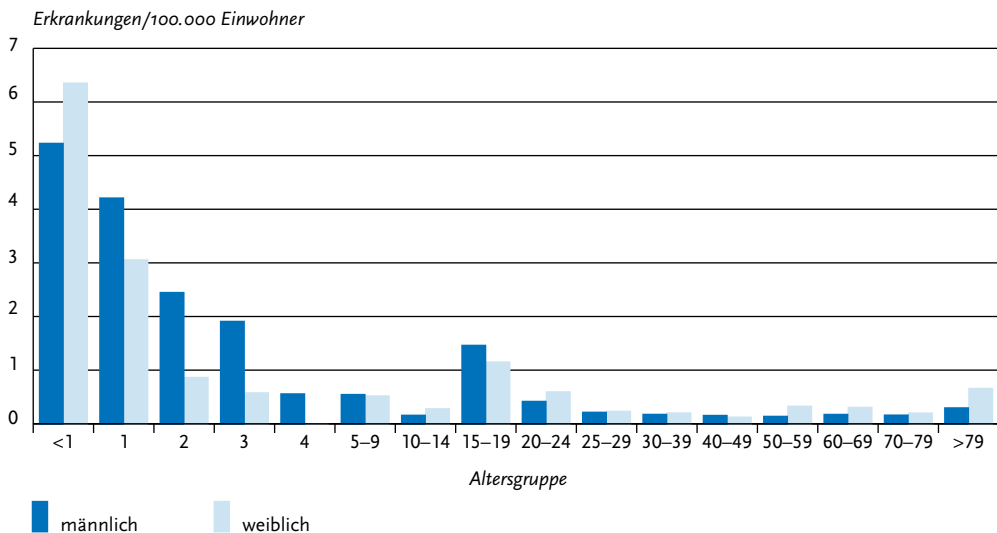


Abb. 6.33.3:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=338)



der Erreger vor (Vorjahr: 86 %). Abbildung 6.33.4 zeigt die Verteilung dieser Serogruppen. Serogruppe B, für die bis Ende 2013 kein Impfstoff verfügbar war, ist mit 162 Fällen (58 %) für die Mehrzahl der Fälle verantwortlich; gefolgt von der Serogruppe C mit 58 (21 %) Fällen. Im Vergleich zum Vorjahr nahm der Anteil der Fälle mit der Serogruppe B ab (von 72 %). Dagegen kam es zu einer Zunahme der Anteile der Fälle mit den Serogruppen C (von 16 % auf 21 %), Y (von 8,1 % auf 11 %) und W (von 3,6 % auf 9,3 %).

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 9-jährigen Kinder, bei denen seitdem hohe Impfquoten erzielt wurden. Von den 69 übermittelten Fällen in dieser Altersgruppe war bei 51 (74 %) die Serogruppe angegeben. Der Anteil der Serogruppe C lag bei 7,8 % (4 Fälle; Vorjahr: 9,4 %, 5 Fälle). Im Jahr 2006 hatte dieser Anteil noch bei 28 % gelegen. In dieser Altersgruppe nahm die Anzahl der Fälle mit Serogruppe B von 2006 (105 Fälle) bis 2016 (42 Fälle) um 60 % ab, während Fälle mit Serogruppe C im selben Zeitraum um 90 % (von 41 auf 4) zurückgingen. Zusammen mit

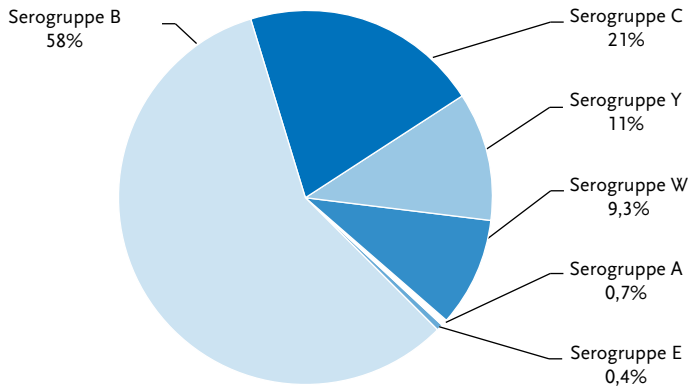
an anderer Stelle veröffentlichten Analysen, die ebenfalls einen stärkeren Rückgang der Meningokokken-C- als der Meningokokken-B-Erkrankungen bei jüngeren Kindern seit 2006 zeigen, sprechen diese Daten für eine hohe Wirksamkeit der Impfung.

Klinische Aspekte

Angaben zur Ausprägung der vornehmlichen Krankheitsmanifestationen Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und Sepsis wurden zu 278 (82 %) der 338 Fälle gemacht. Bei 202 Fällen (73 %) lag eine Meningitis bzw. Zeichen einer Meningitis und bei 158 (57 %) ein septisches Krankheitsbild vor, wobei 82 (29 %) Fälle sowohl eine Meningitis als auch ein septisches Krankheitsbild aufwiesen. Als besondere Ausprägungen des septischen Krankheitsbildes wurden das WFS bei 34 (12 %) Fällen und Purpura fulminans bei 15 (5 %) Fällen angegeben.

Insgesamt 24 Fälle mit invasiver Meningokokken-Infektion wurden als verstorben übermittelt, davon sind 21 an der gemeldeten Krankheit verstorben, 2 aufgrund anderer Ursache und einer mit unbekannter Ursache. Die Letalität lag somit bei 6 % (Vorjahr: 9 %). Die Letalität bei Fällen mit

Abb. 6.33.4:
Übermittelte invasive Meningokokken-Infektionen nach Serogruppen, Deutschland, 2016 (n=280)



Serogruppe B lag 2016 bei 5 % (2015: 11 %), und bei Fällen mit Serogruppe C bei 12 % (2015: 13 %). Im Jahr 2016 gab es auch Todesfälle bei Fällen mit der Serogruppe W (4 Todesfälle, Letalität 15 %) und Serogruppe Y (3 Todesfälle, Letalität 10 %).

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 ge-

nommen werden und wird von der Sächsischen Impfkommision in Sachsen für Kinder bis 17 Jahre empfohlen. Laut Fachinformation 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. Auffrischimpfungen werden bislang nicht empfohlen.

Von 279 übermittelten invasiven Meningokokken-Infektionen, für die eine der impfpräventablen Serogruppen nachgewiesen wurde, fehlte bei 59 Fällen (21 %) die Angabe zum Impfstatus (darunter 20 von 162 Fälle der Serogruppe B, 19 von 58 Fälle der Serogruppe C, 12 von 26 Fälle der Serogruppe W und 8 von 31 Fälle der Serogruppe Y). Auch bei 14 von 58 Fällen ohne Angabe der Serogruppe war der Impfstatus unklar. Von den 142 übermittelten Fällen der Serogruppe B mit Informationen zum Impfstatus wurde bei 13 eine Impfung angegeben; in 10 Fällen handelte es sich jedoch um eine Impfung gegen Serogruppe C und in 3 Fällen wurde die Art der Impfung nicht angegeben. Von den 39 Fällen der Serogruppe C mit Angabe zum Impfstatus hatte keiner eine Impfung gegen Meningokokken erhalten. Von den 14 Fällen der Serogruppe W mit Angabe zum Impfstatus, waren 2 Fälle geimpft, beide gegen Serogruppe C. Von den 23 Fällen der Serogruppe Y mit Angabe zum Impfstatus waren 3 Fälle geimpft, davon 2

gegen Serogruppe C und bei einem Fall wurde die Art der Impfung nicht angegeben.

Die Angabe der Serogruppe fehlte bei 6 Fällen, die gegen Serogruppe C geimpft worden waren. Soweit die Daten vorliegen, gab es im Jahr 2016 bei den Meningokokken-Fällen keinen Impfdurchbruch.

Ausbrüche

Im Jahr 2016 wurden 6 Häufungen mit jeweils 2 Fällen übermittelt.

Bei 4 Häufungen handelte es sich um Kinder bzw. Jugendliche im Alter von 2 bis 18 Jahren, die sich jeweils im Haushalt bei Geschwistern oder Cousins angesteckt hatten. Zwei der Häufungen wurden durch Serogruppe B verursacht, eine durch Serogruppe Y und bei der vierten Häufung wurde die Serogruppe nicht bestimmt.

Bei den anderen beiden Häufungen handelte es sich um 2 Kinder (3 und 5 Jahre, Serogruppe unbekannt), die die gleiche Kita besuchten und 2 junge Frauen (17 und 20 Jahre, Serogruppe B), die den gleichen Verein besuchten.

Der Erkrankungsbeginn zwischen den Fällen lag zwischen 2 Tagen und 10 Wochen. Bei 2 Häufungen bei Geschwistern lag der Erkrankungsabstand bei mehr als 4 Wochen; in beiden Fällen hatten die Geschwister nach der Erkrankung der Indexfälle nicht die empfohlene postexpositionelle Impfung gegen die verursachenden Serogruppen (B, Y) erhalten. Besonders tragisch war diesbezüglich, dass eine dieser Sekundärerkrankungen zum Tod des Patienten führte.

Datenqualität

Die Vollständigkeit der übermittelten Angaben zu Alter und Geschlecht war sehr hoch. Der Anteil der übermittelten Fälle mit Angaben zur Serogruppe lag jedoch bei nur 83 % – eine Verschlechterung gegenüber 86 % im Vorjahr. Ferner fehlten Angaben zum Impfstatus bei 21 % 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 dem neuen Impfstoff gegen Meningokokken der Serogruppe B, der Ende 2013 erstmalig verfügbar war. 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-Erkrankungen war im Jahr 2016 weitgehend vergleichbar mit der Inzidenz der letzten Jahre; nur in Berlin stieg die Inzidenz deutlich an und lag damit mit großem Abstand über der Inzidenz aller anderen Bundesländer. Seit Einführung der Impfung gegen Meningokokken der Serogruppe C für einjährige Kinder im Jahr 2006 zeigen die Daten vor allem bei der primären Impfzielgruppe der 1- bis 9-jährigen Kinder einen Rückgang der Erkrankungen durch die Serogruppe C, der zudem deutlich ausgeprägter ist als der Rückgang der Erkrankungen durch Serogruppe B. Im Jahr 2016 ist die Zahl der Erkrankungen durch die Serogruppen C, W und Y im Vergleich zu den Vorjahren angestiegen, allerdings auf niedrigem Niveau. Ähnliche und z.T. deutlichere Anstiege dieser Serogruppen wurden auch in anderen europäischen Ländern beobachtet.

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

- Taha MK, Claus H, Lappann M, et al.: *Evolutionary events associated with an outbreak of meningococcal disease in Men Who Have Sex with Men*. PLoS One 2016; 11:1–11.
- Hellenbrand W, Claus H, Schink S, Marcus U, Wichmann O, Vogel U: *Risk of invasive meningococcal disease in men*

- who have sex with men: lessons learned from an outbreak in Germany, 2012–2013. *PLoS One* 2016; 11:e0160126.
- Nationales Referenzzentrum für Meningokokken: *Daten des Nationalen Referenzzentrums für Meningokokken für das Jahr 2015*. www.meningococcus.uni-wuerzburg.de/startseite/berichte/daten_2015
- Koch J, Hellenbrand W, Schink S, et al.: *Evaluation of a temporary vaccination recommendation in response to an outbreak of invasive meningococcal serogroup C disease in men who have sex with men in Berlin, 2013–2014*. *Euro Surveill* 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21364
- 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.
- Marcus U, Vogel U, Schubert A, et al.: *A cluster of invasive meningococcal disease in young men who have sex with men in Berlin, October 2012 to May 2013*. *Euro Surveill* 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20523
- RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2015*. *Epid Bull* 2017; 16:137–145.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (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: *Stand der Bewertung des neuen Meningokokken-B-Impfstoffs Bexsero (Stand August 2014)*. *Epid Bull* 2014; 36:356–360.
- RKI: *Invasive Meningokokken-Erkrankungen, 2012–2015*. *Epid Bull* 2016; 43:471–484.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.34 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 2016 wurde keine Erkrankung an Milzbrand übermittelt. Im Jahr 2012 wurden 4 Erkrankungen an Milzbrand bei i. v.-Heroinkonsumenten übermittelt, wovon ein Patient verstarb. Diese 4 Erkrankungen, ebenso wie 2 Erkrankungen in Deutschland in den Jahren 2009/2010, standen im Zusammenhang mit einem europaweiten Ausbruchsgeschehen unter Heroingebrauchern. Vor 2009 war der letzte Fall von Milzbrand in Deutschland im Jahr 1994 bekannt geworden.

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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20877
- Grunow R, Verbeek L, Jacob D, et al.: *Injektionsmilzbrand – neu aufgetretene Fälle bei Heroinabhängigen*. *Dtsch Arztebl Int* 2012; 49:843–848.
- RKI: *Milzbrand bei Drogenkonsumenten*. Stand 14.02.2012. www.rki.de/DE/Content/InfAZ/A/Anthrax/aktuell.html
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2013). www.rki.de/ratgeber

6.35 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 3.136
- ▶ Seit 4 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.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.35.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 3.136 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, das waren 13 % weniger als im Vorjahr (3.602). Die Inzidenz in Deutschland betrug 3,8 Fälle pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz im Jahr 2016 ist im Vergleich zum Vorjahr (4,4) gesunken. Sinkende Fallzahlen sind seit 2012 zu beobachten.

Geografische Verteilung:

Die regionalen Inzidenzen lagen zwischen 1,4 (Baden-Württemberg) und 8,7 (Sachsen-Anhalt) Fällen/100.000 Einw. (s. Abb. 6.35.1). Die Gründe für die regionalen Unterschiede können durch die erhobenen Surveillance-Daten nicht geklärt werden.

Demografische Verteilung

Die Inzidenz übermittelter invasiver MRSA-Infektionen bleibt, Kinder in den ersten beiden Lebensjahren ausgenommen, auf einem sehr niedrigen Niveau konstant und steigt ab der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen mit zunehmendem Alter an. Die altersspezifische Inzidenz erreichte mit 20 Fällen/100.000 Einw. ihren Gipfel in der Altersgruppe der über 79-Jährigen. In der Altersgruppe der 70- bis 79-Jährigen lag sie bei 13. Insgesamt 84 % der Betroffenen waren 60 Jahre oder älter. In der Altersgruppe der unter 15-Jährigen wiesen Kinder

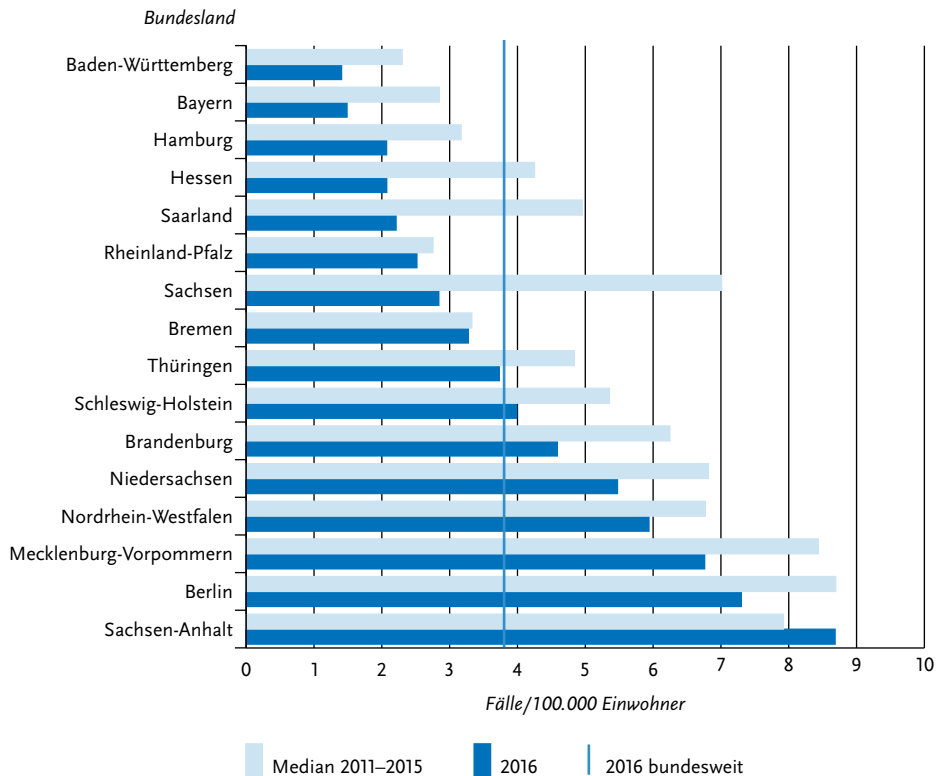
Tab. 6.35.1:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	3.227	90 %	2.790	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	153	4 %	145	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	222	6 %	201	6 %
alle	3.602	100 %	3.136	100 %
Referenzdefinition (C+D+E)	3.602	100 %	3.136	100 %

Abb. 6.35.1:

Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=3.136) im Vergleich mit den Vorjahren



im ersten Lebensjahr die höchste Inzidenz (2,3) auf (s. Abb. 6.35.2). Mit einer Inzidenz von 4,9 Fällen/100.000 Einw. waren Männer deutlich häufiger betroffen als Frauen (2,8).

Klinische Aspekte

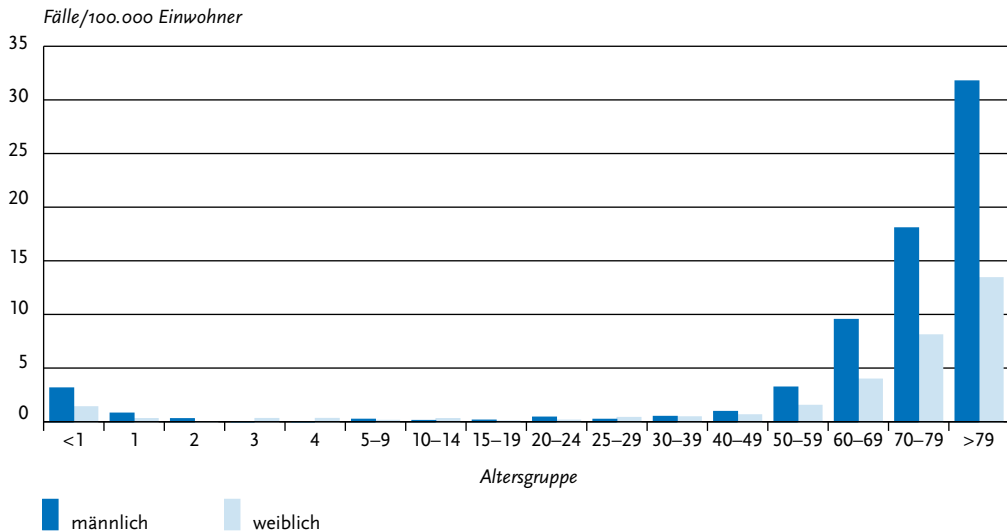
Für 3.066 (98 %) der 3.136 übermittelten invasiven MRSA-Infektionen lagen Angaben zum Nachweismaterial (Blut oder Liquor) vor. Die MRSA-Nachweise stammten zu 99 % aus Blutkulturen. Bei 35 (1,1 %) Patienten wurde MRSA im Liquor nachgewiesen, wobei 9 Fälle zusätzlich eine MRSA-Bakteriämie aufwiesen.

Zu 2.826 der übermittelten Fälle lagen klinische Angaben vor. Für 2.331 (82 %) der Fälle wurde ein septisches Krankheitsbild, bei 2.123 (75 %) Fäl-

len wurde Fieber angegeben. Als häufigster Risikofaktor bzw. Ursache einer MRSA-Bakteriämie wurde bei 29 % der Fälle mit klinischen Angaben eine MRSA-Infektion im Zusammenhang mit zentralvenösen Kathetern oder invasiven Zugängen anderer Art übermittelt, gefolgt von einer MRSA-Infektion der Haut und Weichteile (21 %) und von einer MRSA-Infektion des Respirationstrakts (18 %).

Es wurden 196 Todesfälle (6,4 % von 3.033 Patienten mit entsprechenden Angaben) berichtet, welche als direkte Folge einer 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.

Abb. 6.35.2:
Übermittelte Fälle von invasiven MRSA-Infektionen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=3.133)



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 weniger schwer verlaufenden Infektionen, die vor allem im ambulanten Bereich auftreten, nicht adäquat widerspiegelt wird.

Da der MRSA-Nachweis aus Blut und Liquor kein ausreichend sensitives Instrument für die Erkennung von MRSA-Ausbrüchen ist, wurde auf eine gesonderte Darstellung von MRSA-Ausbrüchen verzichtet.

Eine Untererfassung von MRSA-Fällen 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. Aber auch eine Überschätzung von MRSA-Infektionen muss in Betracht gezogen werden, da bei der Entnahme

von Blutkulturen Kontaminationen vorkommen können.

Fazit

Die Inzidenz der übermittelten MRSA-Infektionen ist im Jahr 2016 zum vierten Mal in Folge seit 2012 gesunken. 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 nicht-invasiver MRSA-Infektionen oder von MRSA im ambulanten Bereich wird nicht widerspiegelt. Ebenso können Gründe für die regionalen Unterschiede und zwischen den Geschlechtern durch die erhobenen Surveillance-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; 17:169.
- Becker K, Schaumburg F, Fegeler C, Friedrich AW, Kock R: *Staphylococcus aureus from the German general population is highly diverse. International journal of medical microbiology*. 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-Gesundheitsforsch-Gesundheitsschutz 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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=21306
- Eckmanns T, Richter D, Feig M: *MRSA und ESBL in der ambulanten Versorgung: Entwicklung in den Jahren 2008 bis 2012 sowie soziodemografische Unterschiede*. Berl Münch Tierärztl Wochenschr 2014; 127:399–402.
- RKI: *Regionale Verteilung des Anteils von MRSA und VRE bei nosokomialen Infektionen mit S. aureus und Enterokokken*. Epid Bull 2016; 22.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.36 Mumps



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 741
- ▶ Seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2013 werden jährlich zwischen 700 bis 840 Fälle übermittelt
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter unter 5 Jahren, für die die Impfempfehlung gilt
- ▶ Nahezu jeder 10. männliche Mumps-Fall mit Orchitis
- ▶ Bei den Mumps-Erkrankten ist der Anteil (15%) an Personen mit wahrscheinlichem Impfdurchbruch hoch
- ▶ Hoher Anteil an Fällen (10%), die die Referenzdefinition aufgrund fehlender 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 (Parotis) gekennzeichnet, aber es können auch andere Speicheldrüsen und die Bauchspeicheldrüse (Pankreatitis) 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 Infektionsschutzgesetz (IfSG) für Ärzte und Labo-

re eine bundesweite Meldepflicht für Mumps und den Nachweis von Mumpsvirus.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.36.1).

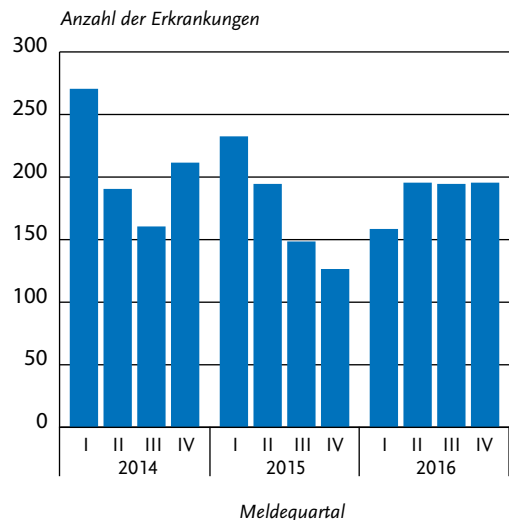
Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2016 wurden 741 Mumps-Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr (703 Erkrankungen) ist die Zahl der Erkrankungsfälle nach dem letztjährigen Rückgang um 5 % gestiegen. Die Zahl der übermittelten Mumps-Fälle blieb aber deutlich unter den bisherigen jährlichen Maximalwerten des Jahres 2014 mit 835 Fällen. Mumps-Erkrankungen traten das gesamte Jahr in vergleichbarer Häufigkeit auf: es wurden monatlich zwischen 44 bis 71 Erkrankungen übermittelt. Eine Bewertung über einen längeren Zeitraum ist nicht möglich, da die bundesweite Meldepflicht für Mumps erst im Frühjahr 2013 in Kraft getreten ist und Meldedaten nicht für das gesamte Jahr 2013 vorliegen.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,9 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die östlichen Bundesländer Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Thüringen und Sachsen-Anhalt, sowie Niedersachsen, das Saarland, Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz und Hamburg blieben

Abb. 6.36.1:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Meldequartal, Deutschland, 2014 bis 2016



mit ihren bundeslandspezifischen Inzidenzen unterhalb der bundesweiten Inzidenz. Die Inzidenzen von Schleswig-Holstein, Hessen, Bayern, Nordrhein-Westfalen, Bremen und Berlin, lagen in ansteigender Reihenfolge mit Werten darüber (s. Abb. 6.36.2). Besonders auffällig ist der Rückgang der Inzidenz in Hamburg, wo sich die Inzidenz der Mumps-Erkrankungen im Vergleich zum

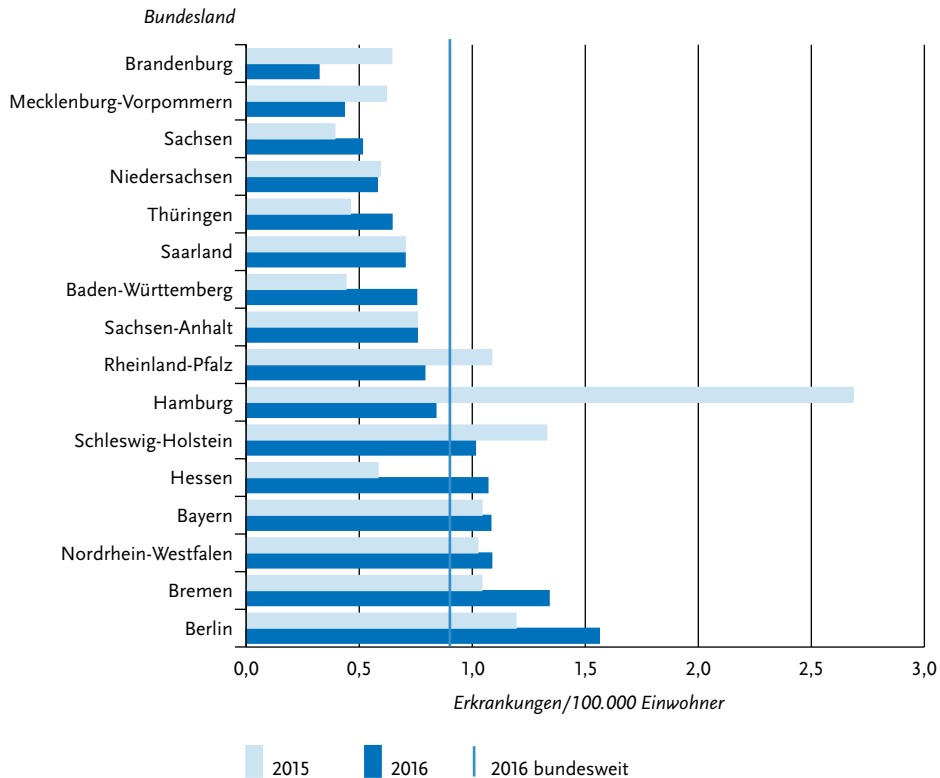
Tab. 6.36.1:

Übermittelte Mumps-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	227	26 %	262	29 %
klinisch-epidemiologisch (B)	52	6 %	14	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	424	49 %	465	51 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	53	6 %	76	8 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	116	13 %	90	10 %
alle	872	100 %	907	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	703	81 %	741	82 %

Abb. 6.36.2:

Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=741)



Vorjahr auf weniger als ein Drittel von 2,7 auf 0,8 reduziert hat. Der Ausbruch im Jahr 2015, der für die hohe Fallzahl bei den 5- bis 9-jährigen Kindern verantwortlich war, ist beendet. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 423 Erkrankungen vor (Mehrfachangaben möglich; insgesamt 424 Nennungen). Die Infektion wurde nach diesen Angaben mit 386 von 424 (91%) Nennungen überwiegend in Deutschland erworben.

Demografische Verteilung

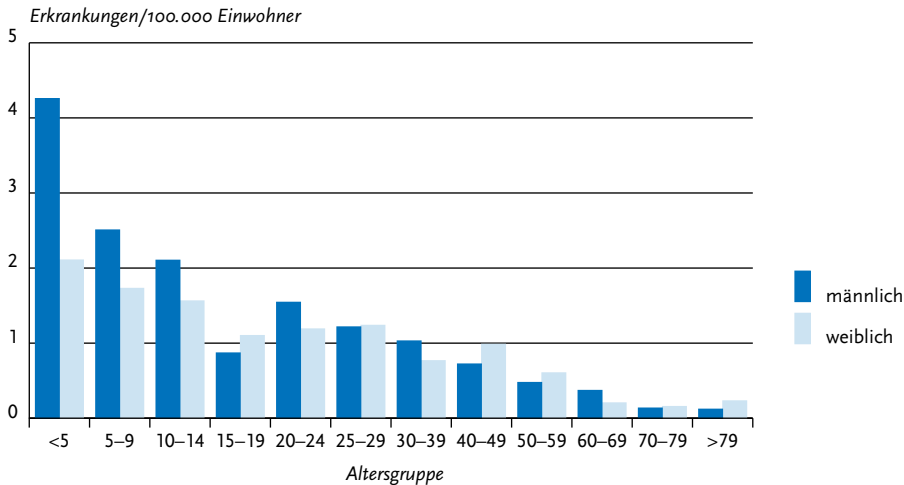
Mumps-Erkrankungen treten in jedem Alter auf. Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden bei den 0- bis 4-jährigen (3,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner) und bei den 5- bis 9-jährigen (2,2) verzeichnet. Die Inzidenz geht in den höheren Altersgruppen nahezu kontinuierlich zurück und betrug bei den Erwachsenen über 30 Jah-

ren fortlaufend ≤ 1 Erkr./100.000 Einw. Knapp zwei Drittel (65%) der Personen, für die eine Mumps-Erkrankung übermittelt wurde, waren 15 Jahre und älter. Mumps-Erkrankungen im Alter über 69 Jahre traten nur selten auf (s. Abb. 6.36.3). Geschlechtsspezifische Unterschiede in der Mumps-Inzidenz bestanden nur bei den Kindern unter 15 Jahren, wo die Inzidenz für die Jungen bei 3,0 und die für die Mädchen bei 1,8 lag. Ansonsten bestehen nur unwesentliche geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede in den einzelnen Altersgruppen; die Mumps-Inzidenz in Deutschland liegt bei Mädchen und Frauen etwa genauso hoch wie bei Jungen und Männern (0,8 und 1,0).

Klinische Aspekte

Für 739 an Mumps erkrankte Personen lagen Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Eine

Abb. 6.36.3:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=737)



typische Mumps-Symptomatik mit ein- oder doppelseitiger Speicheldrüsenschwellung, die das spezifische klinische Bild der Falldefinition erfüllt, wiesen 694 (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 238-mal (32 %), Orchitis 37-mal (9 % der Jungen und Männer), Hörverlust 14-mal (2 %), Pankreatitis 13-mal (2 %), Meningitis 10-mal (1 %), Enzephalitis 8-mal (1 %), Oophoritis 4-mal (1 % der Frauen).

Im Jahr 2016 wurde kein Mumps-assoziiertes Todesfall übermittelt.

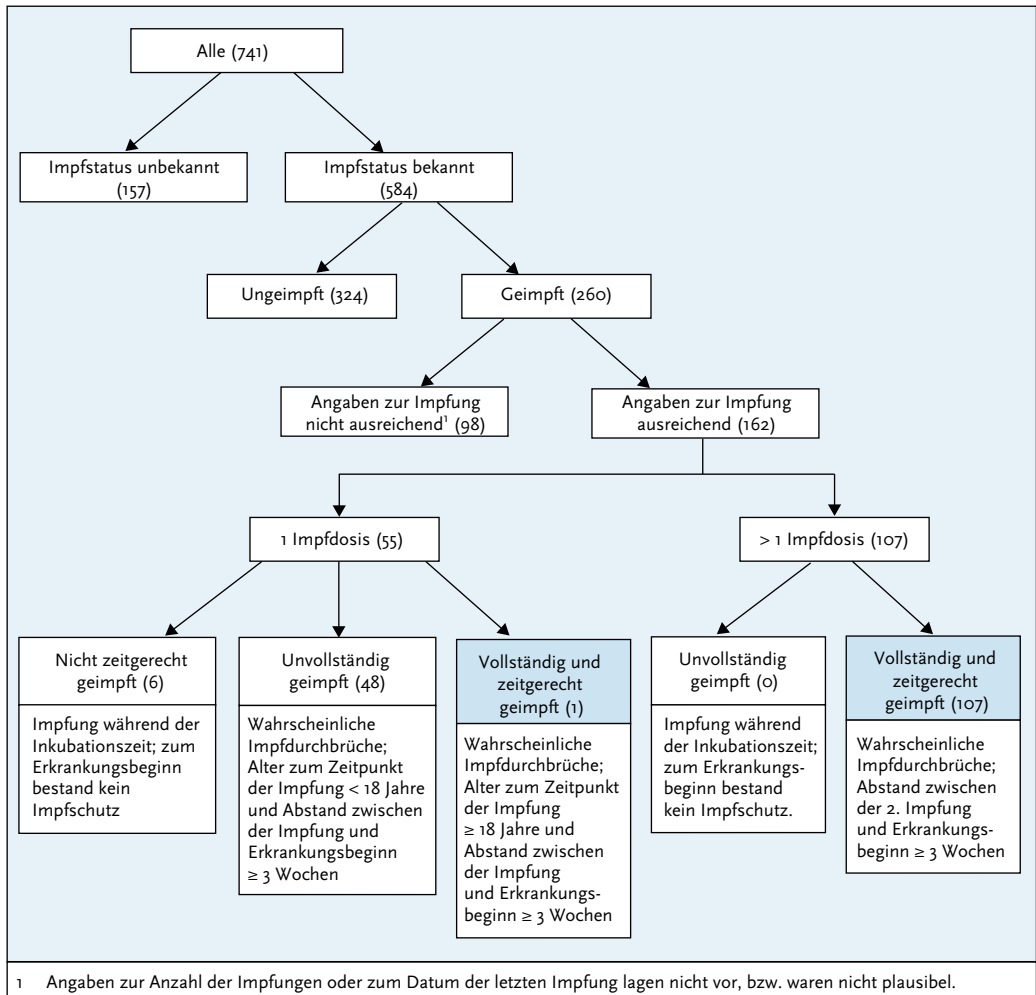
Impfstatus

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 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 741 gemeldeten Mumps-Erkrankten wurden 260 als geimpft und 324 als ungeimpft übermittelt; bei 157 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.36.4). Bei 162 der 260 geimpften Fälle lagen ausreichende und plausible Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor. 55 Erkrankte wurden einmal geimpft, 107 Erkrankte mehr als einmal. Bei 6 der 55 einmalig Geimpften wurde die Impfung in einem zeitlichen Zusammenhang mit der Erkrankung (innerhalb von 21 Tagen) verabreicht, was für eine postexpositionelle Impfung im Rahmen der Kontrollmaßnahmen zur Verhinderung von weiteren Fällen spricht. 48 Patienten waren zum Zeitpunkt der einmaligen Impfung, die mehr als 21 Tage, überwiegend schon viele Jahre zurücklag, jünger als 18 Jahre und gelten daher als unvollständig geimpft. Nach den Angaben zum Impfstatus war eine der einmalig Geimpften und 107 der 2-mal oder mehr geimpften Fälle vollständig und zeitgerecht geimpft worden, sodass in diesen Fällen von wahrscheinlichen Impfdurchbrüchen ausgegangen werden muss. Auch von den 107 2-mal Geimpften waren die meisten (n=84; 79 %) zum Zeitpunkt der Impfung unter 18 Jahre alt. Im Mittel lag die letzte Impfung etwa 8,4 Jahre zurück (Median: 5 Jahre).

Abb. 6.36.4:
Übermittelte Mumps-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=741)



Ausbrüche

Es wurden 16 Ausbrüche mit insgesamt 46 Fällen übermittelt, was etwa 6 % der übermittelten Mumps-Erkrankungen entspricht. Die Mehrzahl der Ausbrüche (15 von 16) wurde mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen übermittelt. Unter den Ausbrüchen mit ≥ 5 Fällen war ein Ausbruch mit 12 Fällen. Bei diesem handelte es sich um einen Ausbruch, der sich im Sommer 2016 ereignete und bei dem die Erkrankten eine gemeinsame Ex-

position in einem Restaurant in Bayern hatten. Von den insgesamt 11 Fällen waren 9 nicht geimpft.

Datenqualität

Da die Mumps-Erkrankung in den meisten Fällen mit einer typischen Symptomatik einhergeht, ist der große Anteil (18 %) von Fällen verwunderlich, die labordiagnostisch bestätigt sind, aber wegen nicht erfülltem (Falldefinitions-kategorie D; 8 %)

oder unbekanntem (Falldefinitions-kategorie E; 10 %) 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. Weiterhin scheint es möglich, dass ein Teil der Gesundheitsämter noch nicht nach den Falldefinitionen der 2013 neu eingeführten bundesweiten Meldepflicht für Mumps, die neben der Parotitis noch andere Symptome (Fieber, Orchitis, Parotitis etc.) beinhaltet, übermitteln konnten, da die Software eventuell noch nicht aktualisiert wurde.

Ferner fällt auf, dass der Anteil an Fällen, die Ausbrüchen zugeordnet werden können, mit 6 % 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 741 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 (15 %) an wahrscheinlichen Impfdurchbrüchen bei den an Mumps Erkrankten. Dieser Sachverhalt muss weiter untersucht werden, um zu klären, welche Faktoren für den nicht zureichenden Schutz nach kompletter 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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20557

RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34: 301–340.

RKI: *Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2014*. Epid Bull 2016; 16:129–134
RKI-Ratgeber für Ärzte (2014). www.rki.de/ratgeber

6.37 Norovirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 84.575
- ▶ Häufigste meldepflichtige Infektionskrankheit
- ▶ Ausgeprägte Saisonalität mit den höchsten Fallzahlen in den Wintermonaten
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren mit 595 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

Kurzbeschreibung

Noroviren gehören zur Gruppe der Caliciviren. 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 vor allem 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. 6.37.1).

Übermittelte Norovirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-labordiagnostisch (C)	89.118	86 %	84.575	86 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	3.342	3 %	1.876	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	10.729	10 %	11.993	12 %
alle	103.189	100 %	98.444	100 %
Referenzdefinition (C)	89.118	86 %	84.575	86 %

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden dem RKI 84.575 Norovirus-Gastroenteritiden übermittelt, entsprechend einer bundesweiten Inzidenz von 103 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Damit sank die Gesamtinzidenz im Vergleich zum Vorjahr und liegt weiterhin unter dem Median der letzten 5 Jahre (111 Erkr./100.000 Einw.).

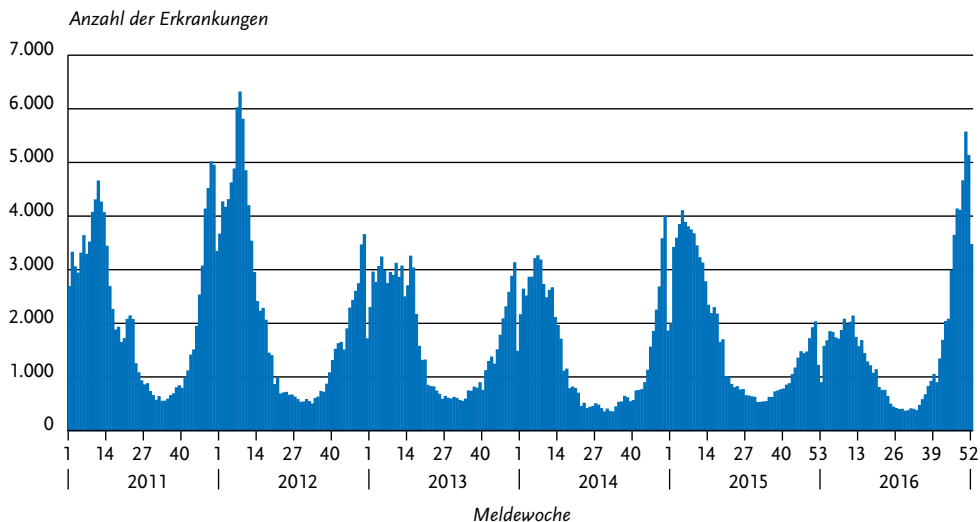
Das Maximum der Saison 2015/2016 lag in der 11. Meldewoche 2016, in der 2.133 Erkrankungen übermittelt wurden. Das vorläufige Maximum der Saison 2016/2017 lag bis zum Jahresende 2016

mit 5.564 Erkrankungen in der 50. Meldewoche 2016 (s. Abb. 6.37.I).

Geografische Verteilung

Die höchsten Inzidenzen wurden, wie in den vergangenen Jahren, in den östlichen Flächenbundesländern Mecklenburg-Vorpommern (252 Erkr./100.000 Einw.), Sachsen-Anhalt (234), Thüringen (220), Sachsen (216) und Brandenburg (183) registriert. Auch Hamburg (137), das Saarland (125), Rheinland-Pfalz (108) und Berlin (108) lagen über dem bundesweiten Durchschnitt von 103 Erkr./

Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2011 bis 2016



100.000 Einw. In Baden-Württemberg (56), Hessen (62) und Bayern (71) dagegen liegen die Inzidenzen seit Jahren unter dem jeweiligen bundesweiten Durchschnitt. In diesen Bundesländern spiegelt sich wahrscheinlich, wie in den Vorjahren, ein regional unterschiedliches Diagnose- und Meldeverhalten wider (s. Abb. 6.37.2).

Bei 50.891 der übermittelten Erkrankungen wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland erhoben. Dabei entfielen 99 % der Nennungen auf Deutschland.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen wurden, wie in den Vorjahren, bei Kindern unter 5 Jahren (595 Erkr./100.000 Einw.) sowie bei über 79-Jährigen (289) verzeichnet (s. Abb. 6.37.3). Wäh-

rend bei Kindern Jungen höhere Inzidenzen aufwiesen, 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 (111), wie bereits in den Vorjahren, höher als bei Männern (94).

Klinische Aspekte

Als krankheitsbedingt verstorben wurden 22 Norovirus-Erkrankungen übermittelt. Die Letalität der Norovirus-Gastroenteritis betrug damit 0,03 %.

Ausbrüche

Im Gegensatz zu anderen Übermittlungskategorien werden dem RKI die klinisch-epidemiologisch bestätigten Norovirus-Gastroenteritiden nicht

Abb. 6.37.2:
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=84.564) im Vergleich mit den Vorjahren

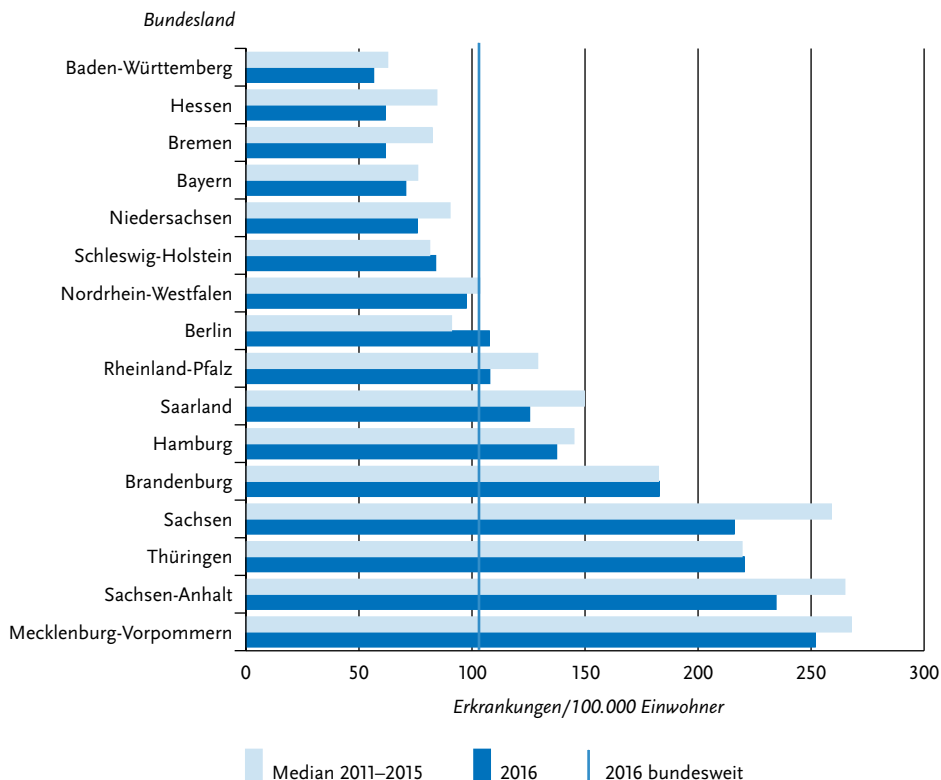
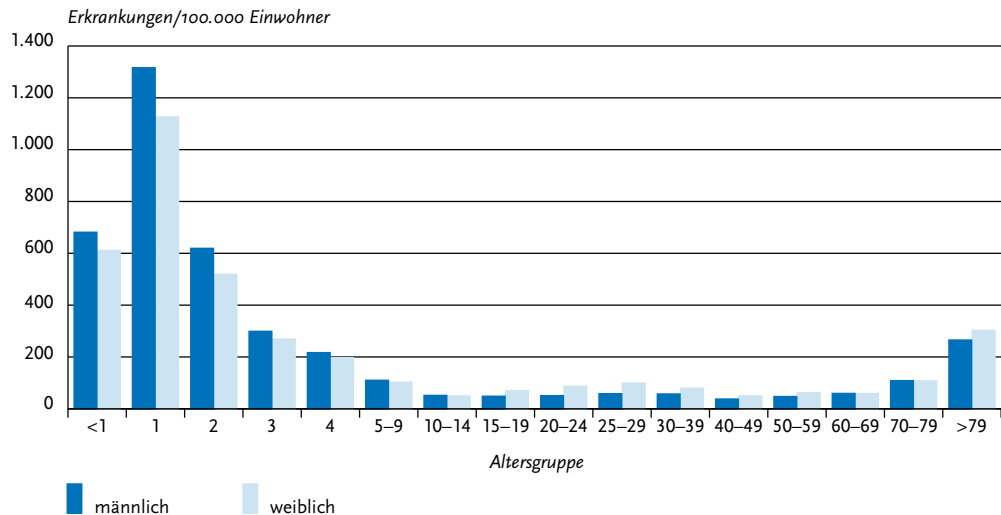


Abb. 6.37.3
Übermittelte Norovirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=84.214)



übermittelt. Deshalb wird hier auf eine Unterscheidung der Ausbrüche nach Größe verzichtet (s. Datenqualität).

Insgesamt wurden 17.152 (20 %) Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt. Die Anzahl der im Berichtsjahr übermittelten Ausbrüche war mit 3.866 niedriger als im Vorjahr (3.985) und weiterhin seit 2013 auf einem niedrigeren Niveau als in den Jahren 2007 bis 2012.

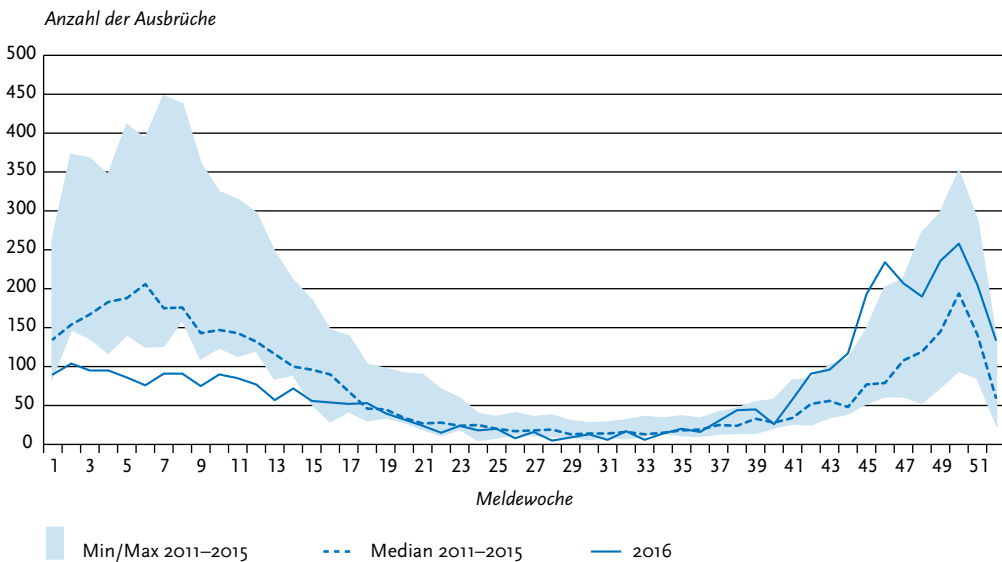
Die höchste wöchentliche Anzahl an Ausbrüchen in der Saison 2015/2016 wurde in der 2. Meldewoche 2016 übermittelt (104). Die vorläufig höchste wöchentliche Zahl an Ausbrüchen in der Saison 2016/2017 lag bis zum Jahresende 2016 mit 258 Ausbrüchen in der 50. Meldewoche 2016 (s. Abb. 6.37.4).

Für 75 % (2.914) aller übermittelten Ausbrüche lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Von diesen betraf ein Großteil Krankenhäuser (28 %), Alten- und Pflegeheime (21 %), Kinderbetreuungseinrichtungen (21 %) sowie private Haushalte (12 %).

Bei der Genotypisierung der am Konsiliarlabor für Noroviren untersuchten Ausbrüche des Jahres 2016 wurden in 24 % Viren der Genogruppe GII als auslösendes Agens identifiziert. Viren der Genogruppe GI waren insgesamt für 6 %, rekombinante Viren hingegen für 70 % aller charakterisierten Ausbrüche verantwortlich. Damit ist die Anzahl an rekombinanten Noroviren im Vergleich zum letzten Jahr von 35 % auf 70 % gestiegen.

Der 2015 erstmalig in Deutschland detektierte Genotyp GII.17 zirkuliert weiterhin und wurde in 17 % aller Ausbrüche identifiziert. Die seit 2013 dominante Rekombinante aus GII.Pe und GII.4 2012 Sydney wurde lediglich in 11 % der Ausbrüche nachgewiesen. Die ebenfalls seit 2012 zirkulierende Rekombinante aus der Variante GII.P4 2009 New Orleans und GII.4 2012 Sydney wurde bei 9 % der Ausbrüche im Jahr 2016 ermittelt. Seit dem saisonbedingten Anstieg der Norovirus-Infektionen im September 2016 wurden 2 neue rekombinante Viren im Konsiliarlabor für Noroviren charakterisiert, welche zum ersten Mal in Deutschland detektiert wurden und sich mit Beginn der Norovirus-Saison sehr stark ausbreiteten. Diese Rekombinanten (GII.P16-GII.2 und GII.P16-GII.4 2012 Sydney) waren für 28 % bzw. 12 % aller Norovirus-assoziierten Ausbrüche im Jahr 2016 verantwortlich. Diese starken Veränderungen innerhalb der Population der zirkulierenden Noroviren betreffen auch Diagnostiklabore, da die entsprechenden Nachweissysteme überprüft und gegebenenfalls auf die neuen Virusvarianten angepasst werden müssen.

Abb. 6.37.4
Übermittelte Ausbrüche von Norovirus-Gastroenteritiden nach Meldebeginn, Deutschland, 2016 (n=3.866) im Vergleich mit den Vorjahren



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 tatsächlich aufgetretenen 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 Ausbruchsetting unterschiedlich hoch.

Da klinisch-epidemiologisch bestätigte Erkrankungen definitionsbedingt besonders 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 Ausbruchgröße (nur noch die klinisch-labordiag-

nostisch bestätigten Erkrankungen dieser Ausbrüche werden gezählt).

Fazit

Die Norovirus-Gastroenteritis ist, auch nach Einschränkung auf die klinisch-laborbestätigten Fälle, weiterhin die Krankheit mit den meisten jährlich an das RKI übermittelten Erkrankungsfällen. Die Zahl der übermittelten Erkrankungen war 2016 allerdings 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, 2012*. *Euro Surveill* 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22698

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-Weizsach, 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 für Ärzte (2008). www.rki.de/ratgeber

6.38 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.

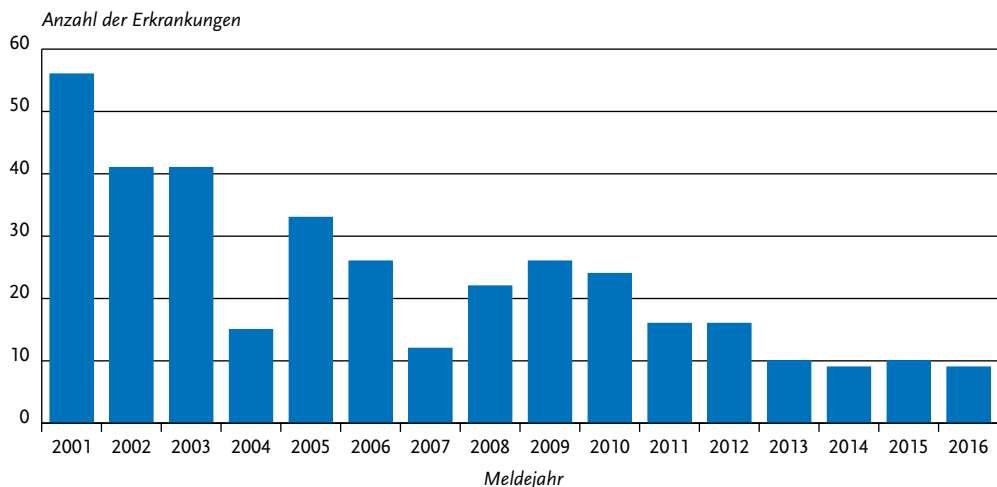
Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden 9 Ornithosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Damit liegt die Fallzahl auf ähnlich niedrigem Niveau wie in den 3 Vorjahren.

Aus Brandenburg und Hessen wurden je 2 Erkrankungen übermittelt und aus Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, Sachsen und Thüringen jeweils eine Erkrankung. Für 8 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben. Für eine Erkrankung lagen diesbezügliche Angaben nicht vor. Die erkrankten Personen waren zwischen 29 und 80 Jahre alt (Median: 73 Jahre). Alle 9 Erkrankten waren männlich. 7 Erkrankte wurden hospitalisiert, bei einem Erkrankten erfolgte keine Hospitalisierung und bei einem weiteren Erkrankten lagen hierzu keine Angaben vor. Ein Patient ist krankheitsbedingt verstorben.

Ein Kontakt zu potenziell infizierten Vögeln oder ihren Ausscheidungen war bei 8 Erkrankungen angegeben. 4 Personen hatten eine Taubenhaltung oder Taubenzucht, eine Person war Ziervogel-

Abb. 6.38.1:
Übermittelte Ornithosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



halter (Zwergpapageien), eine Person hatte Kontakt zu Nistkästen von Wildvögeln und bei 2 Personen erfolgten keine detaillierten Angaben zum Vogelkontakt.

Literaturhinweise

- Knittler MR, Sachse K: *Chlamydia psittaci*: Update on an underestimated zoonotic agent. Pathog Dis 2015; 73:1–15.
- Wallensten A, Fredlund H, Runeheggen A: Multiple human-to-human transmission from a severe case of psittacosis, Sweden, January–February 2013. Euro Surveill 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20937
- International Committee on Systematics of Prokaryotes Subcommittee on the taxonomy of the Chlamydiae: Minutes of the inaugural closed meeting, 21 March 2009, Little Rock, AR, USA. Int J Syst Evol Microbiol 2010; 60:2691–2693.
- Rohde G, Straube E, Essig A, Reinhold P, Sachse K: Chlamydial zoonoses. Dtsch Arztebl Int 2010; 107:174–180.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2010). www.rki.de/ratgeber

6.39 Paratyphus

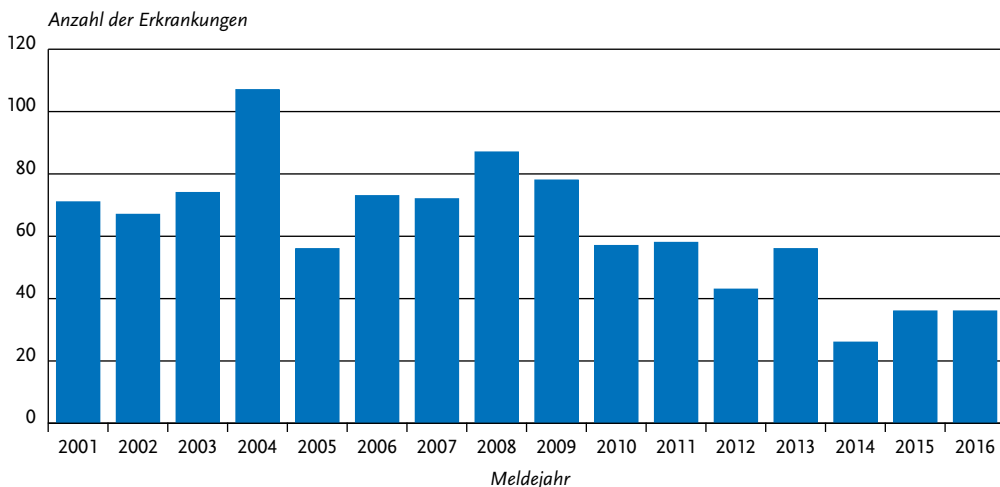
Kurzbeschreibung

Paratyphus wird durch die Serovare Paratyphi A, B und C des Bakteriums *Salmonella enterica* verursacht. Das Serovar Paratyphi B ist weltweit verbreitet, während die Serovare Paratyphi A und Paratyphi C hauptsächlich in wärmeren Ländern heimisch sind. Erkrankungen durch Infektion mit dem enteritischen Pathovar von *S. Paratyphi B*, vormals *S. Java*, die bis 2005 noch als Paratyphus-Infektionen zu werten waren, werden gemäß Falldefinition in der Kategorie der Salmonellosen übermittelt. Hauptansteckungsquelle ist 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

Ebenso wie im Jahr 2015 wurden im Jahr 2016 36 Fälle gemäß Referenzdefinition übermittelt, der zweitniedrigste Wert seit 2001 (s. Abb. 6.39.1). Die Inzidenz von Paratyphus ist in den vergangenen Jahrzehnten in Deutschland insgesamt deutlich

Abb. 6.39.1:
Übermittelte Paratyphus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



zurückgegangen: Wurden im Jahr 1951 noch 10 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner erfasst, so lag die Inzidenz im Jahr 2016 wie in den Vorjahren unter 0,1.

Nicht in allen Bundesländern wurden Erkrankungen registriert. Die meisten Erkrankungen wurden 2016 aus Bayern (8 Fälle), Nordrhein-Westfalen (5) und Berlin (4) übermittelt. Die Mehrzahl der Fälle war reiseassoziiert. Für 36 Erkrankungen lagen insgesamt 39 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland (Mehrfachnennungen möglich) vor; 90 % der Nennungen betrafen ausländische Infektionsländer. Am häufigsten wurde Indien (15 Nennungen) angegeben, gefolgt von Deutschland (4), Thailand (3) sowie Irak, Myanmar und Peru (2). Es ist nicht geklärt, ob es sich bei den 4 Erkrankungen mit Infektionsland Deutschland um sekundäre Infektionen, in Folge importierter Erkrankungen handelt. Für eine dieser Erkrankungen wurde jedoch der Verzehr einer aus Kamerun mitgebrachten Süßspeise als Infektionsquelle erwähnt.

Es waren 19 (53 %) Jungen und Männer betroffen und 58 % der Erkrankungen traten in der Altersgruppe der 20- bis 39-Jährigen auf.

Bei allen 36 Erkrankungen wurde ein Serotyp übermittelt. Die Serotypen verteilen sich zu 64 % auf *S. Paratyphi A*, 33 % *S. Paratyphi B* und 3 % auf *S. Paratyphi C*; dreimal wurde nicht weiter differenziert und nur *S. Paratyphi* angegeben. Auch 2016 wurde Serotyp A fast ausschließlich aus Asien importiert. Bei den 4 Erkrankungen ohne Reiseanamnese (Infektionsland Deutschland) waren 2 dem Serotyp A und je einer den Serotypen B bzw. C zuzuordnen.

Todesfälle aufgrund einer Paratyphus-Erkrankung wurden 2016 nicht übermittelt. Bei 2 Erkrankungen wurde eine gemeinsame Exposition – eine Rundreise durch Indien – übermittelt.

Literaturhinweise

Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten* 2015. *Epid Bull* 2016; 39: 431–441.
RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.40 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 potentiell schnellen Ausbreitung von Mensch zu Mensch.

Situation in Deutschland

In den letzten Jahrzehnten sind keine Pest-Fälle in Deutschland aufgetreten.

Literaturhinweis

Riehm JM, Löscher T: *Pest und Lungenpest*. Bundesgesundheitsbl 2015; 58:721–729.

6.41 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 2016 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

- 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.
- RKI: Weltpoliotag 2016: Die WHO hoffte in diesem Jahr die Poliomyelitis besiegen zu können. Epid Bull 2016; 42:465–466.
- RKI: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- 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 für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.42 Q-Fieber



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 275
- ▶ Im Vergleich zum Vorjahr ist die Anzahl der Erkrankungen um 15 % gesunken
- ▶ Höchste Inzidenz in Baden-Württemberg
- ▶ Höchste Inzidenz bei Männern in der Altersgruppe der 50- bis 59-Jährigen
- ▶ 9 Ausbrüche mit je 2 bis 87 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 erregerbelaasteten 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 Krankheitsschwere gefürchtet.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.42.1).

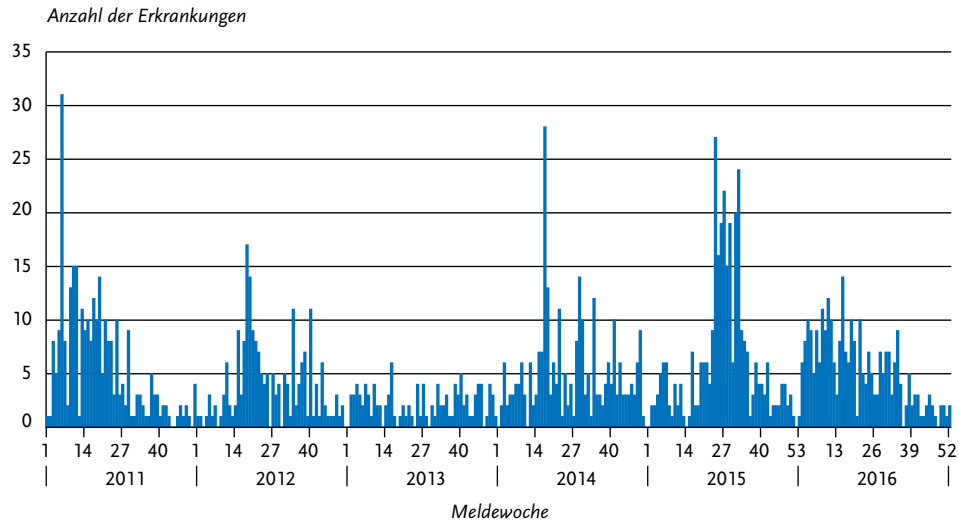
Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 275 Q-Fieber-Erkrankungen gemäß Referenzdefinition übermittelt (0,3 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner). Davon entfielen etwa 70 % auf die erste Jahreshälfte (s. Abb. 6.42.1). Im Vergleich zum Vorjahr (322) ist die Anzahl der übermittelten Erkrankungen um 15 % gesunken.

Tab. 6.42.1:
Übermittelte Q-Fieber-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	12	3 %	5	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	310	86 %	270	86 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	12	3 %	13	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	28	8 %	25	8 %
alle	362	100 %	313	100 %
Referenzdefinition (B+C)	322	89 %	275	88 %

Abb. 6.42.1:
Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2011 bis 2016 (n=1.459)



Geografische Verteilung

Mit Ausnahme von Bremen sind aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt worden. Inzidenzen oberhalb der bundesweiten Inzidenz wurden dabei in Baden-Württemberg (1,4 Erkr./100.000 Einw.), Mecklenburg-Vorpommern (0,4) und Rheinland-Pfalz (0,4) verzeichnet.

Für 224 der übermittelten Q-Fieber-Erkrankungen (81%) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland genannt (insgesamt 228 Nennungen). Bei 189 Erkrankungen (83%) wurde als wahrscheinliches Infektionsland Deutschland angegeben. Daneben wurden der Kosovo (14-mal), die Türkei (6-mal), Serbien, Spanien, Thailand, Österreich und Afghanistan (je 2-mal) sowie 9 weitere Länder (je einmal) als wahrscheinliche Infektionsländer genannt.

Demografische Verteilung

Die höchsten altersspezifischen Inzidenzen waren bei den 50- bis 59-Jährigen (0,6 Erkr./100.000 Einw.) und bei den 25- bis 29-Jährigen (0,5) zu verzeichnen. Bei den unter 15-Jährigen wurden insgesamt 6 Erkrankungen übermittelt (0,06).

Wie in den Vorjahren war die Inzidenz in der männlichen Bevölkerung (0,4 Erkr./100.000

Einw.) höher als in der weiblichen (0,3) (s. Abb. 6.42.2).

Klinische Aspekte

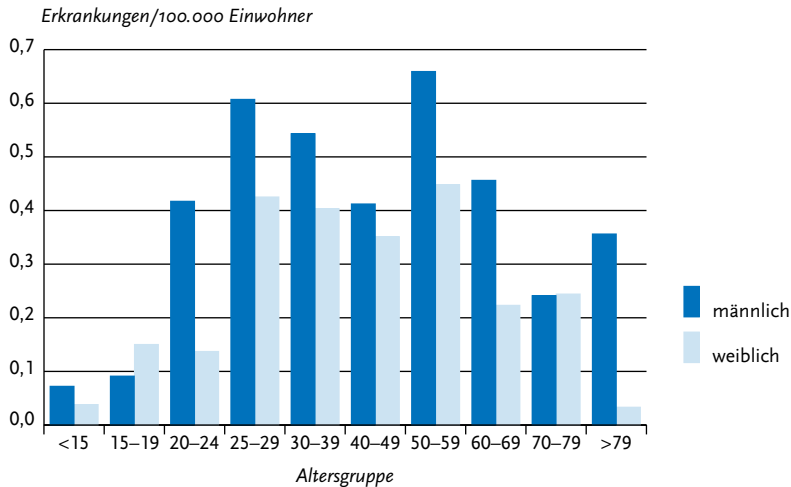
Für alle 275 Q-Fieber-Erkrankungen wurde mindestens ein Symptom genannt (insgesamt 626 Nennungen). Am häufigsten waren dies allgemeine Krankheitszeichen (bei 91% aller Erkrankungen) und Fieber (bei 84% aller Erkrankungen). Bei 68 Erkrankungen (25%) wurde eine Lungenentzündung und bei 44 Erkrankungen (16%) eine atypische Lungenentzündung übermittelt. Es wurde kein Todesfall im Zusammenhang mit Q-Fieber übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 9 Ausbrüche mit 2 bis 87 Erkrankungen übermittelt. Bei den 3 größten Ausbrüchen handelte es sich um einen Ausbruch in Baden-Württemberg (87 Erkrankungen im Landkreis Esslingen in Zusammenhang mit mehreren infizierten Schafherden), einen Ausbruch in Nordrhein-Westfalen (15 Erkrankungen in 3 Landkreisen in Zusammenhang mit infizierten Nutztieren) und einen Ausbruch bei 17 Soldaten der Bundeswehr aus 9 Bundesländern, welche sich in Prizren

Abb. 6.42.2:

Übermittelte Q-Fieber-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=275)



(Kosovo) bei einer Herde mit ablamenden Schafen, die auf einer Wiese gegenüber dem Zeltlager der Bundeswehr geweidet hatte, infiziert hatten.

Der Anteil der Q-Fieber-Erkrankungen, die 2016 im Rahmen von Ausbrüchen übermittelt wurden, war mit 54 % (148/275) etwa so groß wie im Vorjahr (51 %).

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. <http://dx.doi.org/10.3201/eid2307.161693>
- Georgiev M, Afonso A, Neubauer H, et al.: *Q fever in humans and farm animals in four European countries, 1982 to 2010*. Euro Surveill 2013. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20407
- Bernard H, Brockmann SO, Kleinkauf N, et al.: *High seroprevalence of Coxiella burnetii antibodies in veterinarians associated with cattle obstetrics, Bavaria, 2009*. Vector Borne Zoonotic Dis 2012; 12:552–557.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2012). www.rki.de/ratgeber

6.43 Rotavirus-Gastroenteritis



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **22.727**
- ▶ Zahl der Erkrankungen 2016 auf niedrigstem Niveau seit Einführung der Meldepflicht und im Vergleich zum Vorjahr um 32 % zurückgegangen
- ▶ Rückläufiger Trend seit 2008 auf steigende Inanspruchnahme der Rotavirus-Impfstoffe im Säuglingsalter zurückzuführen
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen über 79 Jahren
- ▶ **789** Ausbrüche mit 6.042 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. Hauptan-

steckungsquelle ist der Mensch. Rotavirus-Lebendimpfstoffe für Säuglinge sind seit 2006 in Europa verfügbar. Die Ständige Impfkommission (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. 6.43.1).

Zeitlicher Verlauf

Die Rotavirus-Gastroenteritis war 2016 die dritthäufigste meldepflichtige Durchfallerkrankung nach der Norovirus-Gastroenteritis und der *Campylobacter*-Enteritis. Allerdings hat sich der rückläufige Trend, der 2008 begann, weiter fortgesetzt. Die Zahl der Erkrankungen (22.727) reduzierte sich im Vergleich zum Vorjahr (33.205) deutlich (um 32 %) und erreichte das niedrigste Niveau, das seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2001 gemessen wurde. Der saisonale Gipfel lag im Jahr 2016, wie bereits im Vorjahr, im April. In diesem Monat wurden wöchentlich bis zu 1.037 Erkrankungen übermittelt. Das zwischensaisonale Tief, mit überwiegend weniger als 200 übermittelten Erkrankungen wöchentlich, begann in der 28. Meldewoche. Nach der 46. Meldewoche zeichnete sich der Beginn der nächsten Rotavirus-Saison mit leicht ansteigenden Erkrankungszahlen ab (s. Abb. 6.43.1).

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz für Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 28 Erkrankungen pro 100.000

Einwohner und blieb damit deutlich unter dem Median der Inzidenzen der 5 Vorjahre (49). Im Vergleich zum Median der Vorjahre ist die Inzidenz in allen Bundesländern bis auf Mecklenburg-Vorpommern zurückgegangen. Der rückläufige Trend ist im Saarland, in Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und Baden-Württemberg besonders ausgeprägt, dort ging die Inzidenz um mehr als das Doppelte zurück. In den ostdeutschen Flächenbundesländern lag die Inzidenz, mit Werten zwischen 55 und 104 Erkr./100.000 Einw. erheblich höher als in den westlichen Bundesländern und Berlin (9 bis 44 Erkr./100.000 Einw.) (s. Abb. 6.43.2).

Bei 13.714 (60 %) 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; 38 % der Erkrankungen betrafen Kinder unter 5 Jahren. Die höchste Inzidenz wurde wie im vergangenen Jahr bei Einjährigen (306 Erkr./100.000 Einw.) registriert (s. Abb. 6.43.3). Die Inzidenz der Erkrankung nimmt mit steigendem Alter deutlich ab und steigt erst im fortgeschrittenen Alter wieder erkennbar an. Immerhin betrafen 5.841 Erkrankungen (26 %) über 69-jährige Personen.

Der seit Jahren beobachtete, fortschreitende rückläufige Trend der Rotavirus-Inzidenz setzt sich weiter fort. Im Vergleich zum Vorjahr nahm die Inzidenz in allen Altersgruppen ab. Besonders deutlich war der Rückgang bei den unter 5-jährigen

Tab.. 6.43.1:
Übermittelte Rotavirus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	4.879	13 %	4.108	16 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	28.326	76 %	18.619	72 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	1.064	3 %	552	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	3.095	8 %	2.679	10 %
alle	37.364	100 %	25.958	100 %
Referenzdefinition (B+C)	33.205	89 %	22.727	88 %

Abb. 6.43.1:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Meldewoche, Deutschland, 2011 bis 2016

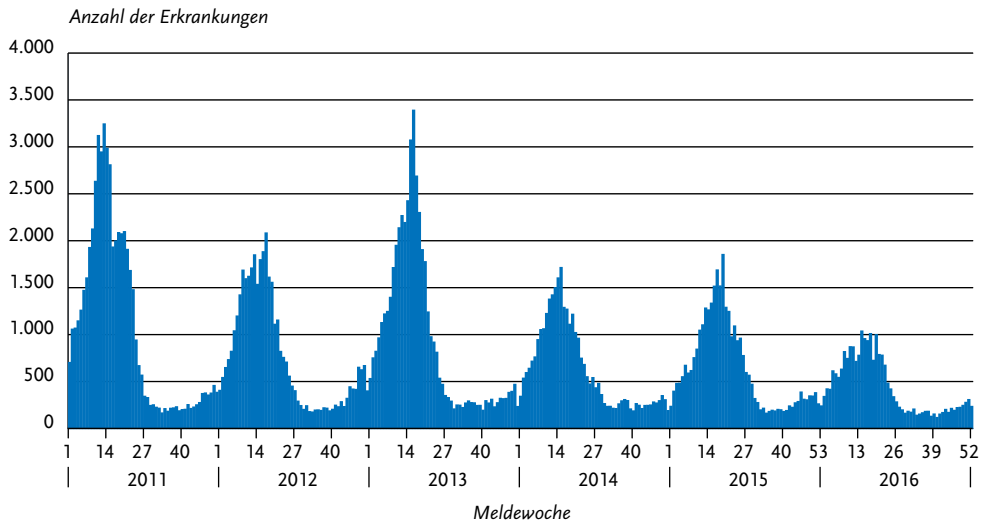


Abb. 6.43.2:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=22.725) im Vergleich mit den Vorjahren

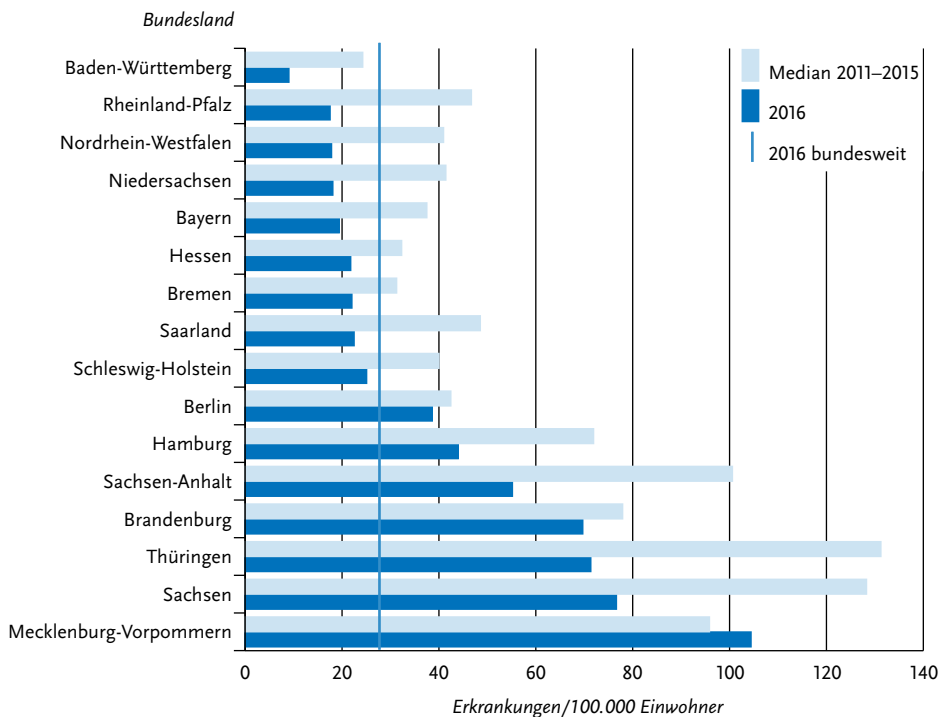
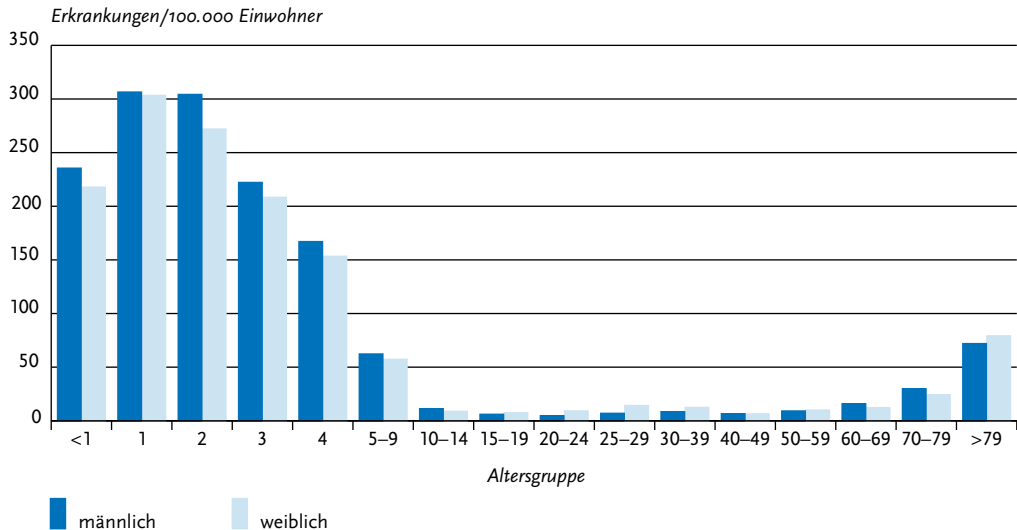


Abb. 6.43.3:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=22.573)



Kindern, bei denen der Rückgang in den jeweiligen Altersgruppen zwischen 36–50 % betrug. 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 19.594 der Erkrankungen (86 %) lagen Angaben zu einem Klinikaufenthalt vor, bei 10.325 der Erkrankungen (53 %) wurde ein solcher bejaht. Der Anteil der Erkrankungen, die hospitalisiert waren, war in den Altersgruppen der unter 15-Jährigen (57 %) und der älter als 69-Jährigen (60 %) am höchsten und lag bei den 25- bis 49-Jährigen mit 26 % am niedrigsten. Bei den unter 5-Jährigen ist der Anteil der hospitalisierten Kinder im Vergleich zum Vorjahr um nahezu 8 % zurückgegangen. Angaben zum Vitalstatus lagen für 94 % der Erkrankungen vor. Es wurden 9 bestätigte Todesfälle im Zusammenhang mit Rotavirus-Gastroenteritiden übermittelt. Betroffen waren Personen zwischen 53 und 95 Jahren, im Median waren die Verstorbenen 85 Jahre alt. Die Letalität der Rotavirus-Gastroenteritiden betrug 0,04 %.

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 Krankenhausbehandlungen bei Säuglingen und Kleinkindern zu verhindern.

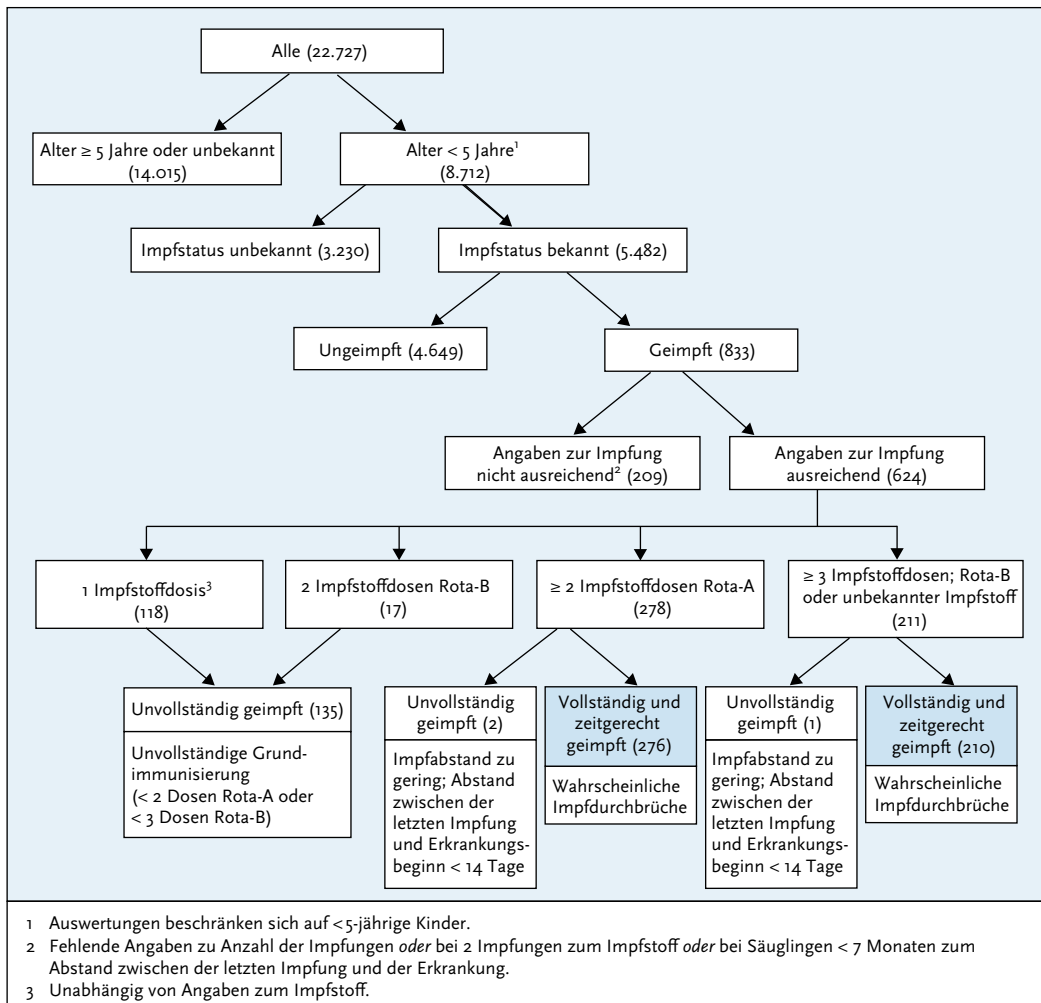
dern zu reduzieren. Die Rotavirus-Impfung ist seit 2006 in Deutschland verfügbar. Sachsen, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen und Schleswig-Holstein haben die Impfung bereits vor 2013 in ihre öffentlichen Impfempfehlungen aufgenommen.

Die Rotavirus-Impfquote des Geburtsjahrgangs 2014 basierend auf Ergebnissen der KV-Impfsurveillance betrug 66 %.

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 8.712 übermittelten Rotavirus-Gastroenteritiden dieser Altersgruppe (<5 Jahre) wurden 833 Kinder als geimpft und 4.649 als unge-

Abb. 6.43.4:
Übermittelte Rotavirus-Gastroenteritiden nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=22.727)



Tab. 6.43.2:
Übermittelte Ausbrüche von Rotavirus-Gastroenteritiden, Deutschland, 2015 und 2016

	2015		2016	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	640	1.630	444	1.125
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	427	5.632	345	4.917
Alle Ausbrüche	1.067	7.262	789	6.042

impft übermittelt; bei 3.230 Erkrankungen war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.43.4). Von den geimpften Kindern waren bei 624 die Angaben zur Anzahl der Impfungen oder 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 624 Kindern waren 486 vollständig geimpft und mehr als 14 Tage nach Abschluss der Impfschritte an einer Rotavirus-Gastroenteritis erkrankt. Diese 486 Erkrankungen wurden als wahrscheinliche Impfdurchbrüche eingestuft. Darunter waren 276 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-A-Grundimmunisierung und 210 Erkrankungen nach abgeschlossener Rota-B-Grundimmunisierung (167) oder nach 3-maliger Gabe eines Rotavirus-Impfstoffes ohne Angabe des Präparates (43). Die Diagnose war bei 87 % dieser Erkrankungen labordiagnostisch gesichert. Von den 486 Kindern mit wahrscheinlichen Impfdurchbrüchen waren 54 (11 %) unter einem Jahr, 157 (32 %) ein Jahr, 127 (26 %) 2 Jahre, 87 (18 %) 3 Jahre und 61 (13 %) 4 Jahre alt; 128 (25 %) Kinder wurden stationär behandelt, wobei eine nosokomiale Infektion aufgrund der Erkrankungs- und Krankenhausaufnahmedaten bei 7 Erkrankungen zu vermuten ist.

Ausbrüche

Es wurden 789 Ausbrüche mit insgesamt 6.042 Erkrankungen übermittelt (s. Tab. 6.43.2). Die Anzahl der Ausbrüche ist im Vergleich zu der des Vorjahrs (1.067 Ausbrüche) um 26 % zurückgegangen. Insgesamt sind 27 % aller übermittelten Erkrankungen im Rahmen von Ausbrüchen über-

mittelt worden. Es traten 444 Ausbrüche mit jeweils weniger als 5 Erkrankungen (insgesamt 1.125 Erkrankungen) und 345 Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen (insgesamt 4.917 Erkrankungen) auf. Für 68 % der Ausbrüche mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen lagen Angaben zum Ort oder Umfeld des Ausbruchsgeschehens vor. Es ereigneten sich 46 % dieser Ausbrüche in Kindergärten, 21 % in Pflege- und Altenheimen und 11 % in Krankenhäusern.

Fazit

Die Rotavirus-Gastroenteritis ist vornehmlich eine Erkrankung des Kindesalters und betraf vor allem Säuglinge und einjährige Kinder. 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 zu beobachtende rückläufige Trend der Rotavirus-Gastroenteritiden, der bei den unter 2-jährigen Kindern besonders deutlich war, setzte sich im Jahr 2016 nach einem kurzzeitigen Anstieg der Erkrankungen im Jahr 2013 weiter fort. Vermutlich war dies das Ergebnis der gesteigerten Inanspruchnahme der Rotavirus-Impfung, die seit Sommer 2013 von der STIKO allgemein empfohlen wird. Auf Basis der Ergebnisse der KV-Impfsurveillance kann man feststellen, dass die STIKO-Impfempfehlung gut angenommen wird. Die Kinder des Geburtsjahrganges 2014 waren bereits zu zwei Dritteln geimpft.

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, Wichmann O, Siedler A: *Impfquoten der Rotavirus-, Masern-, HPV- und Influenza-Impfung in Deutschland*. Epid Bull 2017; 1:1–12.
- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: *Stellungnahme zur Rotavirus-Impfung von Früh- und Neugeborenen im stationären Umfeld*. Epid Bull 2015; 1:1–10.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2013). www.rki.de/ratgeber

6.44 Röteln



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: 30
- ▶ Keine konnatale Rötelninfektion
- ▶ Inzidenz ca. 0,1 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner seit 2013
- ▶ 3 Ausbrüche mit insgesamt 8 Fällen
- ▶ Klinische Verdachtsfälle werden nur selten labordiagnostisch bestätigt

Kurzbeschreibung

Die 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 kleinleckiges Exanthem gekennzeichnet, das im Gesicht beginnt, sich über Körper und Extremitäten ausbreitet und nach 1–3 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 Rötelnembryopathie). Während der ersten 12 Schwangerschaftswochen ist die Gefahr einer Embryopathie bei einer Rötelninfektion 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.

Seit 29.03.2013 besteht gemäß Infektionsschutzgesetz eine bundesweite namentliche Meldepflicht für Ärzte und Labore. Zuvor waren nur konnatale Rötelninfektionen bundesweit nichtnamentlich an das Robert Koch-Institut zu melden. Aus diesem Grund werden die postnatalen und konnatalen Röteln im Folgenden getrennt dargestellt. Die Daten für die postnatalen Röteln liegen bundesweit erst vollständig seit dem Jahr 2014 vor, sodass nur diese in den folgenden Auswertungen berücksichtigt werden.

Postnatale Röteln

Falldefinition

Von 201 im Jahr 2016 übermittelten Röteln-Fällen erfüllten 171 (85 %) die Referenzdefinition nicht, weil sie entweder nicht labordiagnostisch oder epidemiologisch bestätigt wurden (32 %) oder die Kriterien für das klinische Bild nicht erfüllten (24 %) oder keine Angaben zum klinischen Bild vorlagen (28 %).

Die Falldefinition veränderte sich im Jahr 2015: Mütter von Neugeborenen mit Rötelnembryopathie 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. Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die

30 Erkrankungen, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.44.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2016 wurden 30 Röteln-Erkrankungen übermittelt, die der Referenzdefinition entsprachen. Im Jahr 2015 waren es 21 Erkrankungen. Monatlich wurden 0 bis 7 Röteln-Erkrankungen an das RKI übermittelt.

Geografische Verteilung

Die bundesweite Inzidenz lag bei 0,04 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner.

Die meisten Erkrankungen wurden in Nordrhein-Westfalen mit 10 Erkrankungen erfasst. Aus Hamburg wurden 6 Erkrankungen und aus Berlin 3 Erkrankungen übermittelt. Aus Schleswig-Holstein, Rheinland-Pfalz und Baden-Württemberg wurden jeweils 2 Erkrankungen, aus Bayern, Brandenburg, Hessen, Niedersachsen und Sachsen jeweils eine Erkrankung übermittelt. Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland lagen für 17 Erkrankungen vor. Die Infektion wurde nach diesen Angaben überwiegend (16 von 17 Nennungen) in Deutschland erworben. Als weiteres wahrscheinliches Infektionsland wurde bei einer Erkrankung Pakistan angegeben.

Demografische Verteilung

Röteln-Erkrankungen können in jedem Alter auftreten. Für die Altersgruppe der 0- bis 9-jährigen wurden 7 Röteln-Erkrankungen übermittelt, in der Altersgruppe der 10- bis 19-jährigen 4 Röteln-Er-

krankungen. Der überwiegende Anteil, nämlich 19 Röteln-Erkrankungen, wurden für die Altersgruppe erfasst, die zum Zeitpunkt der Diagnose 20 Jahre oder älter war.

Im Jahr 2016 war die Anzahl der Röteln-Erkrankungen bei Mädchen bzw. Frauen und Jungen bzw. Männern mit jeweils 15 Erkrankungen gleich verteilt. Sieben der weiblichen Erkrankten waren zwischen 20 und 49 Jahre alt.

Klinische Aspekte

Für 29 an Röteln erkrankte Personen lagen eine oder mehrere Angaben zu den aufgetretenen Symptomen vor. Bei allen lag ein Exanthem vor, Lymphknotenschwellungen wurden bei 22 der Röteln-Erkrankungen angegeben. Bei insgesamt 7 der Röteln-Erkrankungen traten Arthralgien bzw. Arthritiden (Gelenkschmerzen und Gelenkentzündungen) auf. Bei einer Erkrankung wurde eine Lungenentzündung beschrieben. Erstmals seit Einführung der deutschlandweiten Meldepflicht wurde von einer Fehlgeburt im Rahmen einer Infektion während einer Schwangerschaft berichtet. Vier Erkrankte waren aufgrund der Erkrankung hospitalisiert worden, diese waren mindestens 25 Jahre alt. Es wurde im Jahr 2016 von keinen röteln-assoziierten Todesfällen 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

Tab. 6.44.1:
Übermittelte Rötelnfälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	69	42 %	65	32 %
klinisch-epidemiologisch (B)	2	1 %	8	4 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	19	11 %	22	11 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	34	20 %	49	24 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	42	25 %	57	28 %
alle	166	100 %	201	100 %
Referenzdefinition (B+C)	21	13 %	30	15 %

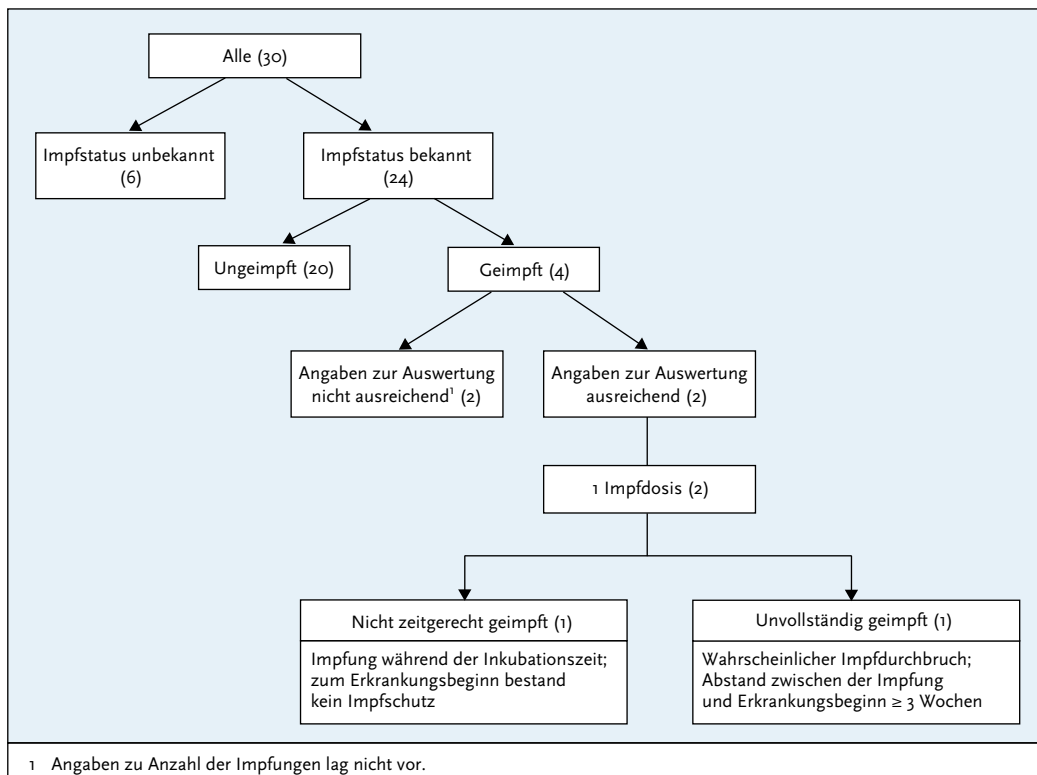
über 95% der Geimpften eine Immunität gegen Röteln. Um einen möglichst frühen und zuverlässigen Impfschutz zu erreichen, empfiehlt die STIKO die 1. Röteln-(Mumps-Masern)-Impfung im Alter von 11 bis 14 Monaten und eine zweite Impfung im Alter von 15 bis 23 Monaten mit einem Mindestabstand von 4 Wochen 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 Rötelninfektion in der Schwangerschaft geschützt zu sein. Nur dokumentierte Impfungen (z. B. Eintrag im Impfpass) sind bewertbar. Die Annahme einer Immunität aufgrund von anamnestischen Angaben ist zu unsicher.

Von den 30 Erkrankungen im Jahr 2016 wurden 4 Erkrankte als geimpft und 20 als ungeimpft

übermittelt; bei 6 Erkrankten war der Impfstatus unbekannt (s. Abb. 6.44.1). Bei 2 der 4 geimpften Erkrankten lagen ausreichende Angaben zur weiteren Bewertung des Impfstatus vor. Ein Erkrankter wurde einmalig geimpft. Diese Impfung erzeugte scheinbar keine ausreichende Immunität, um eine Röteln-Erkrankung zu verhindern. Der zweite Erkrankte wurde erstmalig in einem unmittelbaren zeitlichen Zusammenhang vor einer positiven IgM-Serologie geimpft. Möglicherweise wurde die Impfung zu spät verabreicht und konnte eine Erkrankung nicht mehr verhindern. Es könnte sich bei diesem Erkrankten jedoch auch um eine Impfkrankheit nach MMR-Impfung gehandelt haben.

Um Röteln-Erkrankungen, insbesondere trotz Impfung, sicher feststellen zu können, sollte eine akute klinische Erkrankung mit einer Symptoma-

Abb. 6.44.1:
Übermittelte Röteln-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=30)



tik nach Falldefinition bei allen geimpften Patienten immer labordiagnostisch gesichert werden. Es ist jedoch hierbei zu bedenken, dass nach Impfung ein positives IgM noch über Jahre persistieren kann.

Ausbrüche

Es wurden 3 Ausbrüche mit insgesamt 8 Erkrankungen übermittelt.

Einem Ausbruch, der in einer Schule in Hamburg aufgetreten war, wurden 4 ungeimpfte Kinder zugeordnet. Keine dieser 4 Röteln-Erkrankungen wurde labordiagnostisch bestätigt. Jedoch wurde bei einem weiteren Kind, das lediglich ein Exanthem aufwies und somit bezüglich seiner Symptomatik nicht der Referenzdefinition entsprach, eine Labordiagnostik durchgeführt. In der gleichen Schule erkrankten wenige Wochen später wiederum 2 Erkrankungen bei Personen auf, die ungeimpft waren und zu einem weiteren eigenen Ausbruch zusammengefasst wurden. Bei keiner der Erkrankungen wurde eine Labordiagnostik durchgeführt. In einem dritten Ausbruch in Nordrhein-Westfalen waren 2 Kinder betroffen. Beide Kinder waren ungeimpft. Auch hier wurde keine Labordiagnostik durchgeführt. Eine Genotypisierung 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

Die Röteln weisen ein sehr unspezifisches Krankheitsbild auf, viele Rötelninfektionen 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 viele Rötelnfälle auch in den Falldefinitionskategorien D und E (s. Tabelle 6.44.1). Einige andere Viruserkrankungen können zudem eine ähnliche Symptomatik hervorrufen. Aufgrund dieser Tatsachen können Infektionsketten nicht sicher nachverfolgt werden und es treten besonders viele sporadische Erkrankungen auf.

Die Diagnosestellung lediglich aufgrund der klinischen Symptomatik ist somit äußerst vage.

Dies trifft besonders zu, wenn nur noch wenige Rötelnfälle in Deutschland auftreten. Nur ein kleiner Teil der dem RKI übermittelten Rötelnfälle wurde labordiagnostisch gesichert. So wurden dem RKI im Jahr 2016 insgesamt 65 Rötelnfälle 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 (65 von 201; 32 %) und müssen an die WHO berichtet werden. Unter diesen 65 Fällen waren besonders viele Kinder im Alter unter 10 Jahren (47 von 65; 72 %), bei denen häufiger exanthematische, fieberhafte Erkrankungen auftraten, die in der Regel nicht labordiagnostisch abgeklärt wurden.

Eine labordiagnostische Abklärung sollte bei Verdacht auf eine akute Rötelninfektion jedoch immer erfolgen. Dies erleichtert auch die weitere Vorgehensweise zum Schutz der Umgebung (insbesondere schwangerer Frauen). 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. Sollte dieser positiv sein, kann eine Genotypisierung des Rötelnvirus angeschlossen werden.

Eine Genotypisierung gelang im Jahr 2016 bei keinem der Rötelnfälle. Erkenntnisse aus Genotypisierungen werden benötigt, um Infektionsketten zu verfolgen und letztendlich die Elimination der Röteln in Deutschland belegen zu können. Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) Masern, Mumps, Röteln am RKI führt kostenfrei PCR-Untersuchungen und nachfolgende Genotypisierungen durch.

Ein durch ein Labor übermittelter positiver Befund sollte – zur weiteren Sicherung der Diagnose einer akuten Rötelninfektion – optimalerweise eine Rücksprache seitens der Gesundheitsämter bei den einsendenden Ärzten nach sich ziehen.

Fazit

Mit den übermittelten Daten von 2016 ist Deutschland in der Lage, der WHO Daten zur Einschätzung und Verifizierung der Elimination der Röteln vorzulegen. Diese Daten entsprechen jedoch noch nicht den Qualitätskriterien der WHO. Auch wenn die beschriebene Inzidenz unter 1 Erkrankung pro 1 Mio. Einwohner liegt, kann mit diesen Daten die

Elimination der Röteln in Deutschland nicht bestätigt werden. Wegen des oft fehlenden oder unspezifischen Krankheitsbildes der Röteln reichen die Meldedaten nicht aus, um sicher belegen zu können, dass nur noch wenige Fälle in Deutschland auftreten, wie viele importiert wurden und welche Transmissionsketten beobachtet werden konnten.

So gehen in die Berechnungen der WHO auch klinische Fälle ein, die einen großen Anteil der Rötelnfälle in Deutschland ausmachen, von denen jedoch höchst fraglich ist, ob wirklich bei allen Erkrankungen eine akute Rötelninfektion vorlag. Klinische Verdachtsfälle sollten immer labordiagnostisch mit einer Serologie und PCR, möglichst mit nachfolgender Genotypisierung bestätigt werden. Eine Nachverfolgung von Transmissionsketten von höchstwahrscheinlich importierten Rötelnviren ist derzeit wegen seltener Genotypisierungen schwierig.

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 Feindiagnostik (z. B. Immunoblot, IgG-Avidität, direkter Erregernachweis).

Konnatale Röteln

Situation in Deutschland

Für das Jahr 2016 wurde dem RKI keine konnatale Rötelninfektion übermittelt. Auch im Jahr 2014 und 2015 war keine konnatale Rötelninfektion 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 Rötelnfälle mehr auftreten sollen. Diesem Ziel ist Deutschland bereits sehr nahe gekommen.

Literaturhinweise

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.

RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut/Stand: August 2014*. Epid Bull 2014; 34:305–340.

RKI: *Konstituierung der Nationalen Verifizierungskommission Masern/Röteln beim Robert Koch-Institut*. Epid Bull 2013; 7:55–57.

RKI: *Begründungen zu den aktualisierten Empfehlungen vom Juli 2010: Impfung gegen Röteln*. Epid Bull 2010; 32: 322–325.

RKI-Ratgeber für Ärzte (2013). www.rki.de/ratgeber

6.45 Salmonellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **12.962**
- ▶ Seit Jahren deutliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ Zweithäufigste meldepflichtige bakterielle gastrointestinale Krankheit
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 10 Jahren mit einem Maximum bei Kleinkindern
- ▶ 76 % der Infektionen in Deutschland erworben
- ▶ **216** Ausbrüche mit 665 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-Serovaren *S. Typhi* und *S. Paratyphi*, unterscheiden sich im Krankheitsbild deutlich von den übrigen Salmonellosen und werden in eigenen Kapiteln (s. Kap. 6.53 und 6.39) behandelt.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.45.1).

Zeitlicher Verlauf

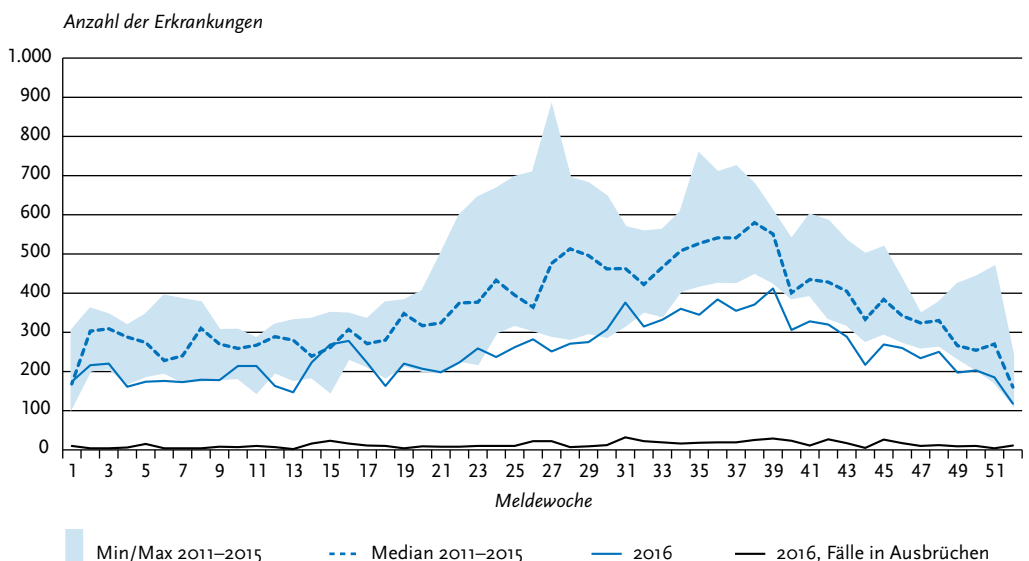
Im Jahr 2016 wurden insgesamt 12.962 Salmonellen übermitteln, die der Referenzdefinition entsprechen. Die Salmonellose war damit auch in diesem Jahr nach der *Campylobacter*-Enteritis die zweithäufigste an das RKI übermittelte bakterielle

gastrointestinale Krankheit. Gegenüber dem Vorjahr (13.870) gingen die Erkrankungszahlen um 6,5 % zurück. Damit nahm die Zahl der Salmonellosen seit 2001 (76.999), abgesehen von einem leichten Zuwachs in den Jahren 2006 und 2007, weiter kontinuierlich ab. Dementsprechend war die bundesweite Inzidenz übermittelter Salmonellosen im Jahr 2016 mit 16 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner die niedrigste seit Einführung des IfSG (2001: 93; Median für die Jahre 2011 bis 2015: 24). Wie in den Vorjahren wurden die meis-

Tab. 6.45.1:
Übermittelte Salmonellen-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	153	1 %	105	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	13.717	87 %	12.857	87 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	526	3 %	527	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1.332	8 %	1.231	8 %
alle	15.728	100 %	14.720	100 %
Referenzdefinition (B+C)	13.870	88 %	12.962	88 %

Abb. 6.45.1:
Übermittelte Salmonellosen nach Meldewoche, Deutschland, 2016 (n=12.962) im Vergleich mit den Vorjahren (mit zusätzlicher Darstellung der Erkrankungen in Ausbrüchen)



ten Salmonellosen (4.408; 34 %) im III. Quartal übermittelt (s. Abb. 6.45.1).

Geografische Verteilung

Der Rückgang der Salmonellosen war bundesweit zu beobachten. In allen Bundesländern lag die Inzidenz unter dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre (s. Abb. 6.45.2). Ein besonders starker relativer Rückgang war in Schleswig-Holstein (52 %), Sachsen-Anhalt (50 %), Niedersachsen (44 %) und Thüringen (42 %) zu verzeichnen. In den ostdeutschen Flächenbundesländern sowie in Hamburg und Rheinland-Pfalz lag die Inzidenz im Jahr 2016 über der bundesweiten Inzidenz (16 Erkr./100.000 Einw.).

Bei 8.108 Salmonellosen (63 %) wurde mindestens ein wahrscheinliches Infektionsland angegeben (8.193 Nennungen); 76 % der Nennungen

entfielen auf Deutschland. Die übrigen verteilten sich vor allem auf typische Urlaubsländer wie die Türkei (280 Nennungen), Thailand (192), Indonesien (118), Spanien (112) und Griechenland (94).

Demografische Verteilung

Wie in den Vorjahren zeigten sich die höchsten altersspezifischen Inzidenzen bei Kindern unter 10 Jahren mit einem Maximum bei Kleinkindern (s. Abb. 6.45.3). Beide Geschlechter waren nahezu gleichermaßen betroffen.

Nachgewiesene Erreger

Eindeutige Angaben zum Serovar wurden für 76 % (2015: 71 %) der Erkrankungen übermittelt. Bei 41 % der Nennungen handelte es sich um *S. Enteritidis* und bei 36 % um *S. Typhimurium*. In weitem Abstand folgten *S. Infantis* (2,9 %) und

Abb. 6.45.2:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=12.960) im Vergleich mit den Vorjahren

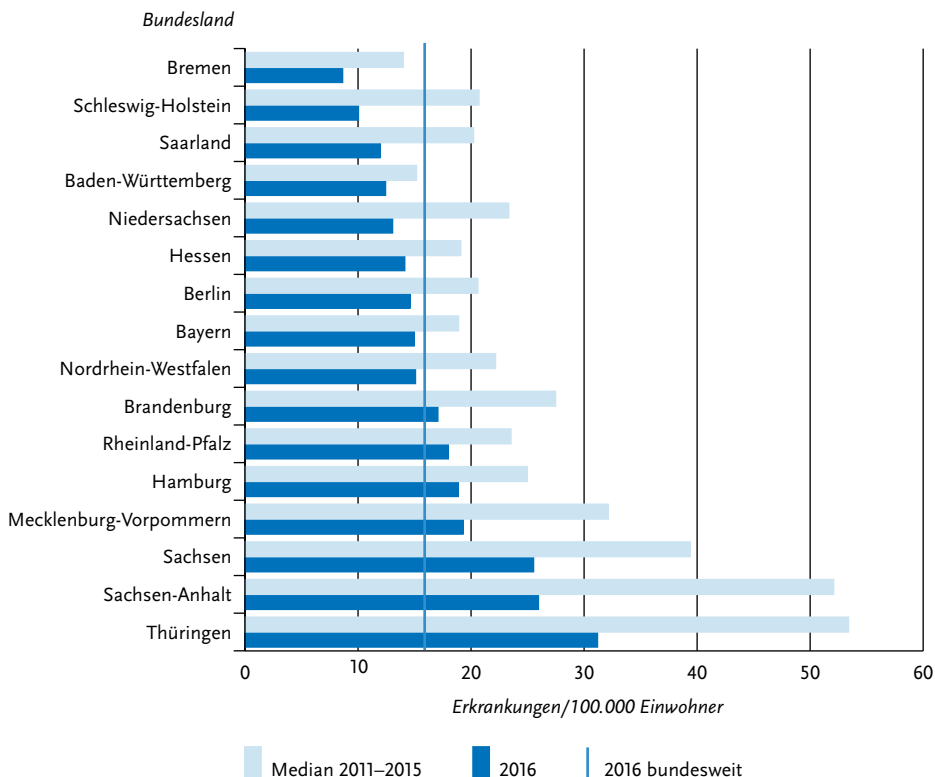
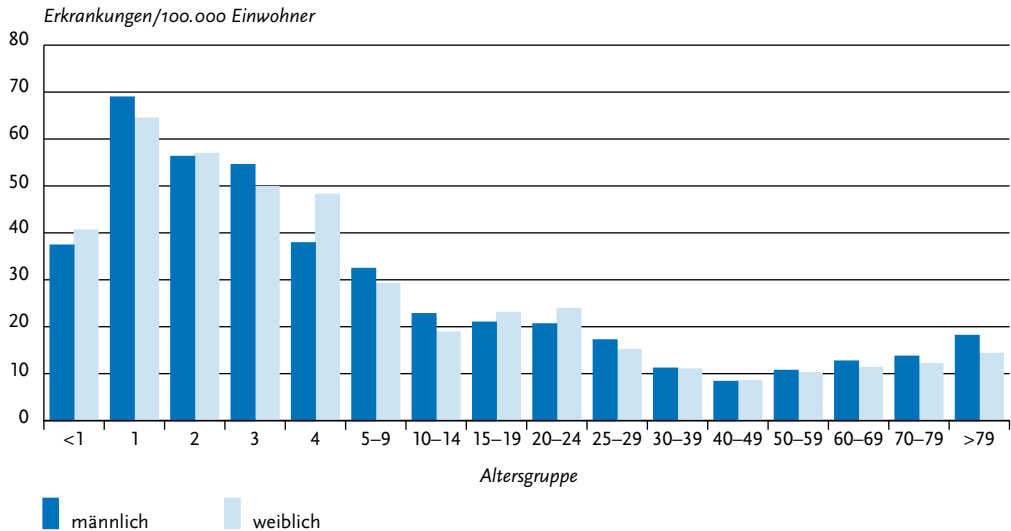


Abb. 6.45.3:
Übermittelte Salmonellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=12.932)



S. Derby (1,6 %). Alle anderen übermittelten Serovare machten zusammen 19 % aus. Gegenüber dem Vorjahr nahm die Anzahl der übermittelten *S.-Enteritidis*-Erkrankungen um 1,8 % ab (von 4.114 auf 4.042); *S.-Typhimurium*-Erkrankungen gingen um 7,5 % (von 3.769 auf 3.487) zurück.

Klinische Aspekte

Für 11.896 Erkrankungen (92 %) wurden Symptome angegeben (26.604 Nennungen). Durchfall (66 %) wurde am häufigsten genannt, gefolgt von Bauchschmerzen (64 %), Fieber (39 %) und Erbrechen (23 %). Es wurden 18 Todesfälle im Zusammenhang mit Salmonellosen als »krankheitsbedingt verstorben« übermittelt (2015: 17). Betroffen waren 13 Männer und 5 Frauen im Alter zwischen 49 und 84 Jahren (Altersmedian 74 Jahre). Bei 14 Fällen wurde ein Serovar genannt: 4 Todesfälle traten im Zusammenhang mit Infektionen mit *S. Typhimurium* auf (29 %), jeweils 2 Todesfälle standen in Zusammenhang mit Infektionen mit *S. Stourbridge* und *S. Choleraesuis* und jeweils ein Todesfall konnte in Zusammenhang mit Infektionen mit *S. Derby*, *S. Enteritidis*, *S. Manhattan*, *S. Thompson*, *S. Virchow* und *Salmonella* der

Gruppe B O:4,5,12 H:1 H2:- gebracht werden. Vier Todesfälle wurden ohne genaue Angaben zum *Salmonella*-Serovar übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 216 Ausbrüche mit insgesamt 665 Erkrankungen (5,1 % aller Salmonellosen, Vorjahr: 6 %) übermittelt (s. Tab. 6.45.2), davon 196 Ausbrüche mit weniger als 5 Erkrankungen und 20 Ausbrüche mit 5 oder mehr Erkrankungen. Im Vergleich zum Vorjahr wurden somit 16 % weniger Ausbrüche übermittelt, die 20 % weniger Erkrankungen umfassten.

Der größte Ausbruch umfasste 20 Erkrankungen und wurde durch *S. Enteritidis* verursacht. Er ereignete sich in einem Alten-/Pflegeheim in Baden-Württemberg. Hier wurde eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung als wahrscheinlich angesehen. Drei Ausbrüche mit jeweils 17 Erkrankungen wurden aus Niedersachsen (Serovar *S. Infantis*), Sachsen (*S. Typhimurium*) und Bayern (*S. Enteritidis*) übermittelt. Diese Ausbrüche wurden als lebensmittelbedingt übermittelt, es wurden jedoch keine Angaben zum verdächtigen Infektionsvehikel gemacht. Ein lebens-

Tab. 6.45.2:
Übermittelte Ausbrüche von Salmonellen, Deutschland, 2015 und 2016

	2015		2016	
	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche	Anzahl Ausbrüche	Gesamtzahl Fälle dieser Ausbrüche
Ausbrüche mit < 5 Fällen	224	528	196	461
Ausbrüche mit 5 und mehr Fällen	34	302	20	204
Alle Ausbrüche	258	830	216	665

mittelbedingter S.-Enteritidis-Ausbruch mit 14 Erkrankungen wurde aus Baden-Württemberg übermittelt. Hier wurde Kartoffelsalat als Infektionsvehikel verdächtigt.

Fazit

Die Epidemiologie der Salmonellose ist seit Jahren von einer deutlichen Abnahme der Erkrankungszahlen geprägt, die primär, aber nicht ausschließlich, durch einen Rückgang der Zahlen für S. Enteritidis und S. Typhimurium gekennzeichnet ist. Damit einhergehend ist auch ein Rückgang der Salmonellose-Ausbrüche zu beobachten.

Literaturhinweise

- 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
- Schroeder S, Harries M, Prager R, et al.: A prolonged outbreak of *Salmonella* Infantis associated with pork products in central Germany, April–October 2013. Epidemiol Infect 2015; 144:1429–1439.
- Alt K, Simon S, Helmeke C, et al.: Outbreak of uncommon o4 non-agglutinating *Salmonella* Typhimurium linked to minced pork, Saxony-Anhalt, Germany, January to April 2013. PLoS One 2015; 10:e0128349.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.46 Shigellose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **426**
- ▶ Seit 2001 deutliche Abnahme der Fallzahlen
- ▶ Männer sind häufiger betroffen als Frauen (60 % zu 40 %)
- ▶ Höchste Inzidenzen bei Kindern unter 5 Jahren und Erwachsenen zwischen 25 und 39 Jahren
- ▶ 37 % der Fälle in Deutschland erworben, weitere wichtige Infektionsländer sind Indien, Ägypten, Kuba und Marokko
- ▶ **11** Ausbrüche mit 31 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-ale Kontakte sind möglich.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.46.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 426 Shigellosen gemäß Referenzdefinition übermittelt. Die Zahl der Shigellosen ist damit im Vergleich zum Jahr 2015 (569 Erkrankungen) um 25 % gesunken. Seit 2001 wurde eine deutliche Abnahme der Fallzahlen beobachtet (s. Abb. 6.46.1)

Geografische Verteilung

Die Shigellose-Inzidenz betrug in Deutschland 0,5 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2015: 0,7) und war damit niedriger als der Median der 5 Vorjahre (0,7).

In den meisten Bundesländern wurden 2016 niedrigere Shigellose-Inzidenzen als in den 5 Vorjahren beobachtet. In Hamburg und Mecklenburg-Vorpommern war die Inzidenz 2016 höher als der Median der 5 Vorjahre. Im Saarland und in Niedersachsen war die Inzidenz etwa gleich (s. Abb. 6.46.2). Die höchsten Inzidenzen wurden

Tab. 6.46.1:
Übermittelte Shigellose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	16	2 %	8	2 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	553	82 %	418	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	35	5 %	17	4 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	69	10 %	25	5 %
alle	673	100 %	468	100 %
Referenzdefinition (B+C)	569	85 %	426	91 %

Abb. 6.46.1:
Übermittelte Shigellosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016

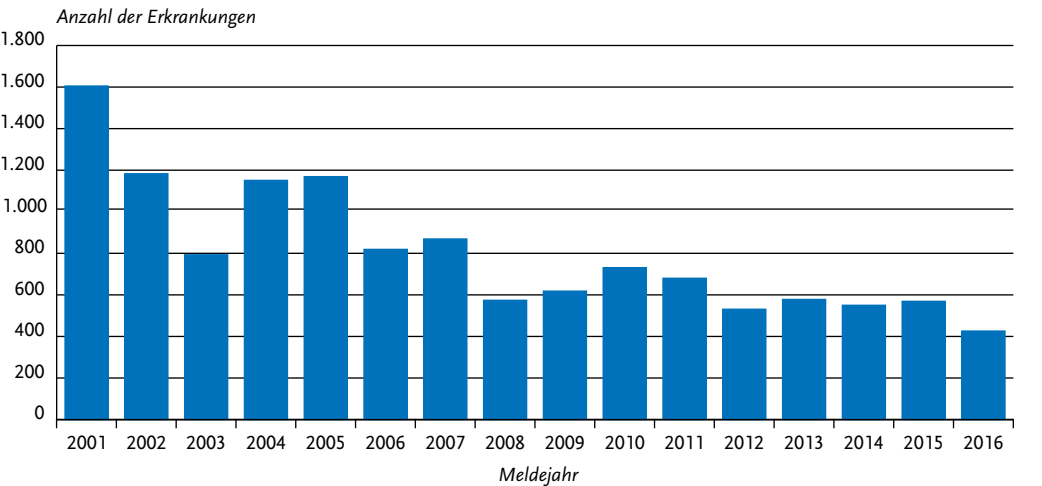
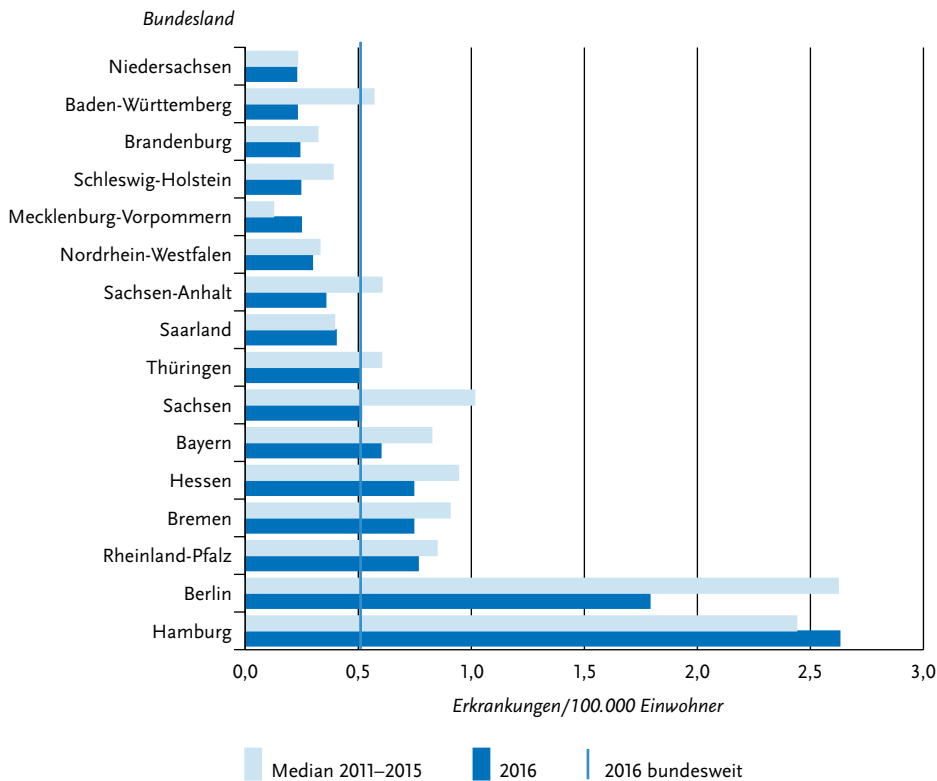


Abb. 6.46.2:
Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=426) im Vergleich mit den Vorjahren



im Jahr 2016, wie bereits zuvor, in Hamburg und Berlin (2,6 und 1,8 Erkr./100.000 Einw.) registriert. Zudem lagen die Shigellose-Inzidenzen auch in Rheinland-Pfalz, Bremen, Hessen und Bayern über dem bundesweiten Median.

Bei 345 Erkrankungen (81 %) lagen insgesamt 358 Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland vor (Mehrfachnennungen waren möglich). Mit 131 der Nennungen (37 %) wurde Deutschland am häufigsten als Infektionsland angegeben. Es folgten Indien (31), Ägypten (16), Kuba (12) und Marokko (10) (s. Tab. 6.46.2).

Demografische Verteilung

Die Altersverteilung der Shigellosen zeigte jeweils einen Gipfel bei Kindern und jungen Erwachsenen. Bei den Kindern lag die höchste Inzidenz mit

0,6 Erkr./100.000 Einw. bei den unter 5-Jährigen (n=23 übermittelte Shigellosen). Bei Erwachsenen wurden die höchsten Inzidenzen bei den 25- bis 39-Jährigen registriert (1,0 Erkr./100.000 Einw.; n=150).

Insgesamt waren mehr männliche (60 %) als weibliche Personen (40 %) betroffen. Wie in den Vorjahren war die Inzidenz in der Altersgruppe der 30- bis 49-Jährigen bei Männern deutlich höher (1,0 Erkr./100.000 Einw.) als bei Frauen (0,5). Bei den 20- bis 29-Jährigen war die Inzidenz bei den Frauen (1,1 Erkr./100.000 Einw.) höher als bei den Männern (0,7).

Nachgewiesene Erreger

Bei 384 Erkrankungen (90 %) wurden Angaben zur Spezies übermittelt. Dabei handelte es sich um

Tab. 6.46.2:

Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Shigellosen, Deutschland, 2016 (Mehrfachnennungen möglich, 345 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Deutschland	131	37 %
Indien	31	9 %
Ägypten	16	4 %
Kuba	12	3 %
Marokko	10	3 %
Mexiko	8	2 %
Tansania	7	2 %
Thailand	7	2 %
Georgien	6	2 %
Indonesien	5	1 %
Pakistan	5	1 %
Spanien	5	1 %
Andere	115	32 %
Summe	358	100 %

Infektionen mit *S. sonnei* (68 %), *S. flexneri* (26 %), *S. boydii* (3 %) und *S. dysenteriae* (2 %). Gegenüber dem Vorjahr hat der Anteil der Infektionen mit *S. sonnei* abgenommen (2015: 73 %), während der Anteil der Infektionen mit *S. flexneri* (2015: 21 %) zugenommen hat. Der Anteil an *S.-dysenteriae*- (2015: 2 %) und *S.-boydii*-Infektionen (2015: 4 %) blieb in etwa gleich.

Klinische Aspekte

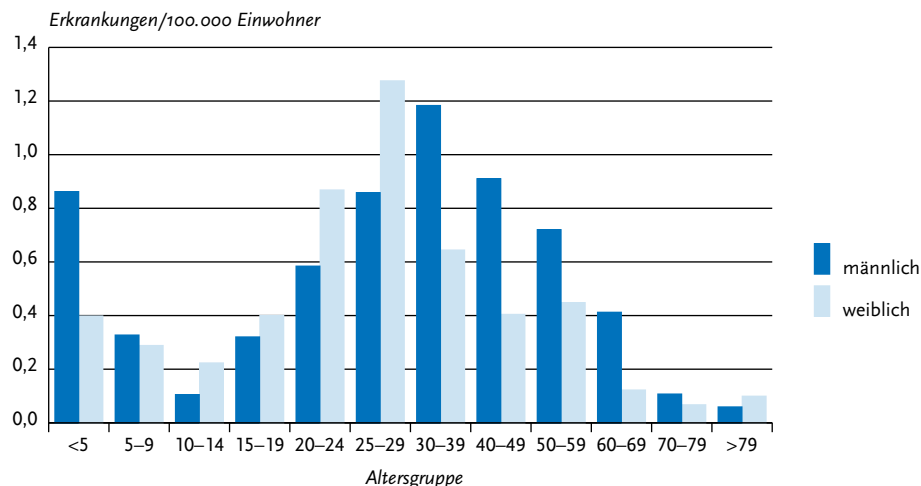
Für 425 Shigellosen wurde mindestens ein Symptom übermittelt, davon trat am häufigsten Durchfall (98 %) auf, gefolgt von Bauchschmerzen (65 %), Fieber (40 %) und Erbrechen (21 %). Im Jahr 2016 wurden keine Todesfälle aufgrund von Shigellose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 11 Ausbrüche mit insgesamt 31 Erkrankungen übermittelt. Im Vergleich zum Vorjahr hat sowohl die Anzahl der Ausbrüche (2015: 19) als auch die Anzahl der davon betroffenen Erkrankungen (2015: 49) abgenommen. Der größte Shigellose-Ausbruch im Jahr 2016 wurde aus Sachsen übermittelt. Es handelte sich um einen reiseassoziierten Ausbruch mit 6 Erkrankungen. Von den übrigen 10 Ausbrüchen enthielten 8 jeweils nur 2 Erkrankungen. Jeweils ein Ausbruch wurde mit 4 und 5 Erkrankungen übermittelt.

Abb. 6.46.3:

Übermittelte Shigellosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=426)



Datenqualität

Durch die Meldepflicht werden nur Shigellosen erfasst, die in Deutschland diagnostiziert 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 berücksichtigt.

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: *Reisessoziierte Krankheiten* 2015. *Epid Bull* 2016; 39:431–444.
RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.47 Syphilis



- ▶ Fälle 2016: 7.178
- ▶ Seit 2010 deutlicher Anstieg der Fallzahlen
- ▶ Hohe Fallzahlen insbesondere in städtischen Ballungsgebieten
- ▶ Höchste Anzahl von Fällen bei Männern, die Sex mit Männern haben

Kurzbeschreibung

Die Syphilis ist eine bakterielle, durch die Spirochätenart *Treponema pallidum* verursachte Erkrankung, die nur beim Menschen vorkommt und sexuell, durch Blut und 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 bestimmten Fallkriterien bewertet. Dabei werden folgende Meldungen ausgeschlossen: Serumnarben (mit zum Teil noch hohen Resttitern), vermutete Doppelmeldungen und vermutete Fälle von nicht ausreichend therapierter Syphilis (*Syphilis non satis curata*). Alle Fälle sind labordiagnostisch bestätigt, es liegen aber nicht zwingend Angaben zur klinischen Symptomatik vor.

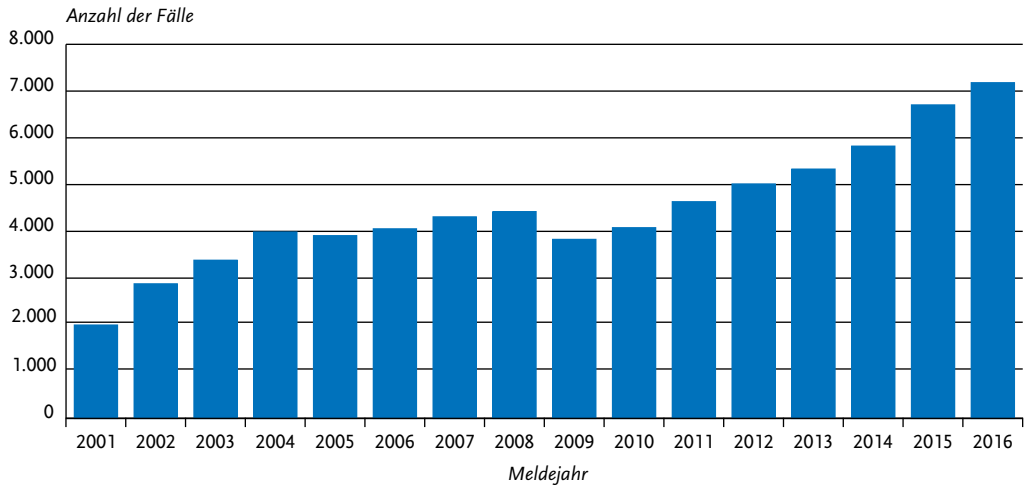
Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Meldungen, die die Fallkriterien erfüllen.

Die Meldedaten zu Syphilis wurden für das Infektionsepidemiologische Jahrbuch 2016 erstmals auf Grundlage eines umfangreichen digitalen Algorithmus zur Prüfung auf und Zusammenlegung von Doppelmeldungen generiert, der das bisher angewandte manuelle Verfahren der Prüfung von Doppelmeldungen ersetzt. Die Regeln des digitalen 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 der digitale Algorithmus einheitlich auf alle seit Einführung des IfSG eingegangenen Syphilis-Meldungen angewandt. Damit ergeben sich auch für die Vorjahre Veränderungen in der Anzahl und den Charakteristika der berichteten Fälle. Der neue Algorithmus und seine Auswirkungen auf die berichteten Fallzahlen werden in einem entsprechenden Artikel im Epidemiologischen Bulletin beschrieben.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden dem RKI 7.178 Syphilis-Fälle gemeldet, 475 (7%) mehr als im Vorjahr. Damit setzt sich der seit 2010 beobachtbare Anstieg der Fallzahlen weiter fort, wenn auch nicht in gleichem Umfang wie im Vorjahr (s. Abb. 6.47.1).

Abb. 6.47.1:
Gemeldete Syphilis-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Geografische Verteilung

Bundesweit lag die Syphilis-Inzidenz im Jahr 2016 mit 8,7 Fällen pro 100.000 Einwohner deutlich über dem Median der 5 Vorjahre (6,6). Ein solcher, zum Teil deutlicher Anstieg war in den meisten Bundesländern zu beobachten, mit Ausnahme von Bremen, Hamburg und Schleswig-Holstein. Die mit Abstand höchsten Inzidenzen wurden in den Stadtstaaten Berlin (35) und Hamburg (19) registriert. Leicht höher als im Bundesdurchschnitt lag die Inzidenz auch in Nordrhein-Westfalen (9,4). Am niedrigsten war die Inzidenz in Brandenburg (4,5), Thüringen (4,3) und Schleswig-Holstein (3,0; s. Abb. 6.47.2).

Vergleichsweise hohe Inzidenzen von über 20 Fällen/100.000 Einw. waren außer in Berlin noch in den Städten Köln (33), München (30), Frankfurt (26), Düsseldorf (24), Leipzig (23) und Nürnberg (21) zu verzeichnen (s. Abb. 6.47.3).

Für 5.217 Fälle (73 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht. Die meisten Nennungen (4.852; 92 %) entfielen auf Deutschland. Die am häufigsten genannten weiteren wahrscheinlichen Infektionsländer waren Spanien (49 Nennungen), Thailand (38), Rumänien (25), USA (18), Brasilien (16), Bulgarien (15), Polen (14), Großbritannien (12), die Türkei und die Rus-

sische Föderation (je 11) sowie Österreich und Frankreich (je 10).

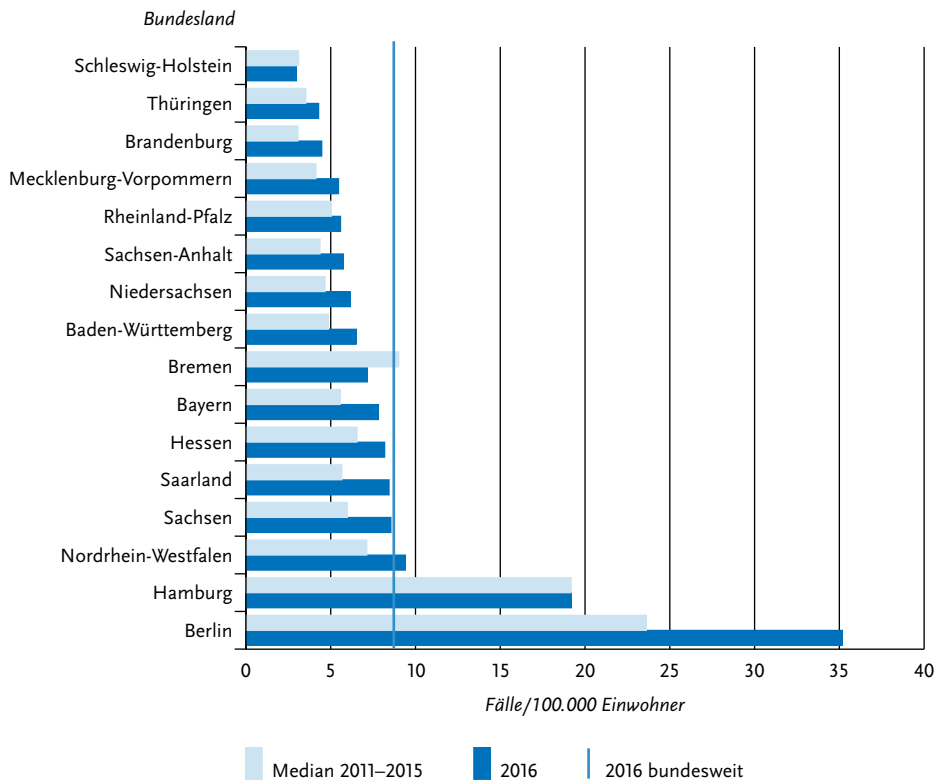
Demografische Verteilung

Der Anteil der Frauen unter den Syphilis-Fällen lag bei 6,3 % und blieb somit im Vergleich zum Vorjahr (6,7 %) annähernd stabil. Absolut betrachtet verblieb die Zahl der Syphilis-Fälle bei Frauen (450) auf dem Niveau des Vorjahres (448). Die Anzahl der Fälle bei Männern (6.718) stieg dagegen erheblich (um 471; 7,5 %). Mit 17 Fällen/100.000 Einw. lag die Inzidenz bei Männern um ein Vielfaches höher als bei Frauen (1,1). Die höchste Inzidenz (36) wiesen Männer in der Altersgruppe der 30- bis 39-Jährigen auf; die Altersgruppen der 25- bis 29-Jährigen und der 40- bis 49-Jährigen (je 31) waren ähnlich stark betroffen. Bei Frauen wies die Altersgruppe der 20- bis 24-Jährigen die höchste Inzidenz (3,6) auf, gefolgt von den 25- bis 29-Jährigen (3,0) und den 30- bis 39-Jährigen (2,3) (s. Abb. 6.47.4).

Infektionsrisiken

Angaben zum Infektionsrisiko lagen für 75 % der Fälle vor. Unter diesen machte der Anteil der Fälle, die vermutlich über sexuelle Kontakte zwischen Männern (MSM) übertragen wurden, 83 % aus

Abb. 6.47.2:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland,
2016 (n=7.175) im Vergleich mit den Vorjahren



und lag damit etwa auf dem Niveau der Vorjahre. Der Anteil der wahrscheinlich heterosexuell erworbenen Infektionen lag bei 17 %.

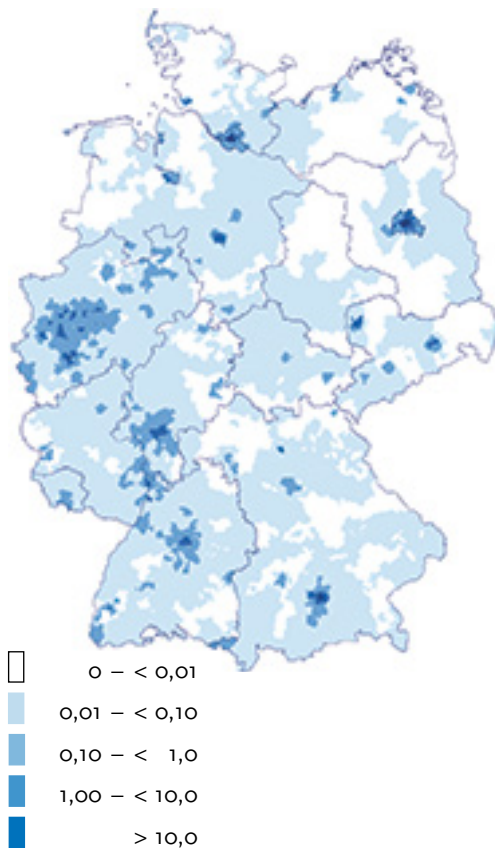
Bei MSM stieg die Anzahl der Fälle gegenüber 2015 in 10 Bundesländern in unterschiedlichem Ausmaß weiter an. Die Fallzahlen unter MSM stiegen besonders stark in Nordrhein-Westfalen (von 886 auf 1.009) und Baden-Württemberg (327 auf 405) an. Im Vergleich zum Vorjahr fiel der Anteil der Fälle, bei denen Prostitutionskontakte als Infektionsquelle angegeben wurden (n=127), um 26 % ab, die Zahl der Diagnosen, die im Kontext der Ausübung von Sexarbeit erworben wurden (n=64), fiel um 44 %.

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 2015 wurden jeweils zwischen 1 und 5 Fällen konnataler Syphilis bei Neugeborenen gemeldet. Im Jahr 2016 waren es 3 Fälle.

Die Mehrheit der in den WHO-Regionen Europa, Amerika, Südostasien und West-Pazifik erworbenen Infektionen mit Angabe zum Infektionsrisiko waren auf sexuelle Kontakte zwischen Männern zurückzuführen (84 %, 75 %, 63 % und 67 % der Fälle mit Angabe zum Infektionsrisiko). Ein heterosexuelles Übertragungsrisiko überwog dagegen unter Fällen, die ein afrikanisches Land (63 % aller Fälle mit entsprechender Angabe) oder ein Land der Region Östliches Mittelmeer (100 % aller Fälle mit entsprechender Angabe) als

Abb. 6.47.3:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach
Postleitzbereich (geglättet), Deutschland, 2016 (n=7.175)



wahrscheinliches Infektionsland angegeben hatten.

Datenqualität

Die Gesamtzahl der eingegangenen Meldungen einschließlich der Meldungen, die nicht den Fallkriterien entsprachen, stieg von 8.719 im Jahr 2015 auf 9.064 im Jahr 2016 an. Das Verhältnis von Erstmeldungen zu Doppelmeldungen blieb dabei seit dem Jahr 2011 annähernd stabil.

Die entsprechende Entscheidung und Zuordnung war angesichts des Fehlens einer eindeutigen fallbezogenen Kodierung schwierig und wird

auf Grundlage des oben genannten digitalen Doppelmeldungsalgorithmus getroffen, der auf Basis soziodemografischer, labordiagnostischer und klinischer Merkmale die eingehenden Meldungen auf potenzielle Doppelmeldungen prüft.

Fazit

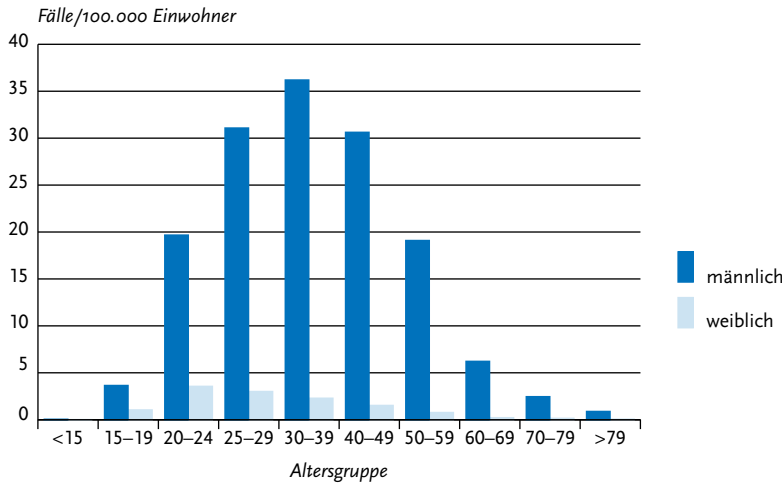
Der seit 2010 beobachtete Anstieg von Syphilis-Fällen in Deutschland setzte sich auch im Jahr 2016 weiter fort. Insbesondere städtische Ballungszentren wiesen hohe Inzidenzen auf, auch hier zum Teil mit deutlichen Anstiegen gegenüber dem Vorjahr. Diese Anstiege waren im Jahr 2016 wie in den Vorjahren fast ausschließlich auf Infektionen bei MSM zurückzuführen.

Die aktuelle epidemiologische Lage der Syphilis in Deutschland ähnelt der Situation anderer westeuropäischer 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 2016 wurden nur 3 solcher Fälle gemeldet. Gerade deshalb sollte sichergestellt werden, dass der Syphilis-Test schwangeren Frauen unabhängig von ihrem Krankenversicherungsstatus angeboten wird.

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. Gerade in den großstädtischen Ballungszentren sollten die zumeist bereits gut etablierten Präventions-, Diagnostik- und Behandlungsangebote insbesondere für MSM aufrechterhalten und ggf. weiter ausgebaut werden. Zur Sicherstellung einer hohen Inanspruchnahme sollten diese möglichst niedrigschwellig sein und eine gute Überführung in die Behandlung sicherstellen. 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.

Abb. 6.47-4:
Gemeldete Syphilis-Fälle pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=7.163)



Neuere Ansätze wie etwa »Home Collection« von Proben durch die Personen mit potenzieller Infektion selbst, sollten kritisch evaluiert werden.

Literaturhinweise

- Deutsche STI-Gesellschaft (2014): *S2k-Leitlinie zur Diagnostik und Therapie der Syphilis*. AWMF-Leitlinie 059/002. <http://www.awmf.org/leitlinien/detail/ll/059-002.html>
- 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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22627
- Jansen K, Thamm M, Bock CT, et al.: *High Prevalence and High Incidence of Coinfection with Hepatitis B, Hepatitis C, and Syphilis and Low Rate of Effective Vaccination against Hepatitis B in HIV-Positive Men Who Have Sex with Men with Known Date of HIV Seroconversion in Germany*. PLoS One 2015; 10:e0142515. doi: 10.1371/journal.pone.0142515.
- Schmidt AJ, Marcus U: *Defizite in den Angeboten zur STI-Diagnostik für Männer mit gleichgeschlechtlichen Sexualkontakten in deutschsprachigen Städten. Ergebnisse des Europäischen MSM-Internet-Surveys (EMIS)*. Bundesgesundheitsbl 2013; 56:1609–1618.
- Meyer T, Schüttler C, Straube E, et al.: *Schnelltest-Diagnostik sexuell übertragbarer Infektionen in niedrighschwelligen Einrichtungen*. Bundesgesundheitsbl 2017; 60:245–254.
- RKI: Ratgeber für Ärzte (2007). www.rki.de/ratgeber

6.48 Tollwut

Kurzbeschreibung

Die Tollwut wird durch das Rabiesvirus Genus *Lysavirus* hervorgerufen, welches typischerweise durch den Speichel infizierter Tiere übertragen wird. 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 (Lähmungen oder Krämpfe, Lichtscheu und Abneigung gegen Wasser) aufgetreten sind.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 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 de-

ren 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

- RKI: *Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017*. Epid Bull 2016; 34:301–340.
 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 für Ärzte (2013). www.rki.de/ratgeber

6.49 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

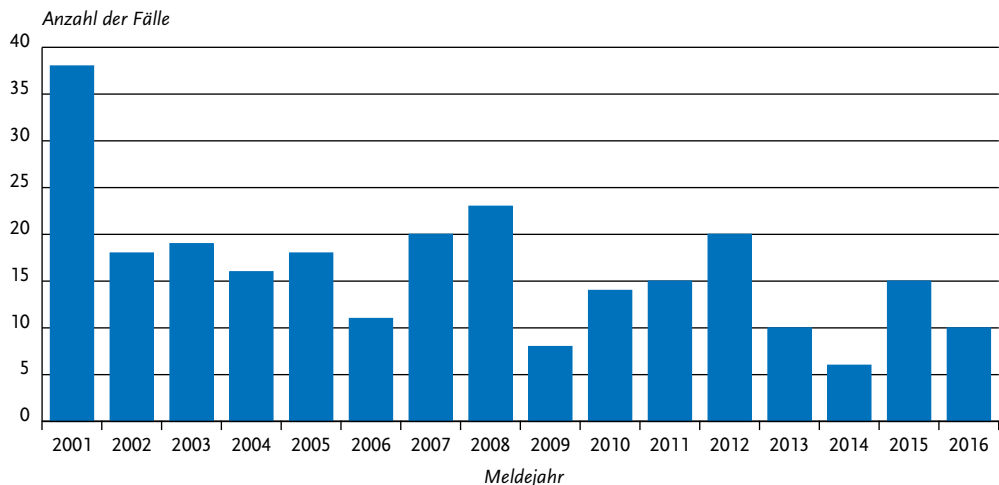
erfolgen. Beim gesunden Erwachsenen verläuft die Infektion in der Regel ohne Symptome, jedoch kann eine erstmalige Infektion in der Schwangerschaft zu schweren Schädigungen (z. B. der Augen oder des Gehirns) beim Ungeborenen führen, die zum Teil erst nach Jahren in Erscheinung treten.

Alle Fälle, für die ein Erregernachweis oder ein Nachweis spezifischer IgM- bzw. IgA-Antikörper vorliegt, werden – soweit es sich um Neugeborene oder Säuglinge handelte – 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 2016 wurden dem RKI 10 Fälle von konnataler Toxoplasmose gemeldet (s. Abb. 6.49.1). Die Meldungen kamen aus 6 Bundesländern und betrafen 5 Jungen und 5 Mädchen. Drei Fälle wurden aus Berlin gemeldet, 2 aus Rheinland-Pfalz, 2 aus Niedersachsen und je einer aus Mecklenburg-Vorpommern, Bayern und Sachsen. Für 6 Fälle wurde das wahrscheinliche Infektionsland angegeben. Dies war für alle Deutschland.

Abb. 6.49.1:
Gemeldete Toxoplasmose-Fälle nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Datenqualität

Es ist insgesamt von einer sehr hohen Untererfassung der konnatalen Toxoplasmose durch das Meldesystem auszugehen. Die Häufigkeit der Diagnose ist abhängig von der Durchführung einer erregerspezifischen Diagnostik bei Mutter und Kind. 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 für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.50 Trichinellose

Kurzbeschreibung

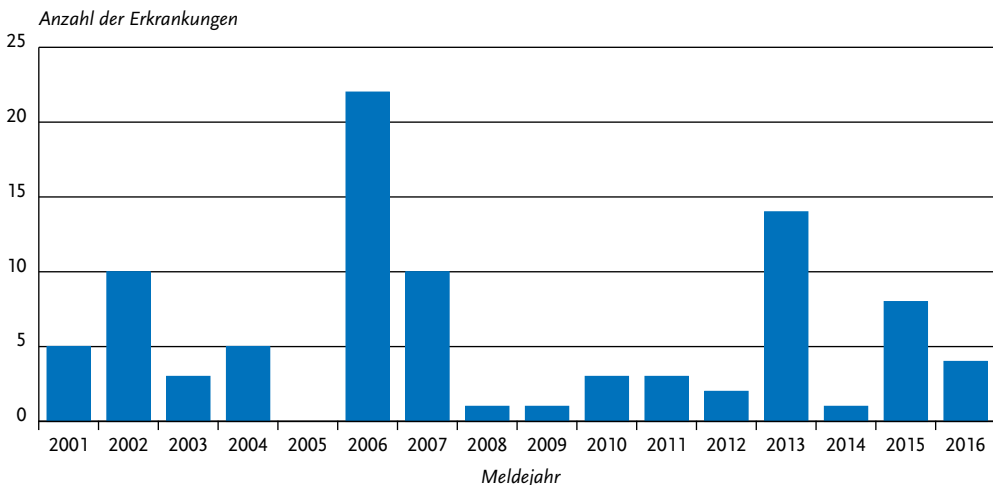
Die Trichinellose (oder Trichinose) wird durch einen Nematoden (Fadenwurm) der Spezies *Trichinella* hervorgerufen. Der Mensch infiziert sich durch den Verzehr von nicht ausreichend durcherhitztem, kontaminiertem Fleisch, insbesondere vom Wildschwein oder Schwein. Die aufgenommenen Larven werden im Darm freigesetzt und wandern bevorzugt in Muskelzellen, wo sie sich verkapseln. Das kann zunächst mit Bauchbeschwerden, später mit Muskelschmerzen und Schwellungen im Augenbereich einhergehen. Aufgrund der weitverbreiteten modernen Haltungsformen in der Schweinemast und der im Rahmen der amtlichen Fleischuntersuchung durchgeführten Trichinenuntersuchungen tritt die Erkrankung in Deutschland selten auf.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden dem RKI 4 Trichinellosen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Abb. 6.50.1). Betroffen waren 3 Männer und eine Frau im Alter von 26 bis 59 Jahren. Eine der Erkrankungen trat im Zusammenhang mit einem großen Trichinellose-Ausbruch im Rahmen einer Familienfeier in Serbien auf. Für die restlichen 3

Abb. 6.50.1:

Übermittelte Trichinellose-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



Erkrankungen ließ sich keine Infektionsquelle ermitteln.

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 für Ärzte (2013). www.rki.de/ratgeber

6.51 Tuberkulose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **5.915**
- ▶ Nach deutlichem Anstieg der Tuberkulose im Jahr 2015 ist die Zahl 2016 weitgehend unverändert und damit auf ähnlich hohem Niveau wie zuletzt vor etwa 10 Jahren
- ▶ Ca. drei Viertel der Erkrankungen (76 %) traten als Lungentuberkulose auf, davon 76 % als offene Form der Lungentuberkulose, ca. die Hälfte (53 %) der offenen Lungentuberkulosen war mikroskopisch positiv und damit besonders infektiös
- ▶ Der Anteil erfolgreicher Behandlungen lag 2015 bei 77 % und blieb damit unter dem WHO-Ziel (85 %)

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 Lungentuberkulose (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. 6.51.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2016 wurden dem RKI 5.915 Tuberkulose-Erkrankungen übermittelt. Dies entsprach einer Inzidenz von 7,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (2015: 7,1 Erkr./100.000 Einw.). Nach deutlichem Anstieg der Tuberkulose im Jahr 2015 blieb die Zahl 2016 weitgehend unverändert (2015: 5.852 Erkrankungen, Anstieg um 1,1 %) und damit auf ähnlich hohem Niveau wie zuletzt vor etwa 10 Jahren (Abb. 6.51.1).

Geografische Verteilung

Die Inzidenz war – mit Ausnahme von Mecklenburg-Vorpommern – in allen Bundesländern höher als im Vergleich zum Median der vergangenen 5 Jahre (s. Abb. 6.51.2). Insbesondere in den Stadtstaaten Hamburg (11 Erkr./100.000 Einw.), Berlin (11) und Bremen (9,7) lag die Inzidenz deutlich über der bundesweiten Inzidenz von 7,2. Auch die Inzidenzen der Bundesländer Hessen (9,8), Bayern (7,9), Rheinland-Pfalz (7,6) sowie Nordrhein-Westfalen (7,3) lagen über dem bundesweiten Durchschnitt. Die Länder mit den niedrigsten Inzidenzen waren Schleswig-Holstein (4,7), Mecklenburg-Vorpommern (4,7) und das Saarland (4,4).

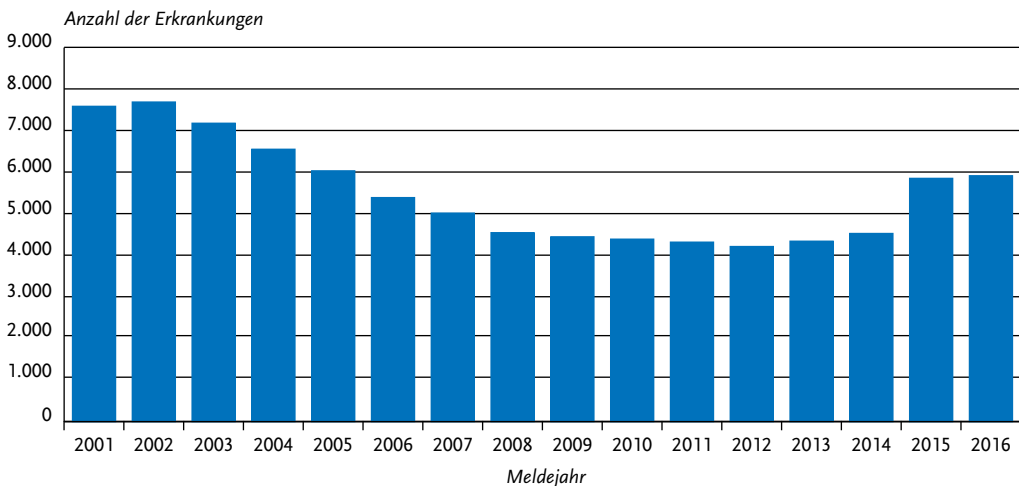
Demografische Verteilung

Die Zahl der übermittelten Tuberkulosen bei Kindern unter 15 Jahren hat sich mit 233 Erkrankungen gegenüber dem Vorjahr (196) erhöht. Jungen erkrankten etwas häufiger als Mädchen (123 gegenüber 109 Erkrankungen). Die durchschnittliche Inzidenz betrug 2,1 Erkr./100.000 Kinder. Wie in den vergangenen Jahren war die höchste Inzidenz mit 2,9 bei Kleinkindern unter 5 Jahren zu verzeichnen (104 Erkrankungen).

Tab. 6.51.1:
Übermittelte Tuberkulose-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	1.446	24 %	1.566	25 %
klinisch-epidemiologisch (B)	63	1 %	78	1 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	4.343	72 %	4.271	69 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	128	2 %	188	3 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	19	0 %	62	1 %
alle	5.999	100 %	6.165	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	5.852	98 %	5.915	96 %

Abb. 6.51.1:
Übermittelte Tuberkulose-Erkrankungen, Deutschland, 2001 bis 2016



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 6,5. Die Gesamtinzidenz bei männlichen Erkrankten betrug 9,9 und war damit mehr als doppelt so hoch wie bei den weiblichen Erkrankten (4,6). Die deutlich höhere Erkrankungs-

häufigkeit bei Jungen und Männern manifestierte sich ab dem 15. Lebensjahr (s. Abb. 6.51.3).

Nachgewiesene Erreger

Eine Differenzierung der verschiedenen Spezies innerhalb des *M. tuberculosis*-Komplexes wurde für insgesamt 3.703 (63 %) der 5.915 Erkrankungen vorgenommen. Von diesen machte *M. tuberculosis* mit 97 % (3.591 Erkrankungen) den Hauptanteil aus. Eine Infektion mit *M. africanum* war bei 53 Erkrankten (1,4 %) angegeben worden; *M. bovis*

Abb. 6.51.2:
Übermittelte Tuberkulose-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=5.908) im Vergleich mit den Vorjahren

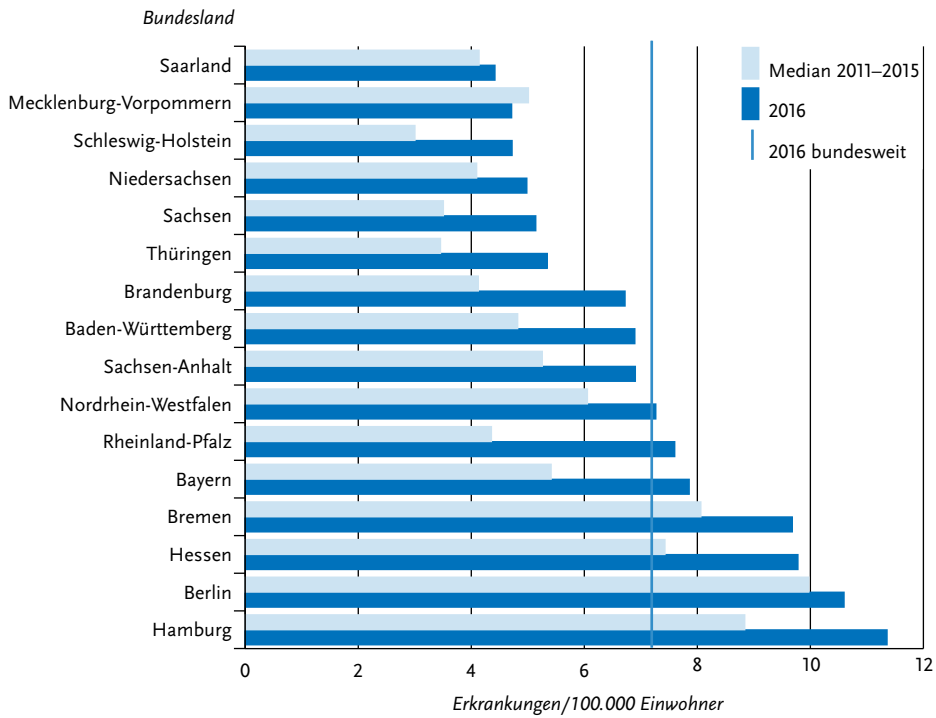
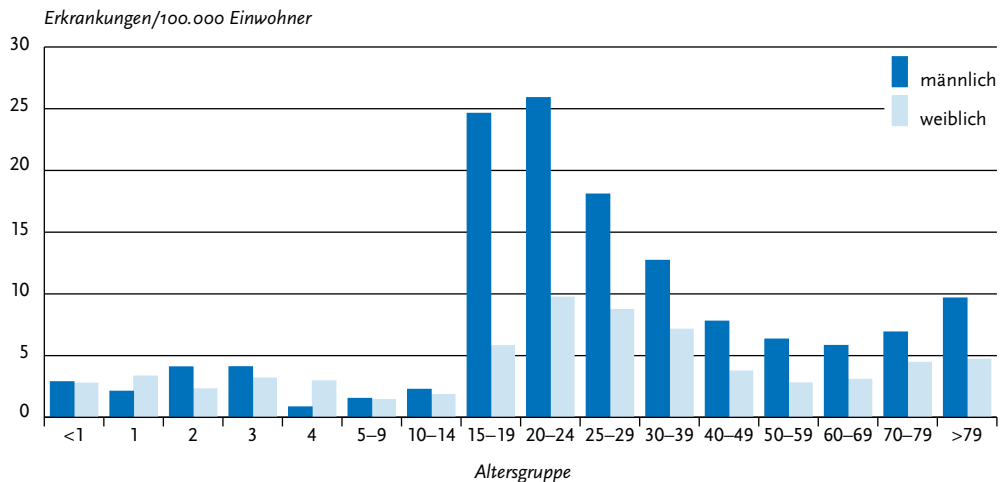


Abb. 6.51.3:
Übermittelte Tuberkulose-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=5.904)



wurde 56-mal (1,5%), *M. microti* zweimal und *M. canettii* einmal genannt.

Für 722 Erkrankungen wurde lediglich die Angabe »*M.-tuberculosis*-Komplex« ohne weitere Differenzierung übermittelt.

Klinische Aspekte

Mit einem Anteil von 76 % (4.397 von 5.789 Erkrankungen, zu denen entsprechende Angaben vorlagen) trat die Tuberkulose als Lungentuberkulose auf, während sich 24 % der Erkrankungen (1.392 von 5.789) ausschließlich extrapulmonal manifestierten. Dabei waren die Lymphknoten mit insgesamt 13 % der Erkrankungen (748 von 5.789 der Erkrankungen) am häufigsten betroffen – extrathorakale Lymphknoten: 9,2 % (532 Erkrankungen); intrathorakale Lymphknoten: 3,7 % (216 Erkrankungen). Unter den Lungentuberkulosen betrug der Anteil der offenen Form 76 % (3.362 von 4.397 Erkrankungen). Dabei handelte es sich in 53 % (1.774 von 3.362 Erkrankungen) um die besonders infektiöse, mikroskopisch positive Form. Der Anteil der geschlossenen Form der Lungentuberkulose betrug 24 % (1.035 von 4.397 Erkrankungen).

Ein krankheitsbedingter Tod an Tuberkulose wurde in 100 von 5.740 Erkrankungen mit entsprechender Angabe übermittelt. Dies entsprach einer Letalität von 1,7 %, wobei diese bei den über 79-Jährigen mit 11 % (33 Todesfälle) am höchsten war. Bei Kindern und jungen Erwachsenen unter 20 Jahren wurde kein krankheitsbedingter Todesfall verzeichnet.

Ausbrüche

Für das Jahr 2016 wurden 60 Ausbrüche mit insgesamt 160 Erkrankungen übermittelt. Davon waren für 3 Ausbrüche 5 assoziierte Erkrankungen und für einen Ausbruch 12 assoziierte Erkrankungen übermittelt worden. Bei den restlichen 56 Ausbrüchen (mit insgesamt 133 Erkrankungen) handelte es sich um Geschehen mit jeweils 2 bis assoziierten 4 Erkrankungen. Die Anzahl der Ausbrüche, die für das Jahr 2015 übermittelt wurden, wurde von ursprünglich 47 mit insgesamt 117 Erkrankungen (Datenstand: 01.03.2016) auf nunmehr 61 Ausbrüche mit insgesamt 160 Erkrankungen aktualisiert.

Behandlungsergebnis für 2015

Die folgenden Ergebnisse gelten für das Jahr 2015. Entsprechende Daten für 2016 lagen noch nicht vollständig vor und werden erst im nächsten Jahr veröffentlicht (s. Datenqualität).

Von den im Jahr 2015 gemäß Referenzdefinition übermittelten 5.852 Erkrankungen wurden für 4.828 Erkrankungen (83 %) Angaben zum Behandlungsergebnis übermittelt (2014: 88 %; 3.963 von 4.526 Erkrankungen zum aktualisierten Stichtag 01.03.2017). Eine erfolgreiche Behandlung – d.h. eine Heilung bzw. eine vollständig durchgeführte Behandlung über den geplanten Zeitraum – wurde für 3.728 Erkrankte (77 %) übermittelt. Im Vergleich zum Jahr 2014 (3.165 Erkrankungen; 80 %) hat der Anteil der erfolgreich abgeschlossenen Behandlungen leicht abgenommen. Die Zielsetzung der WHO, die einen 85 %igen Behandlungserfolg vorsieht, wurde in Deutschland nicht erreicht. Das galt auch für Kinder unter 15 Jahren. Hier lag der Anteil erfolgreicher Behandlungen bei 79 % (128 Erkrankungen) und damit unter dem entsprechenden Anteil des Vorjahres (2014: 121 Erkrankungen; 96 %).

Bei 307 Erkrankungen (6,4 %) dauert die Behandlung noch an, so dass hier noch kein endgültiges Behandlungsergebnis vorliegt. Für weitere 245 Patienten (5,1 %) konnte vom zuständigen Gesundheitsamt das endgültige Behandlungsergebnis nicht ermittelt werden, da diese während der Behandlung ins Ausland oder unbekannt verzogen waren. Bei 160 Erkrankungen (3,3 %), ähnlich wie im Vorjahr (2014: 134 Erkrankungen; 3,4 %), wurde ein Behandlungsabbruch angegeben. Bei 6 Erkrankungen (0,1 %; 2014: 7 Erkrankungen; 0,2 %) wurde ein Versagen der Behandlung übermittelt. Insgesamt 382 Patienten (7,9 %) waren vor oder während der Behandlung an Tuberkulose (134 Erkrankungen; 2,8 %), oder an anderen Ursachen (248 Erkrankungen; 5,1 %) 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 im vergangenen Jahr erneut gestiegen: Er liegt derzeit bei 4 % (250 Fälle) und hat sich damit gegenüber dem Vorjahr (2 %, 147 Fälle) nahezu verdoppelt. In den Jahren 2014 und 2013 wurden indes lediglich 44 und 22 Fälle registriert, die nicht die Referenzdefinition erfüllten. Insgesamt bedarf es einer weiteren Verbesserung der Datenqualität und Vollständigkeit verschiedener Einzelparameter.

Fazit

Die Zahl der Tuberkulose-Erkrankungen in Deutschland im Jahr 2016 ist gegenüber dem Jahr 2015 weitgehend unverändert, damit aber auf ähnlich hohem Niveau wie zuletzt vor etwa 10 Jahren. Die gegenwärtigen Zahlen hängen mit den aktuellen Migrationsbewegungen und Anstrengungen bei der Fallfindung zusammen.

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. Auch der hohe Anteil offener, und damit infektiöser Lungentuberkulosen zeigt, dass die Tuberkulose in Deutschland ein relevantes Gesundheitsproblem darstellt.

Sowohl die Datenvollständigkeit zum Behandlungsergebnis als auch die Anzahl erfolgreich behandelter Patienten waren für das Jahr 2015 geringer als im Vorjahr. 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 es 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

- Brodhun B, Altmann D, Hauer B, Fiebig L, Haas W: *Bericht zur Epidemiologie der Tuberkulose in Deutschland für 2015*. <http://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/T/Tuberkulose/Download/TB2015.html>
- WHO: *Global Tuberculosis Report 2016*. www.who.int/tb/publications/global_report/en
- Fiebig L, Kohl TA, Popovici O, et al.: *A joint cross-border investigation of a cluster of multidrug-resistant tuberculosis in Austria, Romania and Germany in 2014 using classic, genotyping and whole genome sequencing methods: lessons learnt*. Euro Surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22686
- ECDC/WHO: *Tuberculosis surveillance and monitoring in Europe 2015*. <http://ecdc.europa.eu/en/publications/Publications/tuberculosis-surveillance-monitoring-Europe-2015pdf>
- an der Heiden M: *Kontaktpersonen-Nachverfolgung nach einem Todesfall eines XDR-Tuberkulosepatienten in einem Flugzeug, Deutschland 2013*. *Epid Bull* 2017; 13:113–117.
- Fiebig L, Hauer B: *Welttuberkulosekongress 2017 – Gemeinsam gegen Tuberkulose*. *Epid Bull* 2017; 11/12:99–100.
- RKI: *Informationen zu einem internationalen molekularen Cluster von Fällen mit multiresistenter Tuberkulose*. *Epid Bull* 2016; 50:561.
- RKI: *Tuberkulose in Deutschland: Ende des rückläufigen Trends?* *Epid Bull* 2015; 43:461–463.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2013). www.rki.de/ratgeber

6.52 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 2016 wurden 41 Erkrankungen an Tularämie übermittelt, die höchste Fallzahl seit 2001 (s. Abb. 6.52.1). Die Erkrankten kamen aus 10 Bundesländern (1 bis 12 Erkrankungen je Bundesland). Für 24 Erkrankungen wurde Deutschland als wahrscheinliches Infektionsland angegeben, für jeweils eine Erkrankung Georgien, Serbien, Spanien und Ungarn. Betroffen waren 25 Personen männlichen und 16 Personen weiblichen Geschlechts verschiedener Altersgruppen. Die jüngste Erkrankte war ein 1-jähriges Mädchen, die älteste Erkrankte war 83 Jahre alt.

Drei Ausbrüche wurden übermittelt: ein Ausbruch mit 6 Erkrankungen trat im Rahmen einer Weinlese und dem Verzehr von kontaminiertem Traubenmost auf, 2 Ausbrüche mit jeweils 2 Erkrankungen im Rahmen von 2 Freizeitjagden und dem Umgang und Verzehr des erlegten Wildes. Todesfälle wurden 2016 nicht übermittelt.

Literaturhinweise

- Boone I, Hassler D, Nguyen T, Splettstoesser WD, Wagner-Wiening C, Pfaff G: *Tularaemia in southwest Germany: Three cases of tick-borne transmission*. Ticks Tick Borne Dis 2015; 6:611–614.
- 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 für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.53 Typhus abdominalis

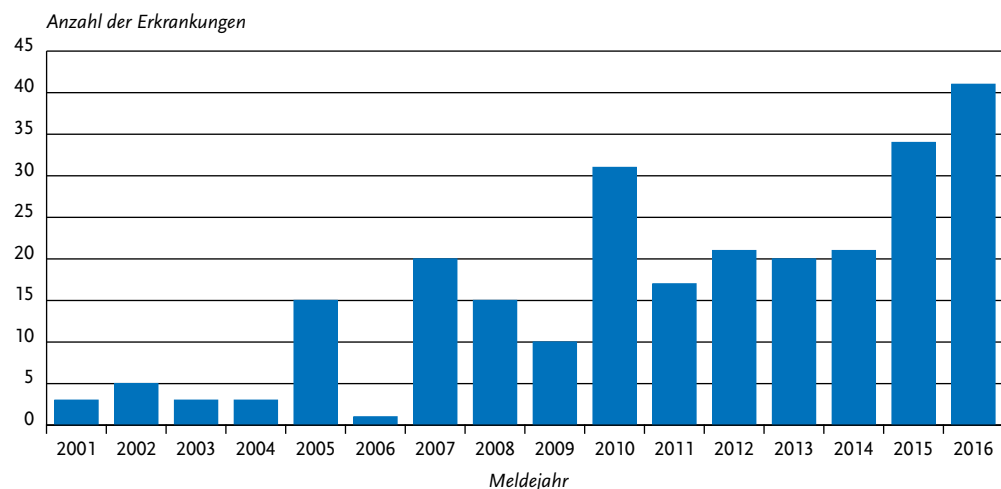


- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **60**
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern zwischen 5 und 9 Jahren
- ▶ Überwiegend im Ausland erworbene Erkrankung bei Nichtgeimpften
- ▶ Seit Jahren ähnliche Fallzahlen
- ▶ 2 Ausbrüche mit je 2 Erkrankungen

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

Abb. 6.52.1:
Übermittelte Tularämie-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



direkte fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch selten. Ohne antibiotische Behandlung können 2 bis 5 % der Patienten zu Dauerausscheidern werden. Selten kann dies auch nach einer Antibiotikabehandlung vorkommen.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf die Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.53.1).

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden 60 Erkrankungen übermittelt. Dies entspricht in etwa dem Durchschnitt der

Anzahl der jährlichen Erkrankungen seit dem Jahr 2001 (s. Abb. 6.53.1). Die höchsten Erkrankungszahlen traten in den Monaten April, September und Oktober auf.

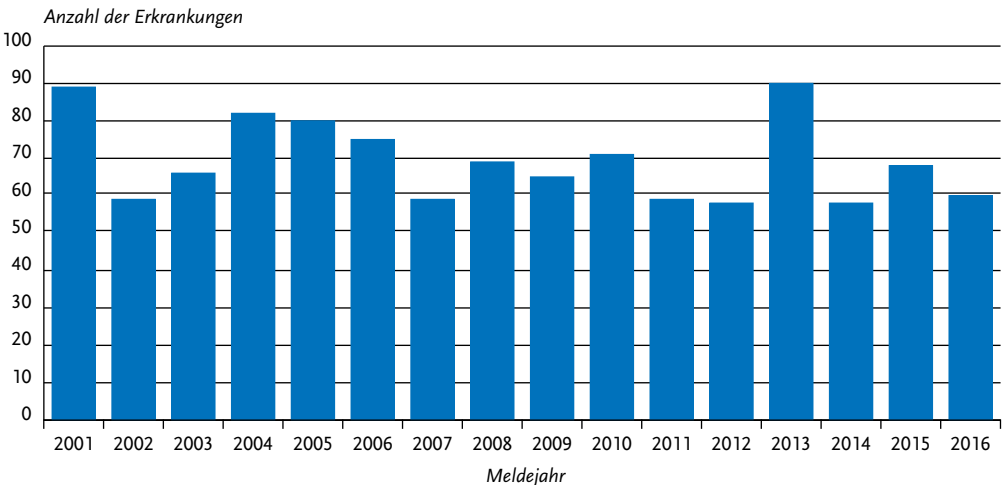
Geografische Verteilung

Die Gesamtinzidenz betrug 0,07 Erkrankungen/100.000 Einwohner. Mit Ausnahme vom Saarland, von Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt, Schleswig-Holstein und Thüringen wurden aus allen Bundesländern Erkrankungen übermittelt. Die höchsten Inzidenzen wurden in Hamburg, Bremen und Berlin registriert. Für 59 übermittelte Erkrankungen (98 %) lagen Angaben

Tab. 6.53.1:
Übermittelte Typhus-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	2	3 %	0	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	66	87 %	60	94 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	7	9 %	3	5 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	1	1 %	1	2 %
alle	76	100 %	64	100 %
Referenzdefinition (B+C)	68	89 %	60	94 %

Abb. 6.53.1:
Übermittelte Typhus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



zum wahrscheinlichen Infektionsland vor. Dabei entfielen 45 von 63 der Nennungen auf Infektionsländer in Asien. Am häufigsten wurde Indien als wahrscheinliches Infektionsland mit 19 Nennungen angegeben, gefolgt von Pakistan (13).

Demografische Verteilung

75 % der Erkrankungen traten bei den 10- bis 49-Jährigen auf. Es wurden 33 männliche Fälle (55 %) und 27 weibliche Fälle (45 %) übermittelt.

Klinische Aspekte

Fieber wurde für alle 60 Erkrankten angegeben. Im Zusammenhang mit Typhus abdominalis wurde kein Todesfall übermittelt.

Impfstatus

Für 45 (75 %) Erkrankte lagen Informationen zum Impfstatus vor. Von diesen waren 43 (96 %) nicht gegen Typhus geimpft. Die beiden als geimpft übermittelten Erkrankten wurden mit Typhus-Totimpfstoff geimpft.

Ausbrüche

Im Jahr 2016 wurden 2 Ausbrüche mit jeweils 2 epidemiologisch zusammenhängenden Erkrankungen übermittelt. Ein Ausbruch betraf ein Kind und einen Jugendlichen mit gemeinsamer Exposition in Pakistan. Der zweite Ausbruch umfasste eine Frau und ein Kleinkind einer Familie, die sich zur gleichen Zeit in Pakistan aufhielten.

Fazit

Bei den in Deutschland übermittelten Typhus-Erkrankungen handelte es sich überwiegend um im Ausland erworbene Infektionen bei Nichtgeimpften.

Literaturhinweise

Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: Reiseassoziierte Krankheiten 2015. *Epid Bull* 2016; 39: 431–441.
RKI-Ratgeber für Ärzte (2015). www.rki.de/ratgeber

6.54 Virale hämorrhagische Fieber

Chikungunyavirus-Erkrankung

Kurzbeschreibung

Das **Chikungunyavirus** gehört in die Familie der Togaviren und kommt in zahlreichen afrikanischen Ländern (z. B. Senegal, Gambia, Guinea, Tansania), im Süden und Südosten Asiens (z. B. Philippinen, Malaysia, Thailand, Kambodscha, Myanmar, Sri Lanka, Indien, Indonesien) sowie seit Ende 2013 auch auf einigen karibischen Inseln und in 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 2 bis 7 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 hämorrhagische Verläufe entsprechen würden. Die Erkrankung verläuft selten tödlich. Ab dem Jahrbuch 2017 werden die Chikungunya-Falldaten daher in einem eigenen Kapitel ausgewertet.

Im Januar 2005 kam es auf einigen Inseln vor der Ostküste Afrikas zu einer ausgeprägten Chikungunya-Epidemie. Sie begann auf den Komoren und weitete sich dann auf La Réunion, Mauritius, die Seychellen sowie Madagaskar aus. Eine zweite Epidemie brach im Januar 2006 im Süden Indiens aus. Im Herbst 2007 kam es in Italien in der Provinz Ravenna (Region Emilia-Romagna) zu einem regional begrenzten Ausbruch von Chikungunya-Fieber mit etwa 200 Fällen. Vermutlich wurde das Virus durch einen mit Chikungunya infizierten Reiserückkehrer aus Südindien (Kerala) in die Region eingeschleppt. Das Virus wurde in der lokalen Mückenpopulation (*Aedes albopictus*, Asiatische Tigermücke) nachgewiesen. In den letzten Jahren waren auch Länder in Südostasien zunehmend betroffen. Im Winter 2013/2014 kam es zu einem anhaltenden Chikungunya-Fieber-Ausbruch mit

vielen Tausend Erkrankungen auf verschiedenen Inseln der Karibik (vor allem betroffen waren Martinique, Saint Martin, Guadeloupe). Der Ausbruch breitete sich in gesamt Mittel- und Südamerika aus.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden in Deutschland 74 importierte Chikungunyavirus-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllten. Im Jahr 2015 waren 110 Erkrankungen und in den Jahren davor (seit 2006) jährlich 9 bis 162 Erkrankungen an das RKI übermittelt worden (s. Abb. 6.54.1).

Es erkrankten 46 Frauen und 28 Männer. In den Altersgruppen der 25- bis 59-Jährigen traten 78 % (n=58) aller Erkrankungen auf. Die meisten Erkrankungen wurden im IV. Quartal (n=26) beobachtet.

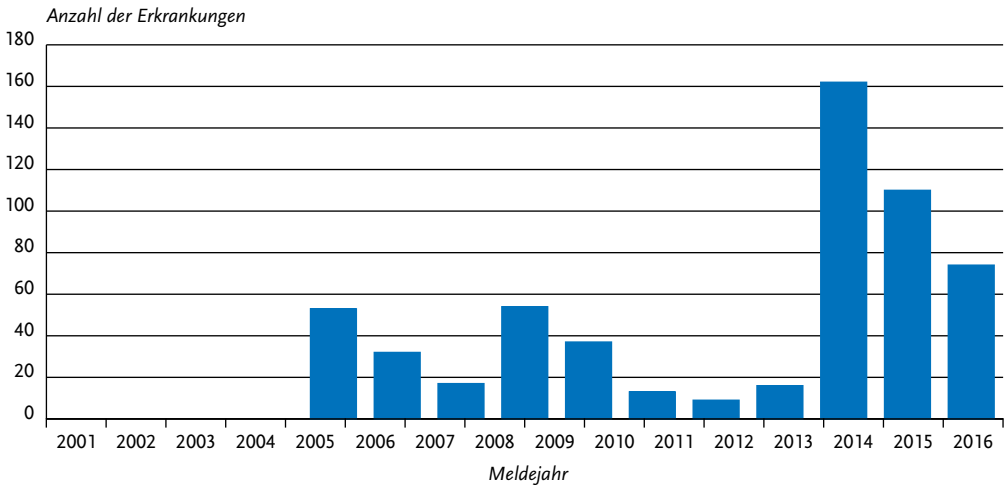
Zwei Häufungen mit jeweils 2 Erkrankungen (jeweils gemeinsame Reiseanamnese) wurden übermittelt. Hämorrhagische Verläufe gemäß WHO-Definition und RKI-Falldefinition sowie Todesfälle traten nicht auf. Für 72 Erkrankungen lagen 76 Nennungen zu wahrscheinlichen Infektionsländern vor (s. Tab. 6.54.1). Die meisten Chikungunyavirus-Erkrankungen wurden in Indien (28) und Brasilien (21) erworben. Auf Mittel- und Südamerika entfielen insgesamt 47 % der Erkrankungen. Gegenüber dem Vorjahr (83 %) ist

Tab. 6.54.1:
Am häufigsten genannte Infektionsländer der übermittelten Chikungunyavirus-Erkrankungen, Deutschland, 2016 (Mehrfachnennungen möglich, 72 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Indien	28	37 %
Brasilien	21	28 %
Kolumbien	3	4 %
Indonesien	2	3 %
Bolivien	2	3 %
Peru	2	3 %
Philippinen	2	3 %
Mexiko	2	3 %
Kenia	2	3 %
Andere	12	16 %
Summe	76	100 %

dieser Anteil deutlich gesunken, was vermutlich ein Abflauen der Epidemie in Mittel- und Südamerika widerspiegelt.

Abb. 6.54.1:
Übermittelte Chikungunyavirus-Erkrankungen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



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

Im Jahr 2016 wurden 2 Lassafieber-Erkrankungen übermittelt. Ende Februar 2016 wurde ein 46-jähriger US-amerikanischer Staatsbürger aus medizinischen Gründen aus dem westafrikanischen Togo nach Deutschland geflogen und verstarb wenige Stunden nach Ankunft mit Multiorganversagen. Die Diagnose Lassavirus-Infektion wurde erst nach dem Tod gestellt. Bei einem 49-jährigen Mann mit beruflichem Kontakt zum Leichnam des Verstorbenen wurde Mitte März eine Lassavirus-Infektion bestätigt. Der Patient wurde auf einer Isolierstation behandelt und hat die Erkrankung überlebt. Bei den Kontaktpersonen zu beiden Erkrankten traten keine weiteren Infektionen auf.

Zuletzt wurde im Jahr 2006 eine Lassafieber-Erkrankung übermittelt, die aus Sierra Leone importiert worden war.

tere Übertragung von Mensch zu Mensch erfolgt dann in der Regel durch Kontakt mit erregerehaltigem Blut oder anderen Körperflüssigkeiten.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden dem RKI keine Ebolafieber- oder Marburgfieber-Erkrankungen übermittelt.

Im Zusammenhang mit dem Ausbruch in Westafrika wurden im Jahr 2014 3 Ebolafieber-Erkrankungen übermittelt. Es handelte sich um internationales medizinisches Personal nicht-deutscher Staatsangehörigkeit, das sich in Westafrika mit dem Ebolavirus infiziert hatte und zu Behandlungszwecken 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.

Situation in Deutschland

Seit 2001 wurde dem RKI keine Gelbfieber-Erkrankung übermittelt.

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. In den bisher untersuchten Ausbrüchen lag die Sterblichkeit zwischen 30 und 90 %. Die primäre Infektionsquelle für den Menschen ist immer noch unklar. Wahrscheinlich spielt Kontakt zu infizierten Menschenaffen oder Fledermäusen eine Rolle. Die wei-

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.

Situation in Deutschland

Im Jahr 2016 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 6 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 2016 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

- 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.
- Frank C, Faber M, Hellenbrand W, Wilking H, Stark K: *Wichtige, durch Vektoren übertragene Infektionskrankheiten beim Menschen in Deutschland*. Bundesgesundheitsbl 2014; 57:557–567.
- Van Bortel W, Dorleans F, Rosine J, et al.: *Chikungunya outbreak in the Caribbean region, December 2013 to March 2014, and the significance for Europe*. *Euro Surveill* 2014. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20759
- Vygen-Bonnet S, Frank C, Stark K: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. *Epid Bull* 2016; 39:431–444.
- 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
- RKI: *Zu einer importierten Lassafieber-Erkrankung*. *Epid Bull* 2016; 10/11:94.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2011). www.rki.de/ratgeber

6.55 Windpocken



- Fälle nach Referenzdefinition 2016: **25.027**
- Vierthäufigste meldepflichtige Krankheit
- Höchste Inzidenz bei Kindern im Alter von 0–9 Jahren
- Überwiegende Anzahl der Erkrankten ungeimpft trotz geltender Empfehlung
- **1.249** Ausbrüche mit 5.489 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Windpocken (Varizellen) sind die klinische Manifestation einer exogenen Erstinfektion mit dem Varicella-Zoster-Virus (VZV). Windpocken sind hochansteckend. Die Übertragung erfolgt durch

Tropfen, 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).

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf Windpocken-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen. Die Zahlen in der Tabelle 6.55.1 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 2016 wurden insgesamt 25.027 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 14. Meldewoche mit 766 übermittelten Erkrankungen, das Minimum in der 32. Meldewoche mit 200 Erkrankungen

(s. Abb. 6.55.1). Die Gesamtzahl der übermittelten Erkrankungen war etwas höher als in den beiden Vorjahren. Während im ersten Halbjahr 2016 in fast allen Meldewochen mehr Erkrankungen übermittelt wurden als 2015, waren es im zweiten Halbjahr 2016 überwiegend weniger Erkrankungen pro Woche als 2015.

Geografische Verteilung

Die geografische Verteilung der Windpocken-Erkrankungen unterschied sich nur gering von der im Vorjahr. Die bundesweite Inzidenz lag mit 30 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner leicht über der Vorjahresinzidenz von 28. In 4 Bundesländern (Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen, Niedersachsen und Sachsen-Anhalt) lagen die Inzidenzen 2016 unter denen des Vorjahres, in allen anderen Bundesländern lagen sie darüber. Wie im Vorjahr bestanden zwischen den Bundesländern große Inzidenzunterschiede mit den höchsten Inzidenzen in Berlin (60) und Bremen (51), und den niedrigsten im Saarland (13) und in Mecklenburg-Vorpommern (12). Auch die Inzidenzen in Sachsen (45), Bayern (43), Brandenburg (34) und Baden-Württemberg (34) lagen über dem Bundesdurchschnitt und in den übrigen 8 Bundesländern in einer Spanne zwischen 15 (Thüringen) und 30 (Hamburg) (s. Abb. 6.55.2).

Demografische Verteilung

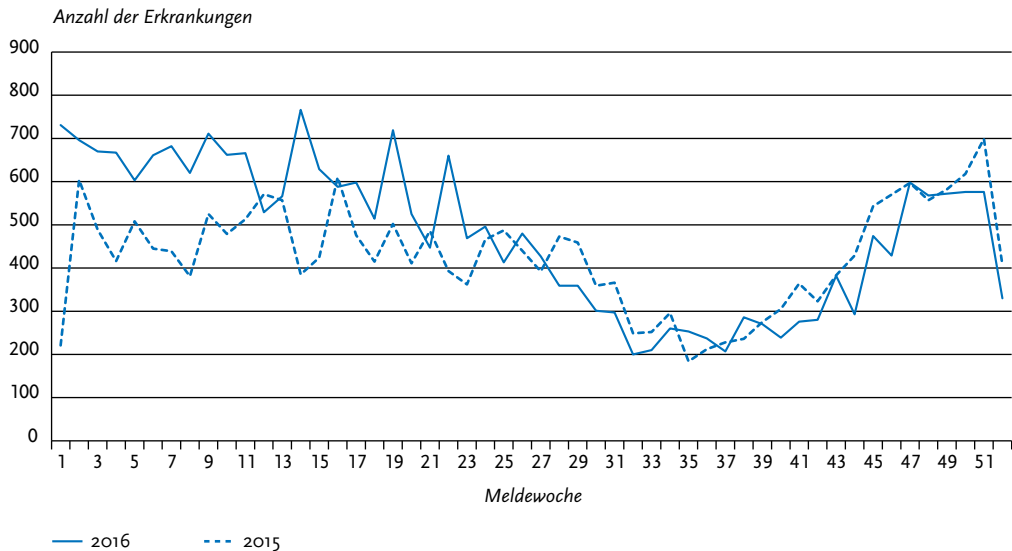
Die Altersverteilung der Erkrankungen glich der aus dem Vorjahr: 72 % der übermittelten Erkrankungen betrafen Kinder im Alter von 0 bis 9 Jah-

Tab. 6.55.1:

Übermittelte Windpocken-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
nur klinisch (A)	16.057	66 %	17.548	69 %
klinisch-epidemiologisch (B)	4.908	20 %	5.669	22 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	1.787	7 %	1.810	7 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	888	4 %	280	1 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	698	3 %	128	1 %
alle	24.338	100 %	25.435	100 %
Referenzdefinition (A+B+C)	22.752	93 %	25.027	98 %

Abb. 6.55.1:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2015 bis 2016



ren. Dementsprechend waren die altersspezifischen Inzidenzen in diesen Altersgruppen am höchsten und stiegen von 192 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner im ersten Lebensjahr auf einen Gipfel von 332 im Alter von 4 Jahren an; bei den 5- bis 9-Jährigen lag die Inzidenz noch bei 247. Bei den 25- bis 39-Jährigen lag die Inzidenz unter 10, bei den 40- bis 49-Jährigen bei 4 und ab einem Alter von 50 Jahren unter 3. Höhere Inzidenzen als im Vorjahr wurden bei 4-Jährigen sowie bei den 5- bis 9-Jährigen gemessen, in den anderen Altersgruppen waren die Inzidenzen ähnlich wie im Vorjahr. Geschlechtsspezifische Inzidenzunterschiede waren in allen Altersgruppen nur gering ausgeprägt, wobei die Gesamtinzidenz bei Jungen und Männern leicht über der bei Mädchen und Frauen lag (32 zu 28; Abb. 6.55.3).

Klinische Aspekte

Im Jahr 2016 wurden keine Todesfälle an Windpocken übermittelt.

Impfstatus

Seit 2004 empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) die Impfung gegen Windpocken für alle Kinder im Alter von 11 bis 14 Monaten mit ei-

ner 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 Überträger der Windpocken auf solche Risikogruppen infrage kommen. Bis zum Alter von 12 Jahren kann die Impfung mit einem Kombinationsimpfstoff gegen Masern, Mumps, Röteln und Varizellen erfolgen. Außerdem stehen monovalente Varizellen-Impfstoffe für alle Altersgruppen ab 12 Monaten 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 entweder schon in der Inkubationszeit nach Kontakt und die Impfung konnte den Ausbruch

Abb. 6.55.2:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=25.023) im Vergleich zum Vorjahr

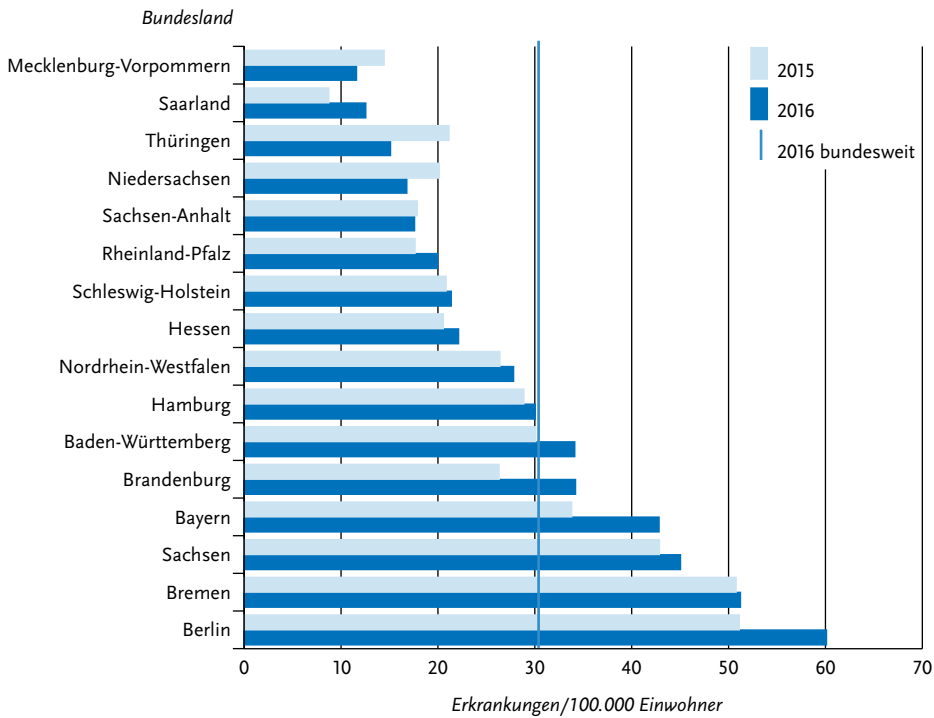
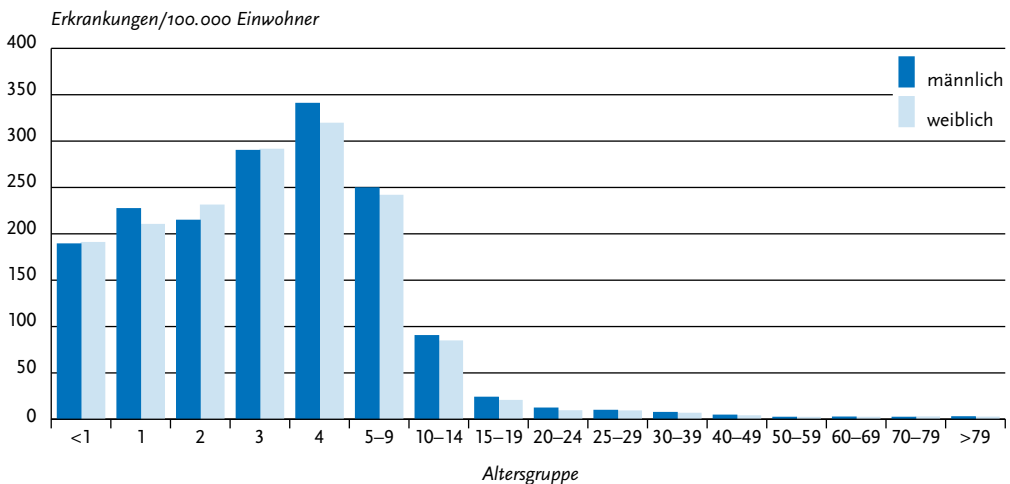


Abb. 6.55.3:
Übermittelte Windpocken-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=24.817)



der Windpocken nicht mehr verhindern oder es kam zu den sog. Impfvarizellen als direkte aber seltene Folge der Impfung.

Angaben zum Impfschutz lagen bei 20.608 (82 %) von 25.027 Erkrankungen vor; die meisten Erkrankten ($n=17.796$; 86 % der Erkrankten mit Angabe zum Impfschutz) waren nicht geimpft. Von den 2.812 als geimpft übermittelten Erkrankten waren bei 907 (32 %) die Angaben zum Impfstatus unvollständig oder nicht valide (450-mal lagen gar keine oder keine konsistenten Angaben zur Anzahl der Impfungen vor, 392-mal war das Impfdatum nicht oder nicht konsistent angegeben worden, 65-mal konnten der zeitliche Abstand zwischen Impfung und Erkrankung oder das Impfalter nicht valide bestimmt werden), sodass für diese Erkrankten keine Einschätzung über den Impfstatus zum Zeitpunkt der Erkrankung vorgenommen werden konnte. Von den 1.905 verbleibenden Erkrankten waren 182 nicht zeitgerecht geimpft (erste Impfung während der Inkubationszeit). Für 612 Erkrankte kann ein unvollständiger Impfschutz mit nur einer Impfung zum Zeitpunkt der Infektion angenommen werden. Unvollständig geimpft waren auch 19 Erkrankte, die ihre zweite Impfung weniger als 42 Tage vor Erkrankungsbeginn erhalten hatten. Als wahrscheinliche Impfdurchbrüche müssen 1.092 Erkrankungen nach 2 zeitgerechten Impfungen eingestuft werden (Abb. 6.55.4).

Ausbrüche

Wie im Vorjahr waren etwa 22 % ($n=5.489$) der Erkrankungen insgesamt 1.249 Häufungen zugeordnet. Dabei gab es 302 Häufungen mit jeweils 5 oder mehr Erkrankungen, die zusammen 3.191 Erkrankungen umfassten. Der größte registrierte Ausbruch ereignete sich in Berlin mit 62 Erkrankten im Alter von 0 bis 28 Jahren (Altersmedian 6 Jahre) und umfasste einen Zeitraum von 8 Wochen. Aus Mühldorf am Inn (Bayern) wurden 60 Erkrankte im Alter von 1 bis 15 Jahren (Altersmedian 9 Jahre) einem Ausbruch in einer Betreuungseinrichtung zugeordnet, der im November 2016 begann und bis Februar 2017 andauerte. Weitere Ausbrüche mit mehr als 40 Erkrankungen wurden aus dem Stadtkreis Bamberg (Bayern; 49 Erkrankungen, überwiegend bei Kindern, aber auch 8 Erkrankten älter als 20 Jahre, darunter eine 60-jährige), dem Landkreis Hildesheim (Niedersachsen; 46 Erkrankungen in einem Asylbewerberheim,

darunter 5 Säuglinge und 5 Personen älter als 20 Jahre), dem Landkreis Aichach-Friedberg (Bayern; 42 Erkrankungen bei unter 10-Jährigen, die Mehrzahl 5 bis 9 Jahre alt) und dem Landkreis Mittelsachsen (41 Erkrankungen zwischen 1 und 7 Jahren in einer Kinderbetreuungseinrichtung) übermittelt. 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

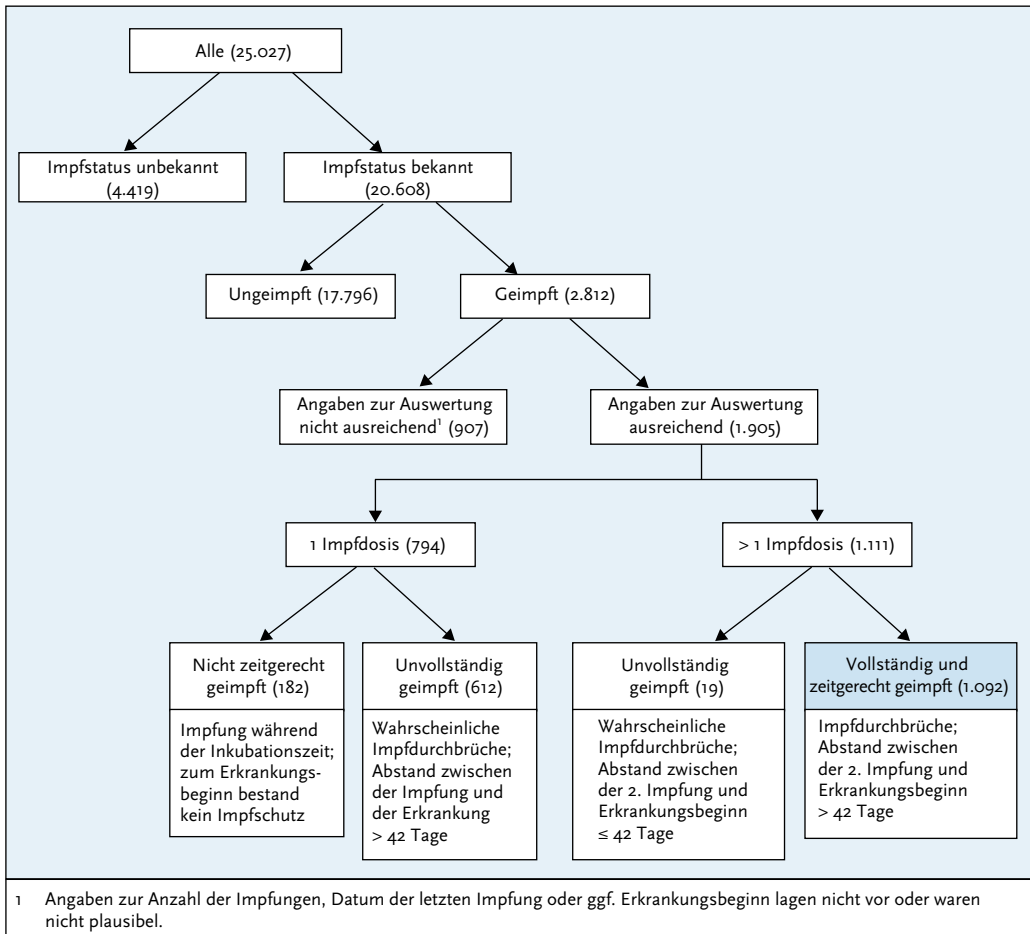
Windpocken gehören zu den meldepflichtigen Krankheiten mit großen Fallzahlen. Die leichte Inzidenzzunahme kann sowohl auf eine bessere Umsetzung der Meldepflicht zurückzuführen sein als auch auf natürliche Schwankungen in der Erregerzirkulation. Auch die großen Inzidenzunterschiede zwischen den Bundesländern deuten 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 2016 (Mecklenburg-Vorpommern und das Saarland) boten die zweit- bzw. dritthöchsten Windpocken-Impfquoten für die 1. Impfdosis zum Schuleingang 2015. Die höchsten Impfquoten wurden in Sachsen-Anhalt erzielt. 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 2016 Erkrankten war nicht geimpft und die meisten Erkrankungen traten in den Altersgruppen auf, für die seit mehr als 10 Jahren eine Impfempfehlung besteht. Windpocken führen häufig zu Ausbrüchen in Gemeinschaftseinrichtungen, die lang anhalten können und damit nicht nur den normalen

Abb. 6.55-4

Übermittelte Windpocken-Erkrankungen nach Impfstatus, Deutschland, 2016 (n=25.027)



Betrieb der Einrichtungen empfindlich beeinträchtigen, sondern es sind 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

- 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, 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: *Hospitalization with varicella and shingles before and after introduction of general childhood varicella vaccination in Germany*. Hum Vaccin Immunother 2014; 10:3594–3600.
- STIKO: Wissenschaftliche Begründung für die Änderung der Empfehlung zur passiven Immunisierung mit VZIG. Epid Bull 2015; 35:367–368.
- RKI: Impfquoten bei der Schuleingangsuntersuchung in Deutschland, 2015. Epid Bull 2017; 16:137–145.
- RKI: Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am Robert Koch-Institut – 2016/2017. Epid Bull 2016; 34:301–340.
- RKI: Ergebnisse der Modellierung langfristiger epidemiologischer Auswirkungen der Varizellenimpfung in Deutschland. Epid Bull 2016; 19:167–169.
- RKI: Neuerungen in den aktuellen Impfempfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) am RKI vom August 2015. Epid Bull 2015; 35:363–373.
- RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

6.56 Yersiniose



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition 2016: **2.774**
- ▶ Deutliche Abnahme der Fallzahlen bis 2014; 2015 und 2016 leichte Zunahme
- ▶ Höchste Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren
- ▶ Deutliche Inzidenzunterschiede bei Kindern unter 5 Jahren in den Bundesländern
- ▶ 9 Ausbrüche mit 22 Erkrankungen

Kurzbeschreibung

Die enterale Yersiniose wird durch Bakterien der Gattung *Yersinia*, insbesondere *Y. enterocolitica* hervorgerufen. Die Infektion mit *Y. enterocolitica* 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) oder Entzündungen des Unterhautfettgewebes (Erythema nodosum) auftreten.

Falldefinition

Die nachfolgende Auswertung bezieht sich auf *Yersinia-enterocolitica*-Fälle, die die Referenzdefinition erfüllen (s. Tab. 6.56.1).

Zeitlicher Verlauf

Für das Jahr 2016 wurden 2.774 Erkrankungen übermittelt (2015: 2.754). Dies entsprach einer Inzidenz von 3,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner. Die Inzidenz hat sich gegenüber dem Vorjahr nicht geändert. Der, mit Ausnahme von 2011, stetig fallende Trend der Erkrankungszahlen seit 2002 hat sich damit nicht weiter fortgesetzt. Seit 2012 ist die Anzahl der jährlich übermittelten Erkrankungen in etwa gleich geblieben (zwischen 2.500 und 2.800 Erkrankungen) (s. Abb. 6.56.1). Eine stark ausgeprägte Saisonalität der übermittelten Erkrankungen war nicht erkennbar.

Geografische Verteilung

In den ostdeutschen Flächenbundesländern sowie in Rheinland-Pfalz lag die Inzidenz im Jahr 2016 über der bundesweiten Inzidenz (3,4 Erkr./100.000 Einw.). Besonders hohe Inzidenzen wurden – wie bereits in den Vorjahren – in Thüringen (11), Sachsen (10) und Sachsen-Anhalt (7) registriert (Abb. 6.56.2). In diesen Bundesländern wurde eine besonders hohe Inzidenz bei Kindern unter 5 Jahren beobachtet (Thüringen: 86; Sachsen: 66; Sachsen-Anhalt: 51). In 7 Bundesländern lag die Inzidenz 2016 über dem jeweiligen Median der 5 Vorjahre: Mecklenburg-Vorpommern (44 %), Sachsen (25 %), Brandenburg (12 %), Hessen (8 %), Nordrhein-Westfalen (8 %), Niedersachsen (3 %) und Berlin (2 %). In den übrigen Bundesländern war im Vergleich zum Median der Vorjahre ein Rückgang zu verzeichnen. Eine besonders starke relative Abnahme war in Bremen (55 %), Schleswig-Holstein (46 %) und im Saarland (43 %) zu beobachten (s. Abb. 6.56.2).

Bei 1.491 Erkrankungen (54 %) wurden Angaben zum wahrscheinlichen Infektionsland gemacht, wobei 92 % der Nennungen auf Deutschland und 3 % auf ein anderes europäisches Land entfielen. Die am häufigsten genannten europäischen Länder waren Spanien (16 Nennungen), Kroatien und Österreich (jeweils 7). Bei den außer-europäischen Ländern wurden Kuba (12) und die Türkei (6) am häufigsten angegeben.

Demografische Verteilung

Die altersspezifische Inzidenz zeigt die höchsten Werte bei Kindern unter 5 Jahren mit einem Gipfel bei den 1- und 2-jährigen. Die Inzidenz geht mit zunehmendem Alter zurück und verbleibt

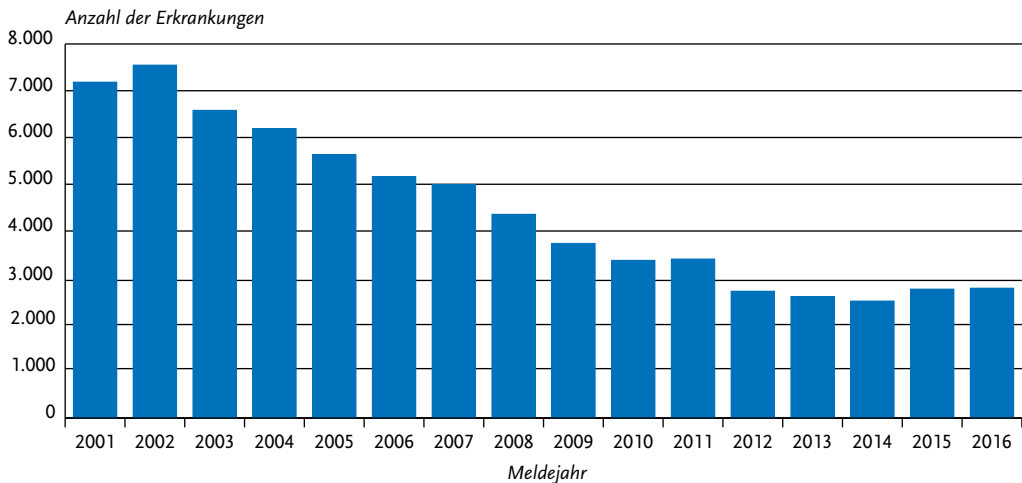
Tab. 6.56.1:

Übermittelte *Yersinia-enterocolitica*-Fälle nach Kategorie der Falldefinition, Deutschland, 2015 und 2016

Kategorie	2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
klinisch-epidemiologisch (B)	13	0 %	10	0 %
klinisch-labordiagnostisch (C)	2.741	90 %	2.764	89 %
labordiagnostisch bei nicht erfülltem klinischen Bild (D)	70	2 %	74	2 %
labordiagnostisch bei unbekanntem klinischen Bild (E)	226	7 %	245	8 %
alle	3.050	100 %	3.093	100 %
Referenzdefinition (B+C)	2.754	90 %	2.774	90 %

Abb. 6.56.1:

Übermittelte Yersiniosen nach Meldejahr, Deutschland, 2001 bis 2016



im Erwachsenenalter auf niedrigem Niveau (s. Abb. 6.56.3). Männliche Personen (56 %) waren häufiger betroffen als weibliche Personen (44 %) und hatten dementsprechend auch eine höhere Inzidenz (3,8 Erkr./100.000 Einw. gegenüber 2,9).

Nachgewiesene Erreger

Für 2.305 Erkrankungen (83 %) wurde der Serotyp übermittelt. Bei 1.739 (75 %) der Yersiniosen mit Angaben zum Serotyp wurde Serotyp O:3 nachgewiesen. Ein geringerer Anteil wurde von den Serotypen O:9 (10 %, n=234) oder O:5,27 (2 %, n=39) verursacht. *Y. enterocolitica* O:8, ein in Nordamerika endemischer Erregertyp, wurde bei 2 % der Erkrankungen nachgewiesen (n=39).

Klinische Aspekte

Für 2.770 Yersiniosen wurden Symptome angegeben (5.885 Nennungen). Am häufigsten waren Durchfall (89 %), Bauchschmerzen (72 %) und Fieber (31 %). Im Jahr 2016 wurde ein Todesfall in Zusammenhang mit einer Yersiniose übermittelt.

Ausbrüche

Es wurden 9 Ausbrüche mit insgesamt 22 Erkrankungen übermittelt (2015: 17 Ausbrüche mit 39 Erkrankungen). In allen Ausbrüchen waren jeweils weniger als 5 Personen betroffen, in 5 Ausbrüchen jeweils nur 2 Personen. Alle Ausbrüche mit Angaben zum Infektionsumfeld (n=5) ereigneten sich in Privathaushalten.

Abb. 6.56.2:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=2.772) im Vergleich mit den Vorjahren

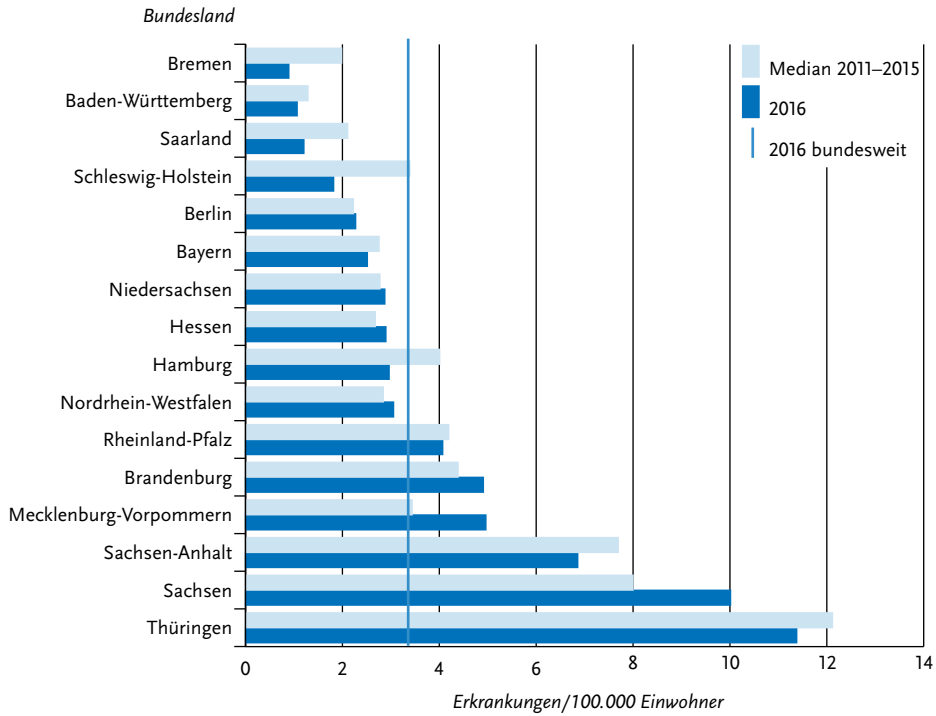
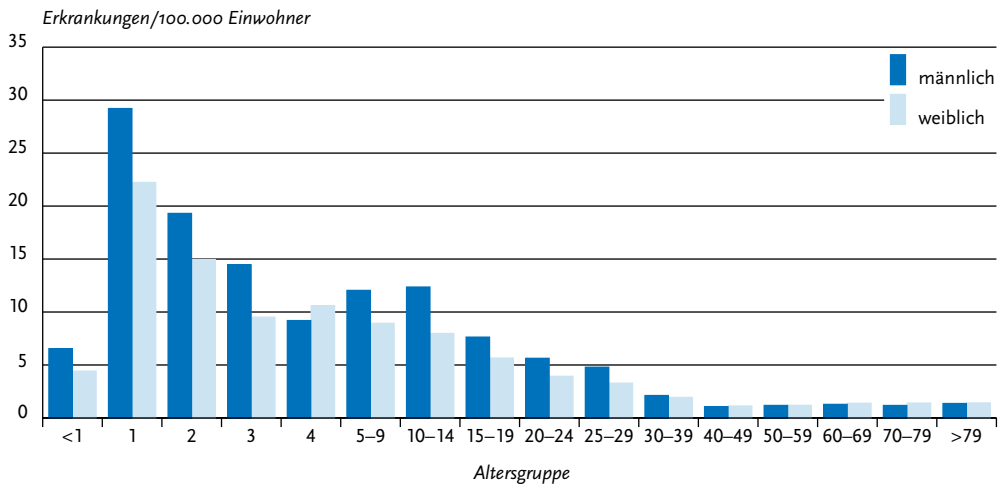


Abb. 6.56.3:
Übermittelte Yersiniosen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=2.769)



Fazit

Die Anzahl der übermittelten Yersiniosen hatte in den Jahren von 2002 bis 2012, mit Ausnahme von 2011, kontinuierlich abgenommen. Von 2012 bis 2014 ist die jährliche Erkrankungszahl ungefähr gleich geblieben und im Jahr 2015 erstmals wieder leicht angestiegen. Die Anzahl der übermittelten Yersiniosen hat sich im Jahr 2016 gegenüber 2015 nicht geändert. 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.

6.57 Zusätzliche Krankheiten von aktueller Bedeutung

Clostridium-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform



- ▶ Fälle nach Referenzdefinition: 2.337
- ▶ Leichter Anstieg der Inzidenz im Vergleich zu 2015, vermutlich aufgrund der Falldefinitionsänderung
- ▶ Höchste Inzidenz in der Altersgruppe der über 59-Jährigen; erreicht bei den über 79-Jährigen einen Häufigkeitsgipfel von 25 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner

Kurzbeschreibung

Clostridium 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, eine erhöhte Exposition (z. B. 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. 6.57.1) erfüllt ist. Bis zum Inkrafttreten der IfSG-Meldepflicht-Anpassungsverordnung am 01.05.2016 lautete das erste Kriterium (1.alt) >Stationäre Wie-

Tab. 6.57.1:
Kriterien der schwer verlaufenden *Clostridium-difficile*-Erkrankung. Anzahl und Anteil der Nennungen sowie Anzahl der Erkrankungen, Deutschland, 2014 bis 2016

Kriterien für den schweren Verlauf einer <i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung	2014		2015		2016	
	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil	Anzahl	Anteil
1. alt Stationäre Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten <i>C.-difficile</i> -Infektion	684	36 %	971	35 %	999	34 %
1. neu Aufnahme in eine medizinische Einrichtung zur Behandlung einer ambulant erworbenen <i>C.-difficile</i> -Erkrankung,					175	6 %
2. Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation aufgrund einer <i>C.-difficile</i> -Erkrankung oder ihrer Komplikationen	429	22 %	663	24 %	710	24 %
3. Durchführung eines chirurgischen Eingriffs (z. B. Kolektomie) aufgrund eines Megakolons, einer Darmperforation oder einer Therapie-refraktären Kolitis	84	4 %	134	5 %	134	5 %
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	729	38 %	1.013	36 %	959	32 %
Gesamtzahl der Nennungen	1.926	100 %	2.781	100 %	2.977	100 %
Erkrankungen	1.543		2.152		2.337	

deraufnahme aufgrund einer rekurrenten *C.-difficile*-Infektion« Dies wurde ersetzt durch (1.neu) »Stationäre Aufnahme aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung«.

Dabei liegt eine ambulant erworbene Erkrankung vor, wenn die Symptomatik vor oder am Tag der stationären Aufnahme oder dem darauffolgenden Tag beginnt und kein Aufenthalt in einer medizinischen Einrichtung innerhalb der 12 Wochen vor Symptombeginn stattgefunden hat.

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 2016 wurden 2.337 *C.-difficile*-Erkrankungen übermittelt, die die Referenzdefinition erfüllen.

Zeitlicher Verlauf

Im Jahr 2016 wurden insgesamt 2.337 Erkrankungen übermittelt, die mindestens ein Kriterium für eine schwer verlaufende *C.-difficile*-Erkrankung erfüllen. Darunter waren 148 Erkrankungen, welche allein aufgrund des neu formulierten Kriteri-

ums (1.neu) »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« übermittelt wurden, während 2.189 Erkrankungen Kriterien erfüllten, die auch in den Vorjahren gültig waren. Vergleicht man letztere über die Jahre, so zeigt sich nach einem Anstieg von 2014 auf 2015 eine sehr ähnliche Anzahl in den Jahren 2015 und 2016 (Abb. 6.57.1).

Geografische Verteilung

Die regionale Inzidenz der *C.-difficile*-Erkrankung mit schwerem Verlauf lag zwischen 0,4 im Saarland und 9,2 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner in Sachsen-Anhalt. Die bundesweite Inzidenz betrug 2,8 (2015: 2,6) Erkr./100.000 Einw. (Abb. 6.57.2).

Demografische Verteilung

C.-difficile-Erkrankungen mit schwerem Verlauf traten überwiegend bei älteren Personen auf. Nur 56 Erkrankte (2,4 %) waren jünger als 40 Jahre. Die Inzidenz der 40- bis 49-Jährigen lag bei 0,3 Erkr./100.000 Einw. und stieg in der Altersgruppe der

Abb. 6.57.1:

Übermittelte *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf nach Kriterien der Falldefinition, Deutschland 2014 bis 2016

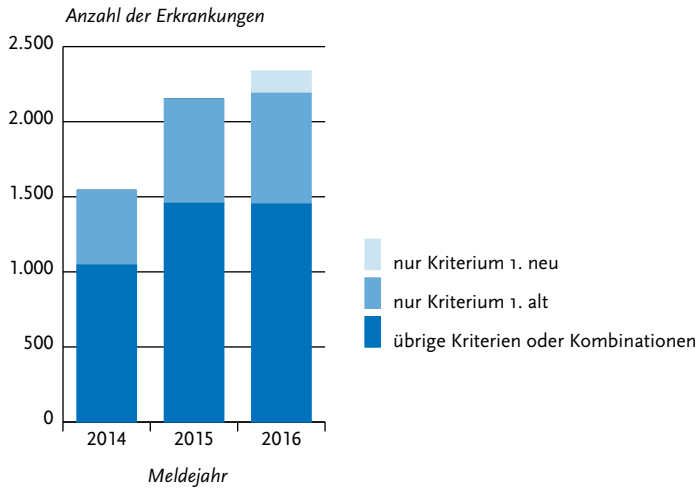
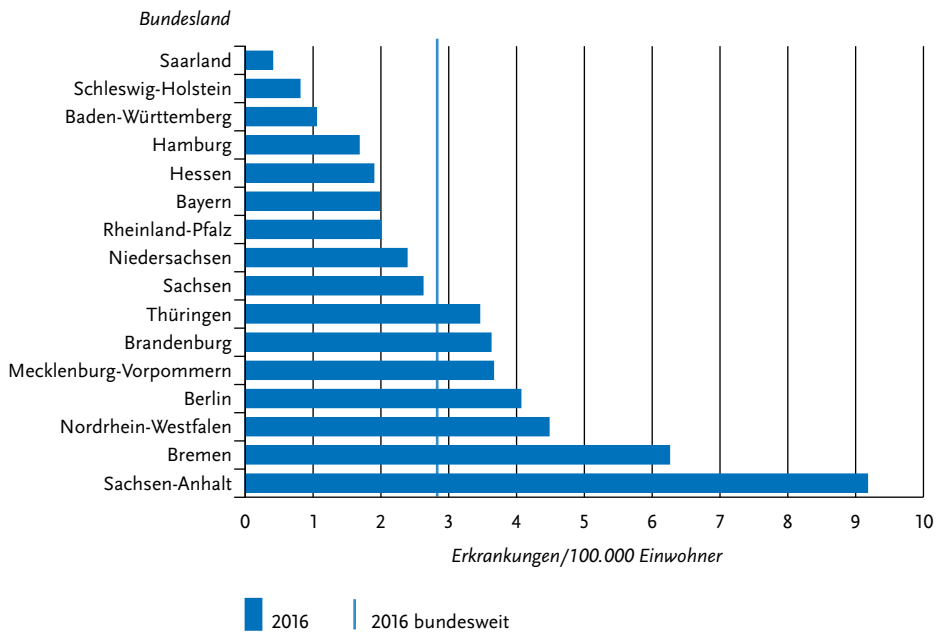


Abb. 6.57.2:

Übermittelte *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Bundesland, Deutschland, 2016 (n=2.334)



50- bis 59-Jährigen auf 0,9, bei den 60- bis 69-Jährigen auf 2,7 und bei den 70- bis 79-Jährigen auf 8,1. Die höchste Inzidenz konnte bei den über 79-Jährigen mit 25 Erkr./100.000 Einw. (s. Abb. 6.57.3) beobachtet werden. Während in den Altersgruppen bis 59 Jahre das Geschlechterverhältnis annähernd ausgeglichen war, zeigte sich bei den über 59-Jährigen eine etwas höhere Inzidenz bei Männern (9,7 gegenüber 9,3 bei Frauen).

Klinische Aspekte

Für 959 der 2.337 im Jahr 2016 übermittelten Erkrankungen (32 %) wurde »Tod weniger als 30 Tage nach Diagnosestellung einer *C.-difficile*-Erkrankung als direkte Todesursache oder als zum Tode beitragende Erkrankung« angegeben. Das Kriterium »Wiederaufnahme aufgrund einer rekurrenten Infektion« war 999-mal (34 %) erfüllt, das Kriterium »Aufnahme in eine medizinische Einrichtung aufgrund einer ambulant erworbenen *C.-difficile*-Erkrankung« war 175-mal angegeben. Beide zusammen machten 39 % der Nennungen aus. Bei 710 Erkrankungen (24 %) wurde die »Aufnahme oder Verlegung auf eine Intensivstation« genannt. Ein »chirurgischer Eingriff aufgrund einer Darmperforation, eines toxischen Megakolon oder einer Therapie-refraktären Kolitis« wurde 134-

mal (5 %) angegeben (s. Tab. 6.57.1; Mehrfachnennungen möglich). Der Anteil der einzelnen Kriterien an der Gesamtzahl der Nennungen ist im Vergleich zum Vorjahr annähernd gleich geblieben.

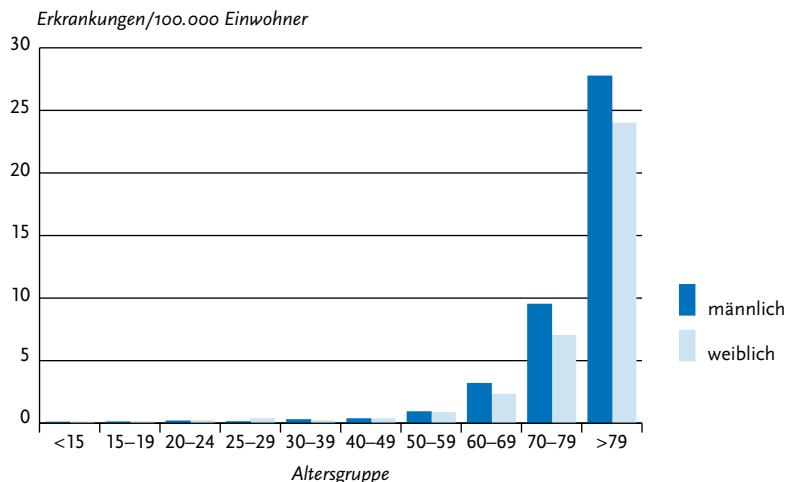
Datenqualität

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«. Nur ein Teil der Gesundheitsämter hatten ihre Software im Laufe des Jahres 2016 an die neue Falldefinition angepasst. 88 % der Erkrankungen wurden daher noch nach der alten Falldefinition erfasst und übermittelt.

Fazit

Im Jahr 2016 ist die bundesweite Inzidenz schwer verlaufender *C.-difficile*-Erkrankungen mit 2,8 Erkr./100.000 Einw. im Vergleich zu 2015 (2,6) leicht angestiegen. Dieser Anstieg ist vermutlich auf die neue Falldefinition zurückzuführen. Auswertungen der kommenden Jahre müssen erweisen, ob die Zahl der übermittelten Erkrankungen auf dem erreichten Niveau stabilisiert.

Abb. 6.57.3:
Übermittelte *Clostridium-difficile*-Erkrankungen mit schwerem Verlauf pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, 2016 (n = 2.335)



Literaturhinweise

- 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 Modeling Study*. PLoS Med. 2016; 13:e1002150.
- Kola A, Wiuff C, Akerlund T, et al.: *Survey of Clostridium difficile infection surveillance systems in Europe, 2011*. Euro Surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22539
- Tassios PT: *Difficile indeed*. Euro Surveill. 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22538
- Leffler DA, Lamont T: *Clostridium difficile Infection*. N Engl J Med 2015; 372:1539–1548.
- Nationales Referenzzentrum für Nosokomiale Infektionen: *CDAD-KISS Referenzdaten 2015*. www.nrz-hygiene.de/surveillance/kiss/cdad-kiss
- RKI: *Schwer verlaufende Clostridium-difficile-Infektionen: IfSG-Surveillance Daten von 2013*. Epid Bull 2014; 27:233–237. RKI-Ratgeber für Ärzte (2016). www.rki.de/ratgeber

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 10.03.2017 registrierte die Weltgesundheitsorganisation 1.917 Fälle, davon starben 684 (36 %).

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 Patienten 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 Herzkrankung.

Sämtliche bekannte Fälle hatten eine Verbindung mit Ländern, die der arabischen Halbinsel

zuzuordnen sind, vor allem Saudi-Arabien, von wo etwa 80 % aller Erkrankungen gemeldet wurden. Insgesamt meldeten 27 Länder mindestens einen 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 2016 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). Es gibt immer mehr Indizien dafür, dass Dromedare eine Wirtsspezies sind und eine wichtige Rolle für menschliche Erkrankungen darstellen. Infizierte Dromedare selbst können völlig symptomlos sein. 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 Krankenhaus-Ausbrüchen 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 wieder – allerdings eher kleinere – nosokomiale Ausbrüche. Übertragungen im Haushaltsbereich sind dokumentiert, kommen jedoch eher selten vor. Bei einem nicht unerheblichen Teil der Infektionen war die Infektionsquelle unbekannt, da keine der genannten Übertragungsmodi in Zusammenhang 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 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, zeigte jedoch keine respiratorischen Symptome; der Übertragungsweg ist unklar. Bei allen weiteren Kontaktpersonen, einschließlich des medizinischen Personals, konnte keine Infektion mit MERS-CoV festgestellt werden. Im Jahr 2016 wurde kein MERS-Fall übermittelt.

Literaturhinweise

- WHO: *Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) – Saudi Arabia*. www.who.int/csr/don/10-march-2017-mers-saudi-arabia/en [10.03.2017]
- Win MK, Chow A, Ho HJ, Tay SY, Leo YS: *Risk assessment and laboratory investigation of respiratory illness in travellers returning to Singapore 2012–2015: experience from the MERS-CoV Surveillance Programme*. *Epidemiol Infect* 2017; 145:285–288.
- WHO: *MERS-CoV Global Summary and risk assessment*. 05.12.2016. www.who.int/emergencies/mers-cov/mers-summary-2016.pdf
- ECDC: *Severe respiratory disease associated with Middle East respiratory syndrome coronavirus, 21st update. Rapid Risk assessment*. 2015. http://ecdc.europa.eu/en/publications/_layouts/forms/Publication_DispForm.aspx?List=4f55ad51-4aed-4d32-b960-af70113dbb90&ID=1390
- Korea Centers for Disease Control and Prevention: *Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus Outbreak in the Republic of Korea*, 2015. *Osong Public Health Res Perspect* 2015; 6:269–278.
- Drosten C, Meyer B, Müller MA, et al.: *Transmission of MERS-coronavirus in household contacts*. *N Engl J Med* 2014; 371:828–835.

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.

WHO: *Webseite der World Health Organization, Global Alert and Response, Coronavirus Infections*. www.who.int/csr/disease/coronavirus_infections/en

Drosten C, Seilmaier M, Corman VM, et al.: *Clinical features and virological analysis of a case of Middle East respiratory syndrome coronavirus infection*. *Lancet Infect Dis* 2013; 13:745–751

Buchholz U, Müller 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. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=20406

RKI: *Webseite zu MERS*. www.rki.de/mers

Zikavirus-Erkrankung



- Fälle nach Referenzdefinition 2016: 222
- 221 importierte Erkrankungen v. a. aus Süd- und Mittelamerika
- Eine offenbar sexuelle Übertragung in Deutschland
- 57 % der Erkrankten waren weiblich
- Altersspanne 15 bis 75 Jahre (Median 34 Jahre)

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. Auch bis Ende des Jahres 2016 konnten noch nicht alle Gesundheitsämter Fälle in der neugeschaffenen Zikavirus-Kategorie übermitteln. Aufgrund der erst im Mai 2016 einsetzenden spezifischen Meldepflicht für Zikavirus und den Problemen bei der Übermittlung der für die Falldefinition relevanten Details (insbesondere zu den Symptomen) werden die Falldaten der 2016 übermittelten Zikavirus-Fälle hier gesondert dargestellt. Für die Referenzdefinition werden alle Erkrankungen gewertet, die mit einem Labornachweis übermittelt wurden und die entweder die klinische Falldefinition erfüllen oder bei denen stellvertretend für die Erfüllung der klinischen Kriterien ein Erkrankungsbeginn übermittelt wurde. Ausnahmsweise wurden auch Freitextinformationen in die Auswertung einbezogen. Klinisch-epidemiologisch bestätigte Fälle wurden ausgeschlossen.

Zeitlicher Verlauf

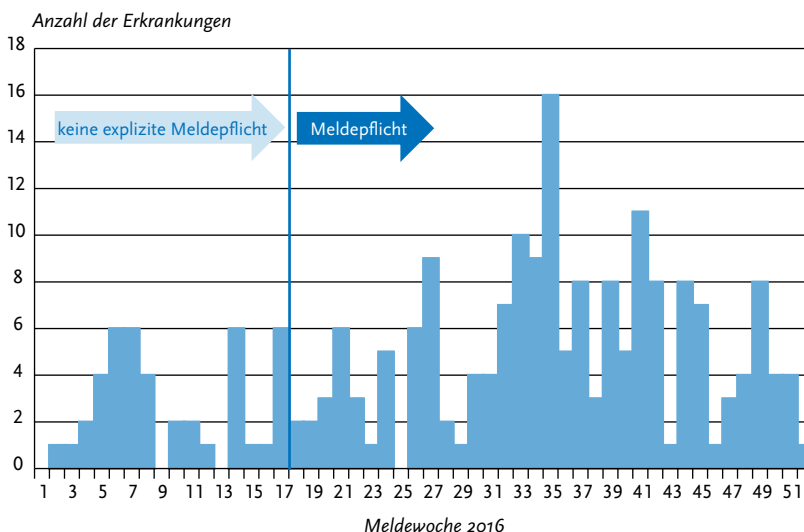
Nach den allerersten 2 übermittelten Zikavirus-Erkrankungen zum Jahresende 2015, wurden im Meldejahr 2016 insgesamt 222 Zikavirus-Erkrankungen übermittelt; 43 Erkrankungen wurden vor, und 179 Erkrankungen (81%) ab der 18. Meldewoche (der Montag der Woche war der 02.05.2016) gemeldet. Ein Drittel der Fälle wurde allein in den Monaten August und September übermittelt (s. Abb. 6.57.4).

Geografische Verteilung

Gegenüber der bundesweiten Inzidenz von 0,27 Erkrankungen pro 100.000 Einwohnern berichteten die Stadtstaaten Hamburg und Berlin stark überdurchschnittliche Inzidenzen (1,23 und 0,82 Erkr./100.000 Einw.), sowie Bayern und Thüringen leicht überdurchschnittliche Inzidenzen.

Es wurde ein Fall einer sexuellen Übertragung in Deutschland dokumentiert: Ein Mann mit reiseassoziierte Infektion gab diese nach Rückkehr an seine nicht-verreiste Partnerin weiter. Unter den übrigen 221 Erkrankungen war bei 3 Erkrankungen keinerlei Angabe zum Infektionsort möglich, ohne dass es Hinweise auf eine autochthone Übertragung gegeben hätte. Die wahrscheinlichen In-

Abb. 6.57.4:
Übermittelte Zikavirus-Erkrankungen nach Meldewoche, Deutschland, 2016 (n=222)



fektionsländer der übrigen 218 Erkrankungen (insgesamt 233 Nennungen, Mehrfachnennungen möglich) lagen 167-mal (77 %) in Mittel-/Nordamerika inklusive der Karibik, 44-mal (20 %) auf dem südamerikanischen Festland und 7-mal (3 %) in Asien. Südamerikanische Infektionsländer wurden vor allem bei im Februar übermittelten Erkrankungen genannt, solche aus Mittel- und Nordamerika verstärkt in den Monaten Juli bis Dezember. Unter den am häufigsten genannten Infektionsländern finden sich aus deutscher Perspektive zahlenmäßig bedeutende Tourismusziele wie Mexiko (9 % der Nennungen), Brasilien (8 %) und die Dominikanische Republik (8 %), aber auch von Deutschland aus relativ selten frequentierte Tourismusziele wie die französischen Überseedepartments Guadeloupe und Martinique (zusammen 9 %), das autonome Land Curaçao im Königreich der Niederlande (8 %) und Trinidad und Tobago (5 %) (s. Tab. 6.57.2).

Tab. 6.57.2:
Am häufigsten genannte Infektionsländer und Überseeterritorien der übermittelten nicht-autochthonen Zikavirus-Erkrankungen, Deutschland, 2016 (Mehrfachnennungen möglich, 218 Erkrankungen, bei denen mindestens ein Infektionsland genannt wurde)

Infektionsland	Nennungen	Anteil
Nicaragua	24	10 %
Mexiko	22	9 %
Guadeloupe / Martinique	22	9 %
Brasilien	19	8 %
Curaçao	18	8 %
Dominikanische Republik	18	8 %
Kolumbien	15	6 %
Costa Rica	13	6 %
Trinidad und Tobago	11	5 %
Jamaika	11	5 %
Andere	61	26 %
Summe	233	100 %

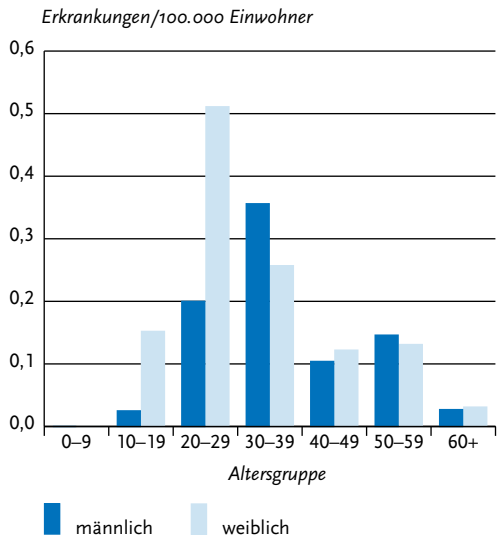
Demografische Verteilung

Von den Erkrankten waren 127 (57 %) weiblich und 95 (43 %) männlich. Die Altersspanne betrug 15 bis 75 Jahre, mit einem Median von 34 Jahren. Vor allem in den Altersgruppen der 10- bis 19-Jährigen und der 20- bis 29-Jährigen wurden Mädchen und Frauen disproportional häufiger diagnostiziert (s. Abb. 6.57.5).

Klinische Aspekte

Es wurden 2016 in Deutschland keine schwerwiegenden Verläufe von Zikavirus-Erkrankungen bekannt, auch keine Fälle von Guillain-Barré-Syndrom. Eine Hospitalisierung wurde bei 20 Fällen (11 %) unter 187 Fällen mit Angabe zum Hospitalisierungsstatus vermerkt. Zwei erkrankte weibliche Fälle wurden als schwanger übermittelt (zusätzlich wurden 3 weitere Laborbefunde zu asymptomatischen Infektionen bei Schwangeren übermittelt). Informationen über eventuelle Fehlbildungen bei den Kindern liegen dem RKI nicht vor. Es wurde kein Todesfall übermittelt.

Abb. 6.57.5:
Übermittelte Zikavirus-Erkrankungen pro 100.000 Einwohner nach Alter und Geschlecht, Deutschland, 2016 (n=222)



Datenqualität

Es ist davon auszugehen, dass neben asymptomatischen Infektionen auch viele Erkrankungen mit wenigen oder leichteren Symptomen ohne Labor-diagnose 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. Zu Beginn des Jahres 2016 trug neben der fehlenden spezifischen Meldepflicht auch noch eine begrenzte Verfügbarkeit der Diagnostik zu einer Untererfassung bei. Die nichtstandardisierte Übermittlung hat eine Einzelfallkontrolle zur Verbesserung der Datenqualität und -vollständigkeit verhindert. Ob die Meldepflicht auch post-infektiöse Folgen einer Zikavirus-Infektion, wie das Guillain-Barré-Syndrom oder konnatale Fehlbildungen erfassen kann, war 2016 noch nicht festzustellen.

Fazit

Reisende aus Deutschland waren 2016 vor allem von den massiven Zikavirus-Ausbrüchen in Ländern in Süd- und Mittelamerika betroffen. In Zukunft hängt die Anzahl der nach Deutschland importierten Zikavirus-Infektionen stark von der den Schwankungen unterworfenen epidemiologischen Situation in den Reiseländern sowie der Veränderung von Reiseströmen ab.

Literaturhinweise

- Frank C, Cadar D, Schlaphof A, et al.: *Sexual transmission of Zika virus in Germany, April 2016*. Euro Surveill 2016. www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=22498
- 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.
- RKI: *Reiseassoziierte Krankheiten 2015*. Epid Bull 2016; 39:431–444.

7 Stichwortverzeichnis

A

Adenovirus-Konjunktivitis 51
AIDS 111
alveoläre Echinokokkose 67
Anthrax (Milzbrand) 166
Arenavirus 217
Ausbruch 43
aviäre Influenza 125

B

Bacillus anthracis (Milzbrand) 166
Bordetella parapertussis 127
Bordetella pertussis 127
Borrelia recurrentis 137
Botulismus 54
bovine spongiforme Enzephalopathie 61
Brucellose 55
BSE 61
Bunyavirus 217

C

Caliciviren 175
Campylobacter-Enteritis 56
Chikungunyavirus-Erkrankung 217
Chlamydia psittaci 180
Cholera 60
CJK 61
Clostridium botulinum 54
Clostridium difficile 229
Corynebacterium diphtheriae 66
Coxiella burnetii (Q-Fieber) 183
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit 61
Cryptosporidiose (Kryptosporidiose) 133

D

Darmmilzbrand 166
Denguefieber 63
Diphtherie 66
Dobrava-Virus (Hantavirus-Erkrankung) 88

E

Ebolafieber 217
Echinococcus granulosus 67
Echinococcus multilocularis 67
Echinokokkose 67
EHEC-Erkrankung 70

Einzelfallkontrolle 16
epidemiologische Bestätigung 20
Escherichia coli 70
Escherichia coli, enterohämorrhagische
Stämme 70

F

Falldefinition 20
Feldfieber (Leptospirose) 144
Filovirus 217
Flavivirus 217
Fleckfieber 74
Francisella tularensis (Tularämie) 214
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) 75
Fuchsbandwurm (Echinokokkose) 67

G

Gelbfieber 217
Giardiasis 80
Grippe (Influenza) 119

H

Haemophilus influenzae 83
hämolytisch-urämisches Syndrom 116
Hantavirus-Erkrankung 88
Hasenpest (Tularämie) 214
Hautdiphtherie 66
Hautmilzbrand 166
Hepatitis A 90
Hepatitis B 95
Hepatitis C 101
Hepatitis D 106
Hepatitis E 108
HIV-Infektion (humanes Immundefizienz-
Virus) 111
Hospitalisierung 39
Hundebandwurm (Echinokokkose) 67
HUS 116

I

Infektionsschutzgesetz (IfSG) 13
Influenza 119

K

Keuchhusten 127
Kinderlähmung 182

klinisch-epidemiologisch bestätigt 20
 klinisches Bild 20
 Konjunktivitis 51
 konnatale Listeriose 146
 konnatale Röteln 191
 konnatale Toxoplasmose 208
 Krim-Kongo-Virus 217
 Kryptosporidiose 133

L

labordiagnostischer Nachweis 20
 Lambliasis (Giardiasis) 80
 Lassafieber 217
 Läuserückfallfieber 137
 Legionärskrankheit 138
 Legionellose 138
 Lepra 143
 Leptospirose 144
 Listeriose 146
 Lues (Syphilis) 203
 Lungenmilzbrand 166
 Lungenpest 182
 Lungentuberkulose 210
 Lyssavirus (Tollwut) 207

M

Malaria 150
 Marburgfieber 217
 Masern 153
 Meldepflicht 13
 Meningokokken 160
 MERS-CoV 233
 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* 167
 Middle-East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) 233
 Milzbrand 166
 Morbus Weil (Leptospirose) 144
 MRSA (Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*) 167
 Mumps 170
Mycobacterium leprae 143
Mycobacterium-tuberculosis-Komplex 210

N

namentliche Meldung 14
Neisseria meningitidis 160
 Nephropathia epidemica (Hantavirus-Erkrankung) 88
 neue Variante Creutzfeldt-Jakob-Krankheit (vCJK) 61

Neugeborenen-Listeriose 146
 nichtnamentliche Meldung 14
 Norovirus-Gastroenteritis 175

O

Ornithose 180

P

Papageienkrankheit (Ornithose) 180
 Paratyphus 181
 Pest 182
Plasmodium 150
 Poliomyelitis 182
 postnatale Röteln 191
 Psittakose (Ornithose) 180
 Puumala-Virus (Hantavirus-Erkrankung) 88

Q

Q-Fieber 183

R

Rabiesvirus (Tollwut) 207
 Rachendiphtherie 66
 Referenzdefinition 21
Rickettsia prowazekii (Fleckfieber) 74
 Rift-Valley-Fieber 217
 Rotavirus-Gastroenteritis 185
 Röteln 191
 Rubellavirus 191
 Rückfallfieber 137
 Ruhr, bakterielle (Shigellose) 199

S

Salmonella außer Typhus, Paratyphus 195
Salmonella enterica 181, 215
Salmonella Enteritidis 195
Salmonella Java 195
Salmonella Paratyphi 181
Salmonella Typhi 215
Salmonella Typhimurium 195
 Säuglingsbotulismus 54
 Shigatoxin produzierende *E. coli* 70
 Shigellose 199
Staphylococcus aureus, Methicillin-resistent 167
 STEC 70
 SurvNet@RKI 27
 Syphilis 203

T

Tollwut 207
Toxoplasmose 208
Treponema pallidum 203
Trichinellose 209
tuberkuloide Lepra 143
Tuberkulose 210
Tularämie 214
Typhus abdominalis 215

V

Varizellen 220
vCJK 61
Verotoxin produzierende *E. coli* 70
Vibrio cholerae 60
Virale hämorrhagische Fieber 217
Virusgrippe 119
VTEC 70

W

Waterhouse-Friderichsen-Syndrom (Meningo-
kokken, invasive Infektion) 160
Windpocken 220
Wundbotulismus 54

Y

Yersinia pestis 182
Yersiniose 226

Z

Zikavirus-Erkrankung 234
Zoonotische Influenza bei Menschen 125
zystische Echinokokkose 67

Impressum

Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016
Robert Koch-Institut, Berlin, 2017

Herausgeber

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

Redaktion

Michaela Diercke, Abteilung für Infektionsepidemiologie

Satz

Fotosatz Voigt, Berlin

Druck

ASTOV Verlagsgesellschaft mbH, Berlin

Bezugsquelle

Das Jahrbuch ist online abrufbar unter 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«,
Postfach 65 02 61, 13302 Berlin

Nachdruck

Nachdrucke aus dem Infektionsepidemiologischen Jahrbuch sowie die Verwendung von Daten aus
SurvStat@RKI in Veröffentlichungen sind unter Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen
Zwecken. Ein Belegexemplar wird erbeten.

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut. Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016,
Berlin 2017

ISBN

ISBN: 978-3-89606-280-2
DOI: 10.17886/rkipubl-2017-002

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.