ROBERT KOCH INSTITUT

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFEKTIONSKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

24
2020
11. Juni 2020

Epidemiologisches Bulletin

Norovirus-Infektionen in Deutschland 2019, Legionellosen vorbeugen

Inhalt

Norovirus-Infektionen in Deutschland, ein Rückblick auf das Jahr 2019 3

In Deutschland sind Infektionen mit Noroviren nach dem Infektionsschutzgesetz § 6 und § 7 meldepflichtig. Noroviren zählen neben den Influenzaviren zu den am häufigsten in Deutschland gemeldeten Erregern. In den Jahren 2010 bis 2019 wurden jedes Jahr durchschnittlich 94.000 Norovirus-Infektionen durch die Gesundheitsämter über die jeweiligen Landesgesundheitsbehörden an das Robert Koch-Institut übermittelt.

Erfassung der SARS-CoV-2-Testzahlen in Deutschland (Update vom 11.6.2020) 10

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 11

Wiederaufnahme von Reisen und Tourismus
Legionellenwachstum vorbeugen – Erkrankungen verhindern 14

Viele Einrichtungen standen u. U. längere Zeit leer. So kann es – bei nicht sachgemäßer Wartung – ggf. zu einem erhöhten Legionellenwachstum in den betreffenden Trinkwasseranlagen gekommen sein. Es wird darauf hingewiesen, dass Betreiber in der jetzigen Situation auch den einwandfreien Betrieb der Trinkwasseranlage in ihren Gebäuden sicherstellen und im Vorfeld der Wiedereröffnung die erforderlichen technischen Maßnahmen zur Minimierung des Infektionsrisikos beachten sollten.

Impressum

Herausgeber
Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Telefon 030 18754–0

Redaktion
Dr. med. Jamela Seedat
Telefon: 030 18754–23 24
E-Mail: SeedatJ@rki.de

Claudia Paape, Judith Petschelt
E-Mail: EpiBull@rki.de

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

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

Dieses Werk ist lizenziert unter einer Creative Commons Namensnennung 4.0 International Lizenz.

ISSN 2569-5266

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

Norovirus-Infektionen in Deutschland, ein Rückblick auf das Jahr 2019

Einleitung

Noroviren sind die Hauptverursacher für nicht bakterielle akute Gastroenteritiden.[1] Sie sind weltweit verbreitet und können alle Altersgruppen infizieren, allerdings werden Infektionen meist von Kindern unter fünf Jahren und älteren Personen berichtet. Typischerweise werden Norovirus-Infektionen gehäuft in den Wintermonaten (November bis März) registriert, treten aber das ganze Jahr über auf. Die Margen-Darm-Erkrankung manifestiert sich meist durch wässrige Durchfälle mit schwallartigem Erbrechen und Übelkeit. Die Infektion ist selbstlimitierend, nach etwa 72 Stunden klingen die Symptome vollständig ab, nur bei immunsupprimierten Patienten können häufiger persistente, zum Teil symptomatische Norovirus-Infektionen, beobachtet werden.[2] Die Übertragung der Viren erfolgt fäkal-oral oder über Aerosole, die sehr häufig in Verbindung mit Erbrechen entstehen. Personen können sich durch den direkten Kontakt zu betroffenen Patienten, durch den Kontakt mit kontaminierten Oberflächen oder über kontaminierte Lebensmittel infizieren. In Deutschland sind Infektionen mit Noroviren nach dem Infektionsschutzgesetz (IfSG) § 6 und § 7 meldepflichtig. Noroviren zählen neben den Influenzaviren zu den am häufigsten in Deutschland gemeldeten Erregern. In den Jahren 2010 bis 2019 wurden jedes Jahr durchschnittlich 94.000 Norovirus-Infektionen durch die Gesundheitsämter über die jeweiligen Landesgesundheitsbehörden an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt.

Noroviren werden in Genogruppen und weiter in Genotypen unterteilt. Im Jahr 2019 erfolgte eine Vereinheitlichung der Nomenklatur von Noroviren.[3] Basierend auf der Sequenz des Oberflächenproteins (VP1), werden zehn verschiedene Genogruppen (GI bis GX) mit insgesamt 49 Genotypen unterschieden. Humanpathogene Noroviren sind in den Genogruppen GI, GII, GIV, GVIII und GIX mit insgesamt 35 Genotypen vertreten. Die Population der Noroviren ist ständigen Veränderungen unterworfen, die Anhäufung von Mutationen im Genom führt dazu, dass sich die Viren so weit voneinander unterscheiden können, dass neue Varianten entstehen. Diese sogenannte *antigenic drift* wird vor allem bei dem Genotyp GII.4 weltweit beobachtet. Neben dieser genetischen Drift, verändern sich Noroviren durch Rekombination *(antigenic shift)*. Hierbei werden Genomabschnitte zwischen verschiedenen Noroviren ausgetauscht. Es sind sowohl intra- als auch intergenotypische Rekombinationen beschrieben worden. Diese genetischen Veränderungen der Viren werden durch die etablierte molekulare Surveillance am Konsiliarlabor für Noroviren (KL Noroviren) am RKI erfasst und publiziert. Neben diesen genetischen Veränderungen der Viren selbst, können aber auch Veränderungen innerhalb der Norovirus-Population zum Beispiel durch das vermehrte Auftreten von bislang nur selten nachgewiesenen Genotypen durch die molekulare Surveillance sicher erfasst werden.

Durch die Ergebnisse der Genotypisierung von Ausbrüchen können die Gesundheitsämter feststellen, ob bei einer Häufung von Norovirus-Infektionen innerhalb eines Ausbruchs von einer gemeinsamen Infektionsquelle auszugehen ist und ob verschiedene Ausbrüche eine gemeinsame Infektionsquelle haben. Zusätzlich können mithilfe der am KL Noroviren etablierten PCR-basierten Methoden Infektketten aufgeklärt werden um Ursachen von Ausbrüchen besser zu analysieren und das Ausbruchsmanagement zu verbessern. Die Kenntnis über Veränderungen innerhalb der Population der zirkulierenden Noroviren dient weiterhin den Diagnostik-Laboren, der Entwicklung und Optimierung von Norovirus-Nachweissystemen und der Entwicklung von Impfstoffen.

Charakterisierung der eingesendeten Proben

Im Jahr 2019 wurden an das KL Noroviren 990 Stuhlproben von Patienten mit einer Norovirus-Infektion zur Genotypisierung eingesandt. Von diesen Proben stammten 669 Proben (67,6%) aus insgesamt 203 Norovirus-assoziierten Ausbrüchen, pro

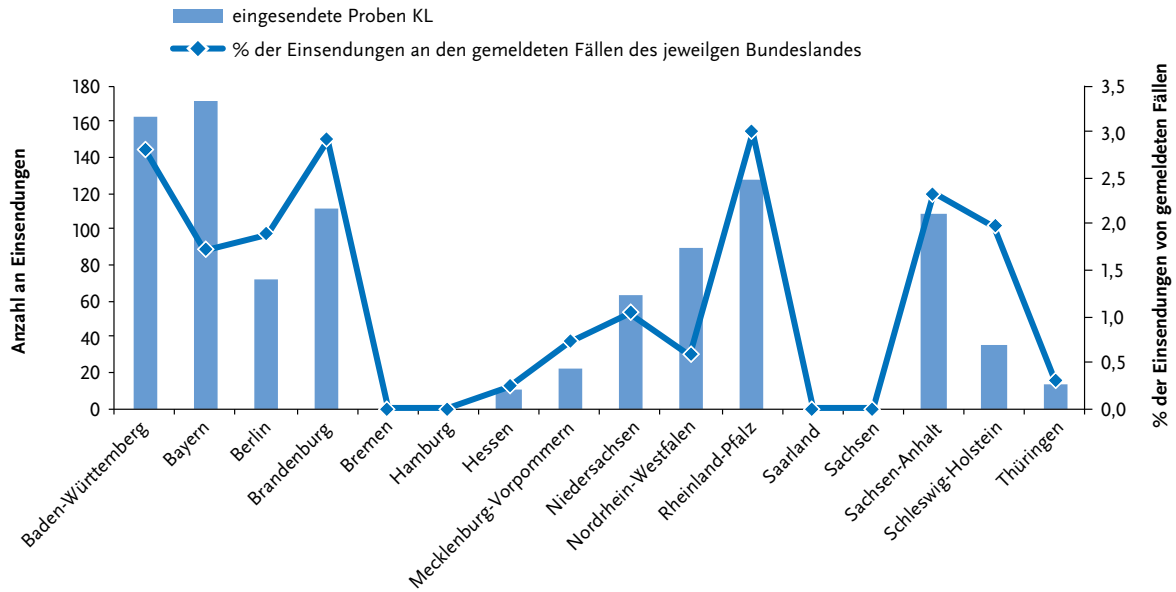

Abb. 1 | Anzahl der aus den einzelnen Bundesländern an das Konsiliarlabor (KL) Noroviren eingesendeten Proben und Anteil (%) der eingesendeten Proben in Bezug zu den übermittelten Norovirus-Fällen des entsprechenden Bundeslandes, Deutschland, 2019, Datenstand: 15.04.2020 (https://survstat.rki.de)

Ausbruch werden bis zu 5 Proben an das KL Noroviren gesendet. Für die Surveillance von Norovirus-Genotypen wurden weiterhin 294 Proben (29,7 %) von vier verschiedenen Universitätskliniken aus Berlin, Bonn, Heidelberg und Würzburg eingesendet. Die restlichen 27 Proben (2,7 %) wurden aus diversen Gründen an das KL Noroviren gesendet, wie zum Beispiel zur Bestätigungsanalyse bei unklaren Norovirus-Nachweisen oder Proben von Patienten mit persistenter Norovirus-Infektion im zeitlichen Verlauf. Die an das KL Noroviren eingesendeten Proben werden zunächst genotypisch charakterisiert, um die Population der in Deutschland zirkulierenden Noroviren beschreiben zu können.

Regionale Verteilung der Einsendungen

Um einen möglichst umfassenden Überblick über die zirkulierenden Noroviren in Deutschland zu erhalten, arbeitet das KL eng mit einer großen Anzahl an regionalen Gesundheitsämtern, mit Landesuntersuchungsämtern und mit verschiedenen Universitätskliniken zusammen. Diese Zusammenarbeit ermöglicht es, aus dem gesamten Bundesgebiet Proben zu analysieren und regionale Unterschiede der zirkulierenden Noroviren zu erkennen.

Die 990 Norovirus-positiven Proben, die im Jahr 2019 an das KL eingesendet wurden, stammten aus 12 von 16 Bundesländern, wobei 69 % aller Einsendungen aus den Bundesländern Bayern (n = 171), Baden-Württemberg (n = 163), Rheinland-Pfalz (n = 128), Brandenburg (n = 111), und Sachsen-Anhalt (n = 109) erfolgte (s. Abb. 1).

Damit wurden im Jahr 2019 1,26 % der an das RKI übermittelten Norovirus-Fälle durch das KL genotypisch charakterisiert. Die regionale Verteilung der Einsendungen zeigt deutliche Schwankungen an.

Saisonalität der Norovirus-Infektionen

Infektionen mit Noroviren können das ganze Jahr über auftreten, werden aber hauptsächlich in den Wintermonaten nachgewiesen. Diese Saisonalität spiegelt sich auch in den Einsendungen von Proben an das KL wider. Das Abnahmedatum wurde bei 957 der 990 Proben übermittelt. 57 % der Einsendungen entfielen auf die Monate November bis Februar. In den Monaten Mai bis August hingegen gingen nur 14 % der Proben im KL ein (s. Abb. 2).

Altersgruppenverteilung der eingesendeten Proben

Infektionen mit Noroviren können alle Altersgruppen betreffen. Die dem RKI übermittelten Infektionszahlen zeigen deutlich, dass mehr Infektionen bei Kleinkindern (unter 5 Jahren) und bei Älteren (> 80 Jahre) gemeldet werden. Die Einsendungen, die 2019 im KL eingegangen sind, konnten diese

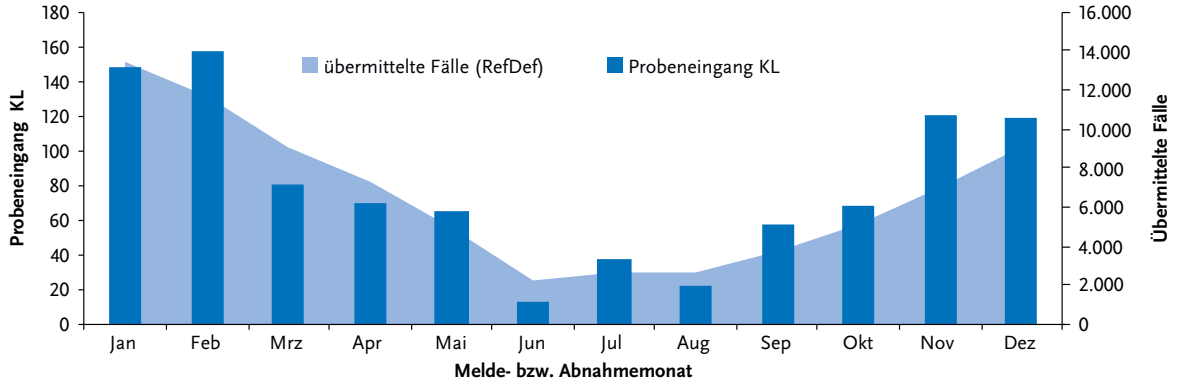

Abb. 2 | Verteilung der am Konsiliarlabor (KL) Noroviren analysierten Norovirus-positiven Proben nach Abnahme- bzw. Meldemonat und der an das RKI übermittelten Norovirus-Fälle, Deutschland, 2019, Datenstand: 01.04.2020 (https://survstat.rki.de)

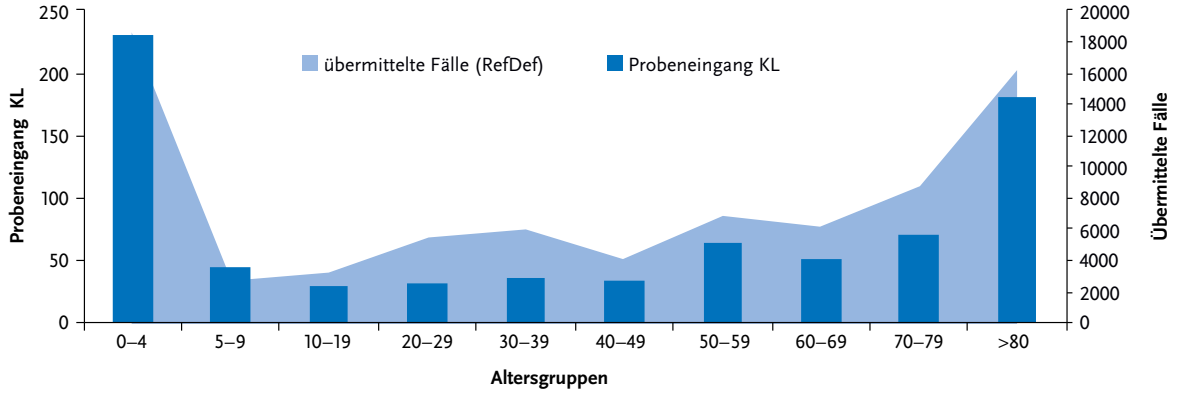

Abb. 3 | Verteilung der am Konsiliarlabor (KL) Noroviren analysierten Norovirus-positiven Proben und der an das RKI übermittelten Norovirus-Fälle nach Altersgruppen, Deutschland, 2019, Datenstand: 01.04.2020 (https://survstat.rki.de)

Verteilung in den beiden besonders betroffenen Altersgruppen widerspiegeln. Über 41 % aller Einsendungen stammt von Patienten dieser beiden Altersgruppen (s. Abb. 3).

Ausbruchsetting

Von 183 der 203 analysierten Norovirus-assoziierten Ausbrüchen wurden Informationen über die Einrichtung, in der der Ausbruch stattfand, übermittelt. Dabei waren besonders häufig Alten- und Pflegeheime (n = 71), gefolgt von Kindereinrichtungen wie beispielsweise Schulen, Horte und Kindertagesstätten (n = 69) betroffen. Hinzu kamen Proben von 26 Norovirus-Ausbrüchen in Krankenhäusern und Reha-Einrichtungen, sowie zehn Norovirus-Ausbrüche in Restaurants und vier Ausbrüche in Hotels (s. Abb. 4).

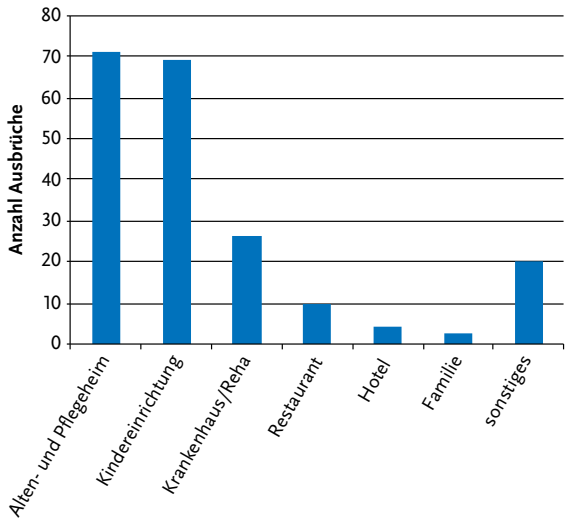

Abb. 4 | Anzahl der Norovirus-assoziierten Ausbrüche 2019 in verschiedenen Einrichtungen (n = 203), basierend auf den Einsendungen an das Konsiliarlabor (KL) Noroviren

Molekulare Charakterisierung der eingesendeten Proben

Die eingesendeten Proben wurden molekularbiologisch analysiert und mittels phylogenetischer Analyse entsprechenden Genotypen zugeordnet. In die Auswertung wurden folgende Proben eingeschlossen: Norovirus-assoziierte Ausbrüche (n = 203) und vollständig charakterisierte Proben aus den Universitätskliniken (n = 217), sodass die Gesamtzahl 420 betrug. Um eine Verzerrung der Ergebnisse zu Gunsten der Ausbrüche zu verhindern, wurde von jedem der 203 analysierten Ausbrüche nur eine Probe in die Auswertung der Genotypisierung einbezogen.

Insgesamt wurden im Jahr 2019 in den eingesendeten Proben 26 verschiedene Norovirus-Genotypen detektiert, die in Deutschland zirkulieren.

Wie bereits in den letzten Jahren beobachtet, nahm der Anteil der rekombinanten Viren deutlich zu. Im Jahr 2019 wurden 92 % der analysierten Proben (n = 387) als rekombinante Viren identifiziert. In 375 Proben wurden rekombinante Viren aus der Genogruppe II und in 12 Proben aus der Genogruppe I festgestellt.

Nicht rekombinante Viren der Genogruppe I wurden in 20 Proben (4,8 %) und nicht rekombinante Viren der Genogruppe II in 13 Proben (3,1 %) nachgewiesen.

Die mit 49,8 % (n=209) am häufigsten detektierte Norovirus-Variante ist die Rekombinante GII.P16 - GII.4 Sydney, die in der Saison 2016/2017 zum ersten Mal in Deutschland nachgewiesen wurde. In 9,3 % der Proben wurde die Rekombinante GII.P7 - GII.6, in 6,9 % die Rekombinante GII.P31 - GII.4 Sydney, in 6 % die Rekombinante GII.P16 - GII.2 und in 5 % der Proben die Rekombinante GII.P12 - GII.3 detektiert (s. Abb. 5).

Von 203 am Konsiliarlabor analysierten Ausbrüchen stammte ein großer Anteil aus Alten- und Pflegeheimen und Kindereinrichtungen. Die Analyse dieser Ausbrüche zeigt einen deutlichen Unterschied in der Verteilung der nachgewiesenen Genotypen. In Einrichtungen zur Altenpflege wurden insgesamt 12 unterschiedliche Genotypen in 71 Ausbrüchen nachgewiesen. In Kindereinrichtungen konnten 14 verschiedene Norovirus-Genotypen detektiert werden (n = 69 Ausbrüche). Auch in diesen Einrichtungen werden die Ausbrüche fast ausschließlich von rekombinanten Viren verursacht. In den Alten- und Pflegeheimen werden 93 % (66 von 71) und in den Kindereinrichtungen 91 % (63 von 69) der Ausbrüche von rekombinanten Viren verursacht. Ausbrüche in Alten- und Pflegeheimen wurden im Jahr 2019 von der Rekombinante GII.P16 - GII.4 Sydney dominiert. 66,2 % aller Ausbrüche in Alten- und Pflegeheimen wurden von dieser Rekombinante ausgelöst. In deutlich geringerer Anzahl wurden rekombinante Viren der Typen GII.P7 - GII.6 (2,8 %; n = 2) und GII.P16 - GII.2 (5,6 %; n = 4) identifiziert.

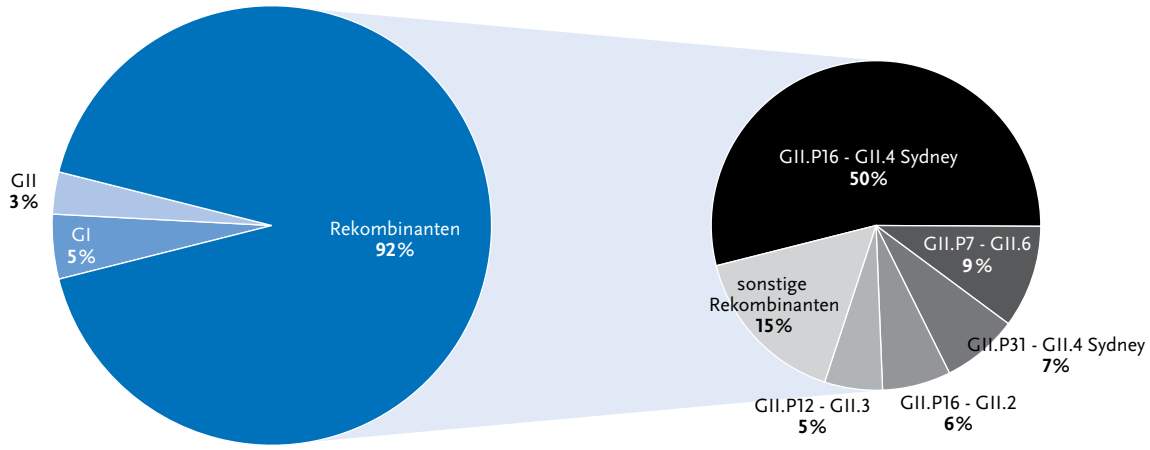

Abb. 5 | Zusammensetzung der zirkulierenden Norovirus-Population im Jahr 2019 in (n = 420) untersuchten Proben am Konsiliarlabor

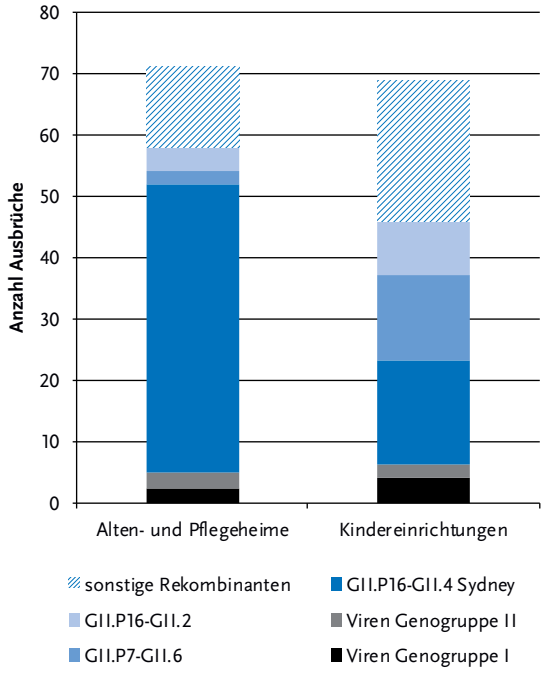

Abb. 6 | Verteilung der Norovirus-Genotypen in eingesandten Proben aus Ausbrüchen in Alten- und Pflegeheimen, sowie aus Ausbrüchen in Kindereinrichtungen im Jahr 2019

Im Gegensatz dazu zeigt die Verteilung der Viren, die zu Ausbrüchen in Kindereinrichtungen führte, ein deutlich divergenteres Bild. Rekombinante Viren des Typs GII.P16-GII.4 Sydney wurden in nur 17 der 69 Ausbrüche (24,6 %) als auslösendes Agens bestimmt. In 14 Ausbrüchen wurden rekombinante Viren des Typs GII.P7 - GII.6 (20,3 %) und in 9 Ausbrüchen des Typs GII.P16 - GII.2 identifiziert (s. Abb. 6).

Infektketten-Analyse am Beispiel eines Norovirus-Ausbruches in einem Krankenhaus

Neben der Genotypisierung von Ausbrüchen und anderen Proben, wird das KL des öfteren um Hilfe bei der Aufklärung von Infektketten gebeten. Hierfür hält das KL PCR-basierte Methoden bereit, mit deren Hilfe Aussagen getroffen werden können, ob in einem Ausbruch eine gemeinsame Infektionsquelle vorgelegen hat. Die Nukleotidsequenzen des hochvariablen Bereichs, der sogenannten P2-Domäne des Norovirus-Kapsides werden von verschiedenen Ausbruchsproben in einem Ausbruch untereinander verglichen.

In der Zeit vom 27.12.2018 bis 1.3.2019 wurde eine Häufung von Norovirus-Infektionen in einem Krankenhaus mit insgesamt 85 nosokomialen Infektionen, 13 gemeldeten Mitarbeiter-Erkrankungen und fünf mit der Erkrankung assoziierten Todesfällen über den gesamten Zeitraum des Ausbruchs auf drei verschiedenen Stationsbereichen (SB) dem Gesundheitsamt Märkisch-Oderland gemeldet.

Während des Ausbruchs haben alle Akteure, insbesondere Gesundheitsamt und eine „Task-Force“ bestehend aus der Leitung des Krankenhauses und Krankenhaushygiene, u. a. in gemeinsamen vor-Ort-Gesprächen, Risikobeurteilungen und umfassende Maßnahmenpakete erarbeitet und deren Umsetzung forciert und kontinuierlich begleitet und neu bewertet.

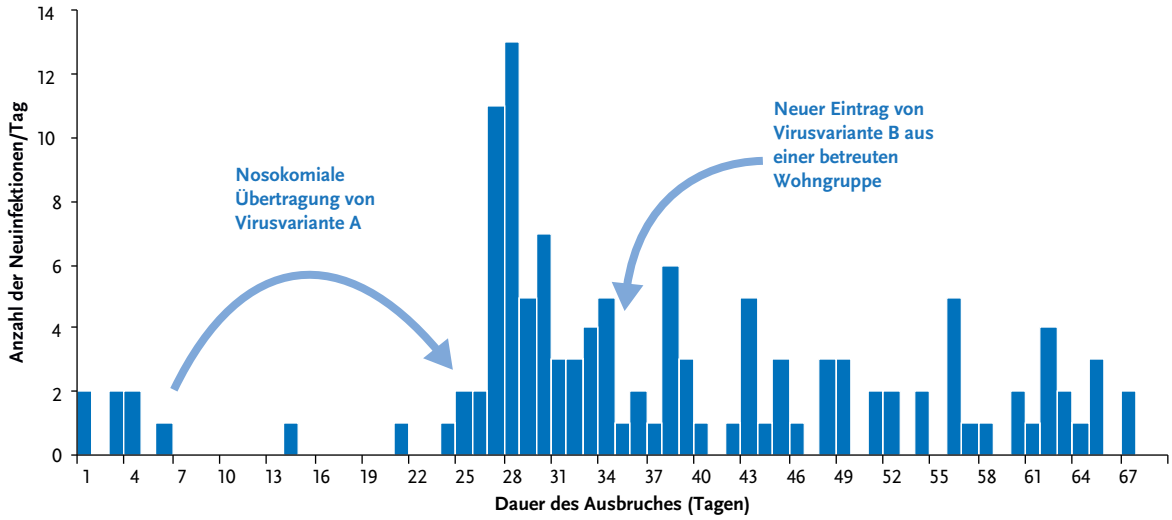

Abb. 7 | Schematische Darstellung eines Ausbruchs in einem Krankenhaus mit der Rekombinante GII.P16 - GII.4 Sydney, ausgelöst durch zwei voneinander unabhängige Infektionsquellen

Bei einem Großteil der Proben wurde durch das Gesundheitsamt eine Genotypisierung der Noroviren inklusive einer Infektketten-Analyse beim KL Noroviren angefordert. Diese konnte in 25 Ausbruchsproben durchgeführt werden. In allen Proben wurde die Rekombinante GII.P16 - GII.4 Sydney nachgewiesen. Die Sequenzanalyse der hochvariablen P2 Region zeigte zwei verschiedene Virusvarianten der Rekombinante GII.P16 - GII.4 Sydney. Diese beiden Varianten unterschieden sich in 22 Positionen der insgesamt 794 Basenpaar langen Nukleotidsequenz. Damit deuten die Ergebnisse der genaueren Infektketten-Analyse auf zwei parallele Erkrankungshäufungen hin. Alle analysierten Proben des Ausbruchs in dem Krankenhaus sind eindeutig einer der beiden nachgewiesenen Norovirus-Rekombinanten GII.P16-GII.4 Sydney zuordenbar (s. Abb. 7).

Nach Beendigung des Ausbruchsgeschehens wurde durch das Gesundheitsamt eine detaillierte Analyse durchgeführt. Diese wurde in einer gemeinsamen Sitzung in dem betreffenden Krankenhaus mit der Geschäftsführung, der Belegschaft, inklusive Krankenhaushygiene ausgewertet. Insbesondere anhand der Ergebnisse der Infektketten-Analyse des KL Noroviren konnte der Verlauf, im Sinne der Verbreitung innerhalb der Einrichtung, während des Ausbruchs dargestellt werden.

Weiterhin wurden die Faktoren eruiert, welche diesen Ausbruch begünstigt haben und Verbesserungspotenzial erkannt, z. B. bei der Lagebeurteilung, der Anamneseerhebung, dem Verlegungsprozedere, der Umsetzung der erforderlichen bzw. angeordneten Hygienemaßnahmen, dem Zeitpunkt der Entisolierung, der Kommunikation zwischen den Berufsgruppen und den einzelnen Stationen, Information von Symptomatik beim Personal und Leasingpersonal oder Compliance-Erhöhung bei Patienten und Angehörigen.

Zusammenfassend wurde festgestellt, dass die Steigerung der Sensibilität bereits zu Beginn eines Ausbruches essenziell ist und die Schaffung bzw. die Beförderung des Verständnisses der Gesamtproblematik und der Eigenverantwortung ebenfalls wichtige Aspekte sind. Zudem müssen Konflikte zwischen infektionshygienischer Notwendigkeit und der Überlastung des Personals Beachtung finden und ausgeräumt werden.

Infolge der Auswertung wurden Festlegungen innerhalb des Hauses getroffen, um eine Wiederholung eines solchen Geschehens entgegen zu wirken.

Fazit

Die Population der zirkulierenden Noroviren ist ständigen Veränderungen unterworfen. Mithilfe der molekularen Surveillance können diese Veränderungen sehr gut erfasst und charakterisiert werden. So werden derzeit fast ausschließlich rekombinante Viren und allem voran die Viren des Typs GII.P16 - GII.4 Sydney in Deutschland detektiert.

Die Genotyp-Analysen zeigen Unterschiede bei der Verteilung von rekombinanten Viren in den unterschiedlichen Einrichtungen von Kindern und Älteren bei Ausbrüchen. Weitere Ausbrüche sollen sowohl retrospektiv als auch zukünftig ausgewertet werden, um die Dominanz einzelner Genotypen (regional und national) besser zu verstehen und mehr über die Evolution der rekombinanten Viren zu erfahren. Um auch regionale Unterschiede, zum Beispiel zwischen den einzelnen Bundesländern sicher analysieren zu können, ist die Erweiterung der molekularen Surveillance der zirkulierenden Noroviren notwendig. Dazu ist es wichtig, eine repräsentative Stichprobe von ca. 1,5 bis 2 % der bundesweit übermittelten Norovirus-Infektionen zu charakterisieren. Wir wünschen uns daher mehr Proben von Gesundheitsämtern, Laboren und Ärzten aus den Bundesländern Deutschlands mit bislang wenigen Einsendungen, um ein vollumfängliches Bild der Population der zirkulierenden Noroviren in Deutschland aufzeigen zu können.

Literatur

1 Ahmed SM, Hall AJ, Robinson AE et al.: Global prevalence of norovirus in cases of gastroenteritis: a systematic review and meta-analysis. Lancet Infect Dis 2014, 14, (8): 725–730

Schorn R, Höhne M, Meerbach A et al.: Chronic norovirus infection after kidney transplantation: molecular evidence for immune-driven viral evolution. Clin Infect Dis. 2010, 51(3): 307–314

Chhabra P, de Graaf M, Parra GI et al.: Updated classification of norovirus genogroups and genotypes. J Gen Virol 2019, 100, (10), 1393–1406

Autorinnen und Autoren

[(a)] Dr. Sandra Niendorf | [(b)] Dr. Mirko Faber | [(c)] Andrea Tröger | [(c)] Christin Noack | [(a)] Dr. Sonja Jacobsen

[(a)] Robert Koch-Institut | Abt. 1 Infektionskrankheiten | Konsiliarlabor für Noroviren
[(b)] Robert Koch-Institut | Abt. 3 Infektionsepidemiologie | FG35 Gastrointestinale Infektionen, Zoonosen und tropische Infektionen
[(c)] Gesundheitsamt Märkisch-Oderland | Fachdienst Hygiene und Umweltmedizin

Vorgeschlagene Zitierweise

Niendorf S, Faber M, Tröger A, Noack C, Jacobsen S: Norovirus-Infektionen in Deutschland, ein Rückblick auf das Jahr 2019

Epid Bull 2020;24:3–9 | DOI 10.25646/6885

Interessenkonflikt

Die Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Danksagung

Das Konsiliarlabor für Noroviren bedankt sich ausdrücklich bei allen einsendenden Ärzten, Laboren, und Gesundheitsämtern. Ein besonderer Dank geht dabei an das gesamte Team des Gesundheitsamtes Märkisch-Oderland, insbesondere Herr Riffer (ehemaliger Leiter Fachdienst Hygiene und Umweltmedizin) und Herr Hampel (Amtsarzt) für die Unterstützung und der Erstellung dieses Berichtes.

Wir bitten darum, dass uns viele Einsender weiterhin bei unserer Arbeit mit Proben von Norovirus-assoziierten Ausbrüchen unterstützen.

Konsiliarlabor für Noroviren

Institution	Robert Koch-Institut Fachgebiet 15 Seestraße 10 · 13533 Berlin
Homepage	www.rki.de/kl-noroviren
Ansprechpartnerinnen	Dr. Sandra Niendorf Dr. Sonja Jacobsen
Telefon	030 18754–2375
Telefax	030 1871054–2617
E-Mail	KL-noroviren@rki.de
Hinweis	**Vor Einsendung von Untersuchungsmaterial wird um telefonische Absprache mit dem Labor gebeten.**

Leistungsübersicht

- Molekularbiologischer Nachweis von Norovirus-RNA mittels qualitativer und quantitativer Nukleinsäure-Amplifikationstechniken aus Stuhlproben und Erbrochenem
- Molekulare Feincharakterisierung im Rahmen von Ausbrüchen (Genotypdifferenzierung) mittels Sequenzierung in verschiedenen Genomregionen,
- Aufklärung von Infektketten
- Aufbau und Optimierung von molekularen Methoden zur Diagnostik viraler Gastroenteritis-Erreger
- Beratung und Unterstützung zur Diagnostik weiterer viraler Gastroenteritis-Erreger
- Molekularbiologischer Nachweis von Sapo-, Astro-, Aichi- und Bocaviren aus Stuhlproben
- Beratung zu Anforderungen an das Untersuchungsmaterial und Versandbedingungen
- Bereitstellung von Referenzmaterial

Erfassung der SARS-CoV-2-Testzahlen in Deutschland (Update vom 11.6.2020)

Zur Erfassung der SARS-CoV-2 Testzahlen werden deutschlandweit Daten von Universitätskliniken, Forschungseinrichtungen sowie klinischen und ambulanten Laboren wöchentlich am Robert Koch-Institut (RKI) zusammengeführt. Übermittelt werden diese über eine internetbasierte Umfrage des RKI über Voxco (RKI-Testlaborabfrage), vom Netzwerk für respiratorische Viren (RespVir), die am RKI etablierte laborbasierte SARS-CoV-2-Surveillance (eine Erweiterung der Antibiotika-Resistenz-Surveillance (ARS)) oder die Abfrage eines labormedizinischen Berufsverbands.

Seit Beginn der Testungen in Deutschland bis einschließlich Kalenderwoche (KW) 23/2020 wurden bisher 4.694.147 Labortests erfasst, davon wurden 217.680 positiv auf SARS-CoV-2 getestet.

Bis einschließlich KW 23 haben sich 226 Labore für die RKI-Testlaborabfrage oder in einem der anderen übermittelnden Netzwerke registriert und übermitteln nach Aufruf überwiegend wöchentlich. Da Labore in der RKI-Testzahlabfrage die Tests der vergangenen Kalenderwochen nachmelden können, ist es möglich, dass sich die ermittelten Zahlen nachträglich erhöhen. Es ist zu beachten, dass die Zahl der Tests nicht mit der Zahl der getesteten Personen gleichzusetzen ist, da in den Angaben Mehrfachtestungen von Patienten enthalten sein können (s. Tab. 1).

Kalenderwoche 2020	Anzahl Testungen	Positiv getestet	Positivenrate (%)	Anzahl übermittelnde Labore
Bis einschl. KW 10	124.716	3.892	3,1	90
11	127.457	7.582	5,9	114
12	348.619	23.820	6,8	152
13	361.515	31.414	8,7	151
14	408.348	36.885	9,0	154
15	380.197	30.791	8,1	164
16	331.902	22.082	6,7	168
17	363.890	18.083	5,0	178
18	326.788	12.608	3,9	175
19	403.875	10.755	2,7	182
20	432.666	7.233	1,7	183
21	351.199	5.196	1,5	177
22	403.617	4.308	1,1	177
23	329.358	3.031	0,9	172

Tab. 1 | Anzahl der SARS-CoV-2-Testungen in Deutschland (9.6.2020, 12.00 Uhr)

Kalenderwoche 2020	Anzahl übermittelnde Labore	Testkapazität pro Tag	Neu ab KW 15: wöchentliche Kapazität anhand von Wochenarbeitstagen
11	28	7.115	–
12	93	31.010	–
13	111	64.725	–
14	113	103.515	–
15	132	116.655	–
16	112	123.304	730.156
17	126	136.064	818.426
18	133	141.815	860.494
19	137	153.698	964.962
20	134	157.150	1.038.223
21	136	159.418	1.050.676
22	143	156.824	1.017.179
23	137	161.911	1.083.345
24	139	168.748	1.092.448

Tab. 2 | Testkapazitäten der übermittelnden Labore pro Tag und Kalenderwoche (9.6.2020, 12.00 Uhr)

Zusätzlich zur Anzahl durchgeführter Tests werden in der RKI-Testlaborabfrage und durch einen labormedizinischen Berufsverband Angaben zur täglichen Testkapazität abgefragt.

Es gaben 139 Labore in KW 23 prognostisch an, in der folgenden Woche (KW 24) Kapazitäten für insgesamt 168.748 Tests pro Tag zu haben. Alle 139 übermittelnden Labore machten Angaben zu ihren Arbeitstagen pro Woche, die zwischen 3–7 Arbeitstagen lagen, daraus resultiert eine Testkapazität von 1.092.448 durchführbaren PCR-Tests zum Nachweis von SARS-CoV-2 in KW 24 (s. Tab. 2).

In KW 23 gaben 28 Labore einen Rückstau von insgesamt 2.478 abzuarbeitenden Proben an. 27 Labore nannten Lieferschwierigkeiten für Reagenzien, hauptsächlich Abstrichtupfer.

Vorgeschlagene Zitierweise
Robert Koch-Institut: Erfassung der SARS-CoV-2-Testzahlen in Deutschland (Update vom 11.6.2020).
Epid Bull 2020;24:10 | DOI 10.25646/6940

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

21. Woche 2020 (Datenstand: 10. Juni 2020)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.
Baden-Württemberg	60	953	1.634	8	341	334	1	36	75	6	1.867	3.828	4	181	980
Bayern	66	1.578	2.088	17	377	512	1	55	71	9	3.486	5.901	12	492	2.437
Berlin	16	544	992	5	100	143	1	31	40	1	937	2.145	21	150	2.662
Brandenburg	25	436	634	1	117	169	0	8	18	0	1.496	1.786	4	180	3.288
Bremen	2	78	123	1	15	20	0	2	2	0	82	199	2	25	116
Hamburg	10	339	596	0	46	117	1	13	10	3	411	734	1	91	1.070
Hessen	40	807	1.192	12	177	255	2	9	14	7	1.180	2.861	2	177	1.031
Mecklenburg-Vorpommern	22	404	461	2	74	130	0	19	15	2	918	1.646	4	118	1.314
Niedersachsen	53	1.069	1.502	17	278	420	0	59	92	7	2.100	4.010	13	344	2.551
Nordrhein-Westfalen	132	3.375	4.550	24	538	873	3	87	105	6	5.263	9.574	11	796	2.817
Rheinland-Pfalz	36	706	1.093	17	161	242	0	26	49	10	1.124	2.868	2	106	804
Saarland	7	232	297	0	47	27	0	1	5	1	202	477	0	44	181
Sachsen	79	1.144	1.530	4	266	282	1	28	55	10	2.587	4.071	11	610	3.496
Sachsen-Anhalt	22	425	492	11	187	203	1	22	28	7	1.449	2.216	3	184	1.537
Schleswig-Holstein	15	435	706	2	58	118	0	20	22	12	600	1.076	2	126	832
Thüringen	27	488	634	2	223	250	0	8	23	7	1.492	2.130	5	315	2.011
Deutschland	**612**	**13.014**	**18.527**	**123**	**3.005**	**4.096**	**11**	**424**	**625**	**88**	**25.196**	**45.531**	**97**	**3.939**	**27.129**

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.
Baden-Württemberg	1	18	22	12	525	722	16	359	494	11	239	236	9	23.912	18.807
Bayern	0	35	36	20	511	833	13	311	462	17	219	300	81	54.419	45.688
Berlin	3	24	32	10	175	239	3	91	110	5	133	156	1	5.610	6.102
Brandenburg	1	15	13	1	38	55	1	29	27	2	42	35	2	5.847	5.992
Bremen	0	2	4	2	63	47	0	15	15	0	22	21	0	365	390
Hamburg	0	9	20	0	41	54	2	39	69	2	77	97	3	3.878	4.671
Hessen	2	16	23	4	247	319	6	167	192	13	212	230	8	8.886	10.462
Mecklenburg-Vorpommern	0	7	9	0	13	35	0	11	14	0	19	19	0	3.666	6.729
Niedersachsen	0	20	23	11	233	259	4	174	197	3	123	154	4	10.467	11.032
Nordrhein-Westfalen	1	60	99	20	568	674	15	438	556	14	357	452	10	26.059	25.538
Rheinland-Pfalz	1	14	21	5	179	203	2	69	107	4	73	88	1	8.193	7.712
Saarland	0	1	3	0	30	33	0	15	27	1	19	13	0	1.711	814
Sachsen	0	7	10	3	74	93	3	66	89	0	46	62	7	20.266	22.495
Sachsen-Anhalt	0	8	4	0	51	73	0	21	52	0	31	56	0	6.921	10.843
Schleswig-Holstein	0	4	10	1	97	117	2	85	95	2	58	52	1	4.036	5.279
Thüringen	0	4	13	0	21	47	1	25	36	0	24	31	0	9.336	6.252
Deutschland	**9**	**244**	**342**	**89**	**2.866**	**3.803**	**68**	**1.915**	**2.542**	**74**	**1.695**	**2.003**	**127**	**193.596**	**188.823**

Allgemeiner Hinweis: LK Teltow-Fläming und das Zentrum für tuberkulosekranke und -gefährdete Menschen in Berlin verwenden veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG bewerten und übermitteln.

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.
Baden-Württemberg	0	21	60	1	52	15	0	0	0	1	269	332	18	1.315	1.935
Bayern	0	12	51	1	41	34	0	2	2	9	703	1.022	21	1.664	2.893
Berlin	0	3	13	0	55	15	0	0	1	0	115	151	5	373	886
Brandenburg	0	0	1	0	5	6	0	0	0	3	139	180	1	202	252
Bremen	0	0	0	0	1	4	0	1	0	0	33	28	1	73	95
Hamburg	0	0	17	0	13	2	0	0	0	0	68	165	4	194	278
Hessen	0	8	22	0	19	20	0	0	1	3	208	244	3	405	548
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	1	3	0	0	0	0	108	151	0	73	116
Niedersachsen	0	1	75	0	11	15	0	0	1	3	137	186	4	431	726
Nordrhein-Westfalen	0	19	110	0	38	45	0	0	4	3	372	706	15	1.210	2.115
Rheinland-Pfalz	0	6	34	0	14	12	0	0	0	0	98	179	2	216	311
Saarland	0	2	0	0	0	2	0	0	0	0	22	14	1	28	39
Sachsen	0	0	15	0	2	5	0	1	0	1	120	374	4	564	972
Sachsen-Anhalt	0	0	1	0	4	3	0	0	0	3	159	267	1	71	139
Schleswig-Holstein	0	0	4	0	6	9	0	0	1	2	86	93	1	299	283
Thüringen	0	0	3	0	4	2	0	0	0	0	209	205	0	102	186
Deutschland	**0**	**72**	**406**	**2**	**266**	**192**	**0**	**4**	**10**	**28**	**2.847**	**4.297**	**81**	**7.220**	**11.775**

Erreger mit Antibiotikaresistenz und *Clostridioides-difficile*-Erkankung

	Acinetobacter-Infektion oder -Kolonisation (*Acinetobacter* mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit[1])			Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit[1])			*Clostridioides-difficile*-Erkankung, schwere Verlaufsform			Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus* (MRSA), invasive Infektion		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.	21.	1.–21.	1.–21.
Baden-Württemberg	0	18	26	3	141	179	2	24	88	0	15	33
Bayern	1	22	24	1	183	221	4	84	123	3	32	85
Berlin	0	21	27	8	107	123	2	31	28	1	25	28
Brandenburg	0	6	4	0	28	29	3	27	46	0	16	30
Bremen	0	1	3	0	11	14	0	1	4	0	8	19
Hamburg	0	6	19	1	32	44	1	4	13	0	11	14
Hessen	2	19	26	11	198	228	1	45	51	1	26	38
Mecklenburg-Vorpommern	0	1	1	0	16	7	3	25	30	0	14	24
Niedersachsen	1	18	19	6	100	76	2	83	90	2	70	104
Nordrhein-Westfalen	2	53	63	13	382	355	10	202	245	11	171	274
Rheinland-Pfalz	0	5	4	2	57	79	1	23	25	0	11	29
Saarland	0	1	0	0	11	20	0	0	2	1	4	5
Sachsen	1	8	10	2	69	74	2	42	87	1	39	70
Sachsen-Anhalt	0	1	3	1	58	64	4	62	58	3	28	45
Schleswig-Holstein	0	1	8	1	46	29	0	9	22	1	18	22
Thüringen	0	2	1	2	30	49	0	23	29	1	21	24
Deutschland	**7**	**183**	**238**	**51**	**1.471**	**1.591**	**35**	**685**	**941**	**25**	**509**	**844**

[1] oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante

Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2020		2019
	21.	1.–21.	1.–21.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	70	343
Botulismus	0	0	4
Brucellose	0	11	8
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	21	27
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	5	39
Denguefieber	1	169	456
Diphtherie	0	7	2
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	8	42	54
Giardiasis	14	802	1.579
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	1	381	473
Hantavirus-Erkrankung	0	52	431
Hepatitis D	0	10	25
Hepatitis E	68	1.335	1.535
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	1	11	11
Kryptosporidiose	10	318	444
Legionellose	20	422	414
Lepra	0	0	0
Leptospirose	0	42	30
Listeriose	7	206	239
Meningokokken, invasive Erkrankung	0	107	133
Ornithose	1	7	4
Paratyphus	0	7	19
Q-Fieber	0	26	12
Shigellose	1	102	251
Trichinellose	0	1	1
Tularämie	0	8	13
Typhus abdominalis	0	22	35
Yersiniose	30	782	792
Zikavirus-Erkrankung	0	4	6

In der wöchentlich veröffentlichten aktuellen Statistik werden die gemäß IfSG an das RKI übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten veröffentlicht. Es werden nur Fälle dargestellt, die in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen sind, dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden und die Referenzdefinition erfüllen (s. www.rki.de/falldefinitionen).

Wiederaufnahme von Reisen und Tourismus

Legionellenwachstum vorbeugen – Erkrankungen verhindern

Hotels, Schwimmbäder, Sporteinrichtungen, Teile von Altenheimen oder Krankenhäusern, etc. waren in den letzten Wochen geschlossen und standen u. U. längere Zeit leer. So kann es – bei nicht sachgemäßer Wartung – ggf. zu einem erhöhten Legionellenwachstum in den betreffenden Trinkwasseranlagen gekommen sein, was bei der Wiederinbetriebnahme bisher ganz oder teilweise geschlossener Einrichtungen oder Wasserentnahmestellen jetzt möglicherweise ein vermehrtes Auftreten von Legionellosen zur Folge hätte.

Menschen können durch das Einatmen erregerhaltiger Aerosole, wie sie beispielsweise bei der Nutzung von Duschen oder Wasserhähnen einer Trinkwasseranlage mit erhöhter Legionellenkonzentration entstehen können, an einer Lungenentzündung – der sogenannten Legionärskrankheit – erkranken.

Daher sollten Betreiber von Hotels, Schwimmbädern, Altenheimen u. a. Einrichtungen in der jetzigen Situation – neben den vielen anderen Aspekten – auch den einwandfreien Betrieb der Trinkwasseranlage in ihren Gebäuden sicherstellen und im Vorfeld der Wiedereröffnung die erforderlichen technischen Maßnahmen zur Minimierung des Infektionsrisikos beachten. Die Maßnahmen vor Wiederinbetriebnahme einer Trinkwasseranlage sind in den bekannten Technischen Regelwerken beschrieben – u. a. in den Richtlinien DIN EN 806-5 und VDI 6023 sowie in den Arbeitsblättern W551 und W557 des Deutschen Vereins des Gas- und Wasserfaches (DVGW). Hinweise zu gesundheitlichen Aspekten von Trinkwasserinstallationen finden sich auch in dem kostenlos vom Umweltbundesamt (UBA) herausgegebenen Ratgeber „Trink was – Trinkwasser aus dem Hahn“ siehe unter www.umweltbundesamt.de/publikationen/ratgeber-trink-was-trinkwasser-aus-hahn.

Da im In- und Ausland fast überall Hotels oder andere Reiseunterkünfte ganz oder teilweise den Betrieb eingestellt hatten, kann es bei nun wieder aufgenommenen Reisen mit Nutzung solcher Unterkünfte zu einem erhöhten Risiko für Legionellosen kommen.

Es ist ferner von Bedeutung, dass bei respiratorischen Symptomen und einer möglichen Exposition auch an eine (antibiotisch behandelbare) Legionelleninfektion gedacht und eine entsprechende Testung durchgeführt wird.