



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN  
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

27  
2022

7. Juli 2022

# Epidemiologisches Bulletin

**Regionale Inanspruchnahme der COVID-19-  
Impfung | LeTriWa-Studie zu ambulant  
erworbenen Fällen von Legionärskrankheit  
(Teil 1)**

## Inhalt

### Inanspruchnahme der COVID-19-Impfung - Eine Sonderauswertung mit Daten bis Dezember 2021 3

Das Digitale Impfquotenmonitoring (DIM) wurde entwickelt, um die vollständige und zeitnahe Übermittlung der COVID-19-Impfdaten aus allen Impfstellen sicherzustellen. Es umfasst unter anderem das Meldeportal der kassenärztlichen Bundesvereinigung (KBV), über das Vertragsärztinnen und -ärzte täglich aggregierte Impfdaten übermitteln. Es ist nicht möglich, aus den KBV-Daten eine valide kleinräumige Impfquote zu berechnen und somit die tatsächliche Anzahl der in einem Landkreis ansässigen Geimpften zu bestimmen. Im vorliegenden Bericht wurde versucht, durch den Austausch der KBV-Daten gegen Abrechnungsdaten der Kassenärztlichen Vereinigungen (KVen) eine höhere Vollständigkeit der Impfdaten zu erreichen. Anschließend konnte erstmals die regionale Impfanspruchnahme basierend auf dem Wohnort der Geimpften und in einer feineren Altersgliederung sowie nach Geschlecht aufgeschlüsselt dargestellt werden.

### Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit (Teil 1) 13

Bei den meisten Fällen mit ambulant erworbener Legionärskrankheit (AE-LK) gelingt es auch in internationalen Studien nicht, die verantwortliche Infektionsquelle nachzuweisen. Ein Ziel der Berliner LeTriWa-Studie („Legionellen in der Trinkwasser-Installation“) war es, herauszufinden, bei wie vielen Fällen evidenzbasiert eine Infektionsquelle identifiziert werden kann. Dazu wurden im Zeitraum 2016 bis 2020 Fälle mit AE-LK und Kontrollpersonen rekrutiert, Urin- und tiefe Atemwegsproben untersucht und Befragungen zu potenziellen Expositionen durchgeführt. Zudem wurden verschiedene häusliche und außerhäusliche Infektionsquellen beprobt. Die Zuordnung der potenziellen Infektionsquelle erfolgte mittels einer eigens entwickelten Evidenz-Matrix. Im vorliegenden Teil 1 des Berichts werden zunächst die Hintergründe, Ziele und Methoden der LeTriWa-Studie vorgestellt.

### Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 26. Woche 2022 23

### Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: April 2022 26

## Impressum

#### Herausgeber

Robert Koch-Institut  
Nordufer 20, 13353 Berlin  
Telefon: 030 18754-0  
E-Mail: [EpiBull@rki.de](mailto:EpiBull@rki.de)

#### Redaktion

Dr. med. Maren Winkler  
Dr. med. Jamela Seedat (derzeit nicht im Dienst)  
Heide Monning (Vertretung)

#### Redaktionsassistentz

Nadja Harendt  
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

#### Allgemeine Hinweise/Nachdruck

Die Ausgaben ab 1996 stehen im Internet zur Verfügung:  
[www.rki.de/epidbull](http://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](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).



ISSN 2569-5266



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

# Inanspruchnahme der COVID-19-Impfung

## Eine Sonderauswertung mit Daten bis Dezember 2021

### 1. Hintergrund

Im Pandemiefall ist die kontinuierliche und zeitnahe Bewertung des Impffortschritts, der Sicherheit und Wirksamkeit pandemischer Impfstoffe erforderlich. Die aktuelle und vollständige Impfdatenerhebung ist hierfür essenziell. Quartalsweise Abrechnungsdaten der Regelversorgung, die gemäß §13 (5) Infektionsschutzgesetz (IfSG) von den Kassenärztlichen Vereinigungen (KVen) an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt werden, sind für den Zweck eines tagesaktuellen Impfquotenmonitorings ungeeignet, da sie nur mit einem Zeitverzug von sechs bis neun Monaten vorliegen. Impfungen gegen Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) wurden zu Beginn der Impfkampagne im Dezember 2020 außerdem vorwiegend außerhalb der Regelversorgung (bspw. in Impfzentren) durchgeführt und sind somit nicht in den KV-Abrechnungsdaten enthalten. Um die vollständige und zeitnahe Übermittlung der COVID-19-Impfdaten aus allen Impfstellen sicherzustellen, wurde daher ein neues Meldesystem entwickelt: das Digitale Impfquotenmonitoring (DIM).

Gemäß Coronavirus-Impfverordnung sind den verschiedenen Impfleistungserbringern unterschiedliche Meldewege mit unterschiedlichen Datenstrukturen vorgegeben.<sup>1</sup> Daher umfasst das DIM drei Meldeportale:

- 1) die Webanwendung *Digitales Impfquotenmonitoring*, über die Impfzentren, mobile Teams, Betriebsärztinnen und -ärzte, Gesundheitsämter, Krankenhäuser sowie Apotheken und Zahnärztinnen und -ärzte pseudonymisierte Einzelfalldaten übermitteln,
- 2) das *Meldeportal der kassenärztlichen Bundesvereinigung (KBV)*, über das Vertragsärztinnen und -ärzte Impfdaten täglich aggregiert übermitteln sowie
- 3) das *Meldeportal der privatärztlichen Verrechnungsstellen (PVS)*, über das Privatärztinnen und -ärzte Impfdaten täglich aggregiert übermitteln.

Diese unterschiedlich strukturierten Datenbestände werden für die tägliche Veröffentlichung der COVID-19-Impfdaten zusammengeführt.<sup>2</sup> Die hochaggregierten Daten der Vertragsärztinnen und -ärzte, die bis Mai 2022 gut die Hälfte (51%) aller in Deutschland durchgeführten COVID-19-Impfungen ausmachten (der Anteil der im privatärztlichen Bereich durchgeführten COVID-19-Impfungen betrug lediglich 1%), sind dabei ein wesentliches Hemmnis für die Bereitstellung feingranularer Daten: Während die über die Webanwendung übermittelten Daten neben dem Ort der Impfstelle auch die Wohnort-Postleitzahl (PLZ) sowie Alter und Geschlecht der Geimpften enthalten, liegen die tagesaktuellen aggregierten Daten der niedergelassenen Ärzteschaft lediglich nach PLZ der Arztpraxis und in vier Altersgruppen vor (5–11, 12–17, 18–59 und 60+ Jahre). Der Ort der impfenden Stelle ist somit die einzig konsistente Möglichkeit der regionalen Abbildung in allen Datensträngen und Grundlage der täglich veröffentlichten Impfdaten.<sup>2</sup> Da die tatsächliche Anzahl der in einem Landkreis ansässigen Geimpften unbekannt ist, konnte eine valide kleinräumige Impfquote bislang nicht berechnet werden.

Neben den KV-Abrechnungsdaten (übermittelt auf individueller Ebene gemäß §13 (5) IfSG) erhält das RKI mit einem Zeitverzug von jeweils etwa vier Monaten nach Quartalsende von den KVen alle abgerechneten COVID-19-Impfdaten in höher als in den täglichen Meldungen über das KBV-Portal aufgelöster Form: Die KV-Abrechnungsdaten enthalten aggregierte Impffzahlen differenziert nach Wohnort-PLZ der Geimpften, 10-Jahres-Altersgruppen sowie Geschlecht und weisen insgesamt eine höhere Vollständigkeit auf als die täglichen Meldungen über das KBV-Portal. Es ist möglich, die über das KBV-Meldeportal übermittelten Daten sukzessive durch die aggregierten KV-Abrechnungsdaten zu ersetzen. In der täglichen Veröffentlichung der COVID-19-Impfdaten wurden die KBV-Meldungen zum 22.06.2022

durch die KV-Abrechnungsdaten bis einschließlich des 4. Quartals 2021 ersetzt.<sup>2</sup>

Für den Zeitraum bis Ende des 4. Quartals 2021 können auf Basis des höher aufgelösten Datenkörpers aus den Meldungen der DIM-Webanwendung und den KV-Abrechnungsdaten – jedoch ohne Berücksichtigung der weiterhin hochaggregierten privatärztlichen Daten, für die an keiner Stelle ein ersetzendes Äquivalent vorliegt – außerdem tiefergehende Analysen durchgeführt werden. Ziel des vorliegenden Berichts war es, i) das Ausmaß und die Auswirkung der höheren Vollständigkeit der Impfdaten durch den Austausch der KBV- gegen die KV-Daten darzustellen, ii) die detaillierteren KV-Daten zu nutzen, um die regionale Inanspruchnahme der COVID-19-Impfung erstmalig basierend auf dem Wohnort der Geimpften zu berechnen und somit eine Vergleichbarkeit der Impfinanspruchnahme auf räumlicher Ebene, insbesondere auf Ebene der Stadt- und Landkreise, herzustellen und damit iii) die Impfinanspruchnahme für die beiden regionalen Zuordnungen (Ort der Impfstelle vs. Wohnort der Geimpften) vergleichend gegenüberzustellen. Des Weiteren wurde iv) erstmals die Impfinanspruchnahme in 10-Jahres-Altersgruppen und nach Geschlecht bestimmt.

Der hier zugrundeliegende Datenkörper ist weniger vollständig als jener für die tägliche Veröffentlichung der Impfdaten. Daher darf die hier berichtete Impfinanspruchnahme nicht als Neuberechnung der täglich publizierten Impfquoten verstanden werden. Zur begrifflichen Abgrenzung wird die Bezeichnung „Anteil Geimpfter“ anstelle von Impfquote verwendet.

## 2. Methodik

### 2.1 Datenbasis

Datengrundlage der vorliegenden Auswertung sind die bis Ende des 4. Quartals 2021 (Impftag 31.12.2021) durchgeführten COVID-19-Erst- und Zweitimpfungen der Grundimmunisierung (GI), die dem RKI über DIM bzw. als KV-Abrechnungsdaten übermittelt wurden. Auffrischimpfungen wurden in der vorliegenden Analyse nicht betrachtet, da sie erst gegen Ende des Beobachtungszeitraums (etwa ab Dezem-

ber 2021) in nennenswerter Zahl verabreicht wurden. Datenstand für den Abzug der Impfdaten aus der DIM-Webanwendung war der 02.06.2022, für die Daten des PVS- und KBV-Meldeportals der 22.06.2022.

Die Aufbereitung und Aggregation der Impfdaten erfolgte für beide regionale Zuordnungen: Ort der Impfstelle<sup>2</sup> bzw. Wohnort der Geimpften. Für Analysen auf Ebene der Stadt- und Landkreise wurden die Impfungen anhand der PLZ der impfenden Stelle bzw. der Wohnort-PLZ der Geimpften einem der 401 Stadt- bzw. Landkreise zugeordnet. Falls sich eine PLZ nicht eindeutig einem Stadt- oder Landkreis zuordnen ließ, wurde jener Kreis gewählt, auf den die meisten Hausnummern der jeweiligen PLZ zeigten.

Während in den über die DIM-Webanwendung übermittelten Daten die Impfserie codiert ist, wurde sie bei den KV-Daten aus der darin enthaltenen Abrechnungsziffer abgeleitet.<sup>3</sup> Für rund 128.000 Impfungen der KV Brandenburg wurde im Rahmen eines Modellprojektes – vorwiegend zu Beginn der Impfkampagne – eine unspezifische Abrechnungsziffer verwendet. Da diese keine Differenzierung nach Impfserie zulässt, blieben diese Impfungen unberücksichtigt.

### 2.2 Datenanalyse

Wir untersuchten die Vollständigkeit der Datenbasis nach Austausch der KBV- gegen die KV-Daten und in Abhängigkeit von der regionalen Zuordnung. Hierfür wurde die Anzahl auswertbarer Impfungen je Meldestrang und regionaler Zuordnung sowie die resultierenden Anteile Geimpfter in der Gesamtbevölkerung gegenübergestellt. Ausschließlich für diese Gegenüberstellung wurden auch Daten des PVS- sowie des KBV-Meldeportals einbezogen. Für alle weiteren Auswertungen wurden nur die Daten jener Meldestränge verwendet, die sowohl Informationen zum Ort der Impfstelle als auch zum Wohnort der Geimpften beinhalten (DIM-Webanwendung und KV-Daten). Für beide regionalen Zuordnungen wurden Impffzahlen sowie Anteile von Geimpften in der Bevölkerung für mindestens eine Impfung sowie GI auf Ebene der Bundesländer gegenübergestellt. Auf Stadt- und Landkreisebene wurden die Anteile Grundimmunisierter für beide regionalen Zuordnungen sowie der Anteil nicht

nach Wohnort-PLZ zuordenbarer Impfungen je Landkreis der impfenden Stelle dargestellt.

Weiterhin wurde die Inanspruchnahme der COVID-19-Impfung für 10-Jahres-Altersgruppen sowie für Frauen und Männer auf Bundesebene sowie nach Bundesland ermittelt. Hierfür wurde ausschließlich der Wohnort der Geimpften für die regionale Zuordnung verwendet. Bezugsgrößen für die Berechnung der Anteile Geimpfter sind die jeweiligen Bevölkerungszahlen des Statistischen Bundesamts mit Stichtag 31.12.2020.<sup>4</sup> Für die Berechnung der Anteile Geimpfter bei Frauen bzw. Männern wurden 875.976 Impfungen ausgeschlossen. In den meisten Fällen (93%) lag keine Angabe zum Geschlecht vor. Rund 62.000 Impfungen waren der Geschlechtsangabe „divers“ zugehörig. Aufgrund einer fehlenden Bezugspopulation konnte für diese Personengruppe der Anteil Geimpfter nicht berechnet werden.

### 3. Ergebnisse

Tabelle 1 gibt einen Überblick über die Zahl der COVID-19-Erst- und Zweitimpfungen der GI, die bis Ende des 4. Quartals 2021 aus den drei DIM-Meldesträngen sowie über die KV-Abrechnungsdaten ans RKI übermittelt wurden und abhängig von der gewählten regionalen Zuordnung in Auswertungen berücksichtigt werden können. In der

täglichen Publikation des Impfquotenmonitorings mit regionaler Zuordnung nach dem Ort der impfenden Stelle konnten durch den Austausch der KBV- gegen die KV-Daten insgesamt 1,9 Mio. Erst- bzw. Zweitimpfungen zusätzlich berücksichtigt werden. Dies resultierte in einer Steigerung des Anteils mindestens einmal Geimpfter um 1,1 Prozentpunkte auf 75,4% bzw. um 1,3 Prozentpunkte auf 71,1% bei der GI. In Analysen, die den Wohnort der Geimpften als regionale Zuordnung verwenden, müssen insgesamt rund 1,1 Mio. Erst- und Zweitimpfungen (0,9% aller übermittelten Erst- und Zweitimpfungen) unberücksichtigt bleiben; neben Impfdaten aus dem privatärztlichen Bereich, die grundsätzlich keine Information zum Wohnort der Geimpften enthalten, stammt der Großteil dieser 1,1 Mio. Impfungen aus der DIM-Webanwendung und nahezu alle dieser Impfungen weisen die PLZ „99999“ auf (n=641.857). Diese Platzhalter-PLZ sollte gemäß den Meldevorgaben primär bei Geimpften verwendet werden, die keinen Wohnsitz in Deutschland haben oder bei denen die PLZ nicht ermittelbar ist.

Dementsprechend lag der Anteil Geimpfter nach Zuordnung über die Wohnort-PLZ um 0,7 Prozentpunkte (Erstimpfung) bzw. 0,6 Prozentpunkte (GI) niedriger als in den Analysen basierend auf dem Ort der Impfstelle nach Austausch der KBV-Daten. Trotz der Verluste von Impfungen aufgrund der Nicht-

Meldestrang (Zeitraum mit vorliegenden Impfungen)	Nach Ort der Impfstelle*		Nach Wohnort der Geimpften (mit Austausch KBV- gegen KV-Daten)	
	Ohne Austausch KBV- gegen KV-Daten	Mit Austausch KBV- gegen KV-Daten	Mit zuordenbarer Wohnort-PLZ	Ohne zuordenbare Wohnort-PLZ
<b>DIM-Meldeportal</b> (27.12.2020–31.12.2021)	67.151.446	67.151.446	66.506.902	644.544
<b>PVS-Meldeportal</b> (07.06.2021–31.12.2021)	423.373	423.373	0	423.373
<b>KBV-Meldeportal</b> (10.03.2021–31.12.2021)	50.083.668	–	–	–
<b>KV-Abrechnungsdaten</b> (Q1/2021–Q4/2021)	–	51.978.081	51.942.226	35.855
<b>Gesamtzahl Impfungen</b>	<b>117.658.487</b>	<b>119.552.900</b>	<b>118.449.128</b>	<b>1.103.772</b>
Anteil mindestens einmal Geimpfter (%)	74,3	75,4	74,7	0,7
Anteil Grundimmunisierter (%)	69,8	71,1	70,5	0,6

Tab. 1 | Anzahl auswertbarer Erst- und Zweitimpfungen der Grundimmunisierung (GI) gegen COVID-19 nach Meldestrang und regionaler Zuordnung bis einschließlich 4. Quartal 2021

\* wie in der täglichen Publikation des Impfquotenmonitorings<sup>2</sup>

DIM = Digitales Impfquotenmonitoring; PVS = Verband der Privatärztlichen Verrechnungsstellen; KBV = Kassenärztliche Bundesvereinigung; KV = Kassenärztliche Vereinigung; Q = Quartal

Zuordenbarkeit von Impfungen über die Wohnort-PLZ können durch den Austausch KBV- gegen KV-Daten insgesamt mehr Impfungen berücksichtigt werden als allein auf Basis der KBV-Daten in Analysen nach dem Ort der Impfstelle (118,4 Mio. vs. 117,7 Mio.).

Table 2 zeigt die Inanspruchnahme von COVID-19-Impfungen auf Ebene der Bundesländer für die regionalen Zuordnungen nach Ort der Impfstelle und PLZ des Wohnorts. Aufgeschlüsselt ist außerdem die Anzahl der Geimpften mit Wohnsitz im Bundesland der Impfstelle sowie die Anzahl der im Bundesland durchgeführten Impfungen, die nicht anhand der Wohnort-PLZ regional zugeordnet werden konnten. Insgesamt konnten 710.143 Impfungen anhand der vorliegenden Wohnort-PLZ keinem Kreis bzw. Bundesland zugeordnet werden. Knapp die

Hälfte der nicht zuordenbaren Impfungen wurde aus Berlin und hier vorwiegend von Impfzentren/mobilen Teams übermittelt (~316.000, 45%), gefolgt von Nordrhein-Westfalen (~145.000, 20%). Aufgrund von Impfungen, die keine zuordenbare Impfstellen-PLZ, aber eine zuordenbare Wohnort-PLZ aufwiesen (n=29.744), ergab sich eine Differenz von 680.399 in der Gesamtzahl der berücksichtigten Impfungen zwischen den Analysen für die beiden regionalen Zuordnungen.

Bundesweit lag für 96 % der Impfungen der Wohnort der geimpften Personen auch im Bundesland der impfenden Stelle. Am höchsten lag dieser Anteil in Bayern (98%) und Nordrhein-Westfalen (98%), gefolgt von 10 weiteren Bundesländern mit Werten von  $\geq 95\%$ . In den Stadtstaaten Bremen und Hamburg wurden anteilig am häufigsten Personen mit

Bundesland	Anzahl bis zum 31.12.2021 durchgeführter COVID-19-Impfungen mit:				
	Zuordnung nach Bundesland der Impfstelle (A)	Zuordnung nach PLZ des Wohnorts* (B)	Differenz (B-A)	Wohnort im Bundesland der Impfstelle (C)	Nicht zuordenbarer Wohnort-PLZ (D)
Baden-Württemberg	15.503.298	15.349.160	-154.138	15.051.088	31.369
Bayern	18.456.319	18.493.863	37.544	18.141.141	24.516
Berlin	5.305.477	4.888.843	-416.634	4.625.609	316.321
Brandenburg	3.177.861	3.348.642	170.781	2.973.401	4.518
Bremen	1.134.006	996.094	-137.912	942.157	2.198
Hamburg	2.884.476	2.729.746	-154.730	2.511.487	12.554
Hessen	8.961.351	8.957.995	-3.356	8.616.185	28.174
Mecklenburg-Vorpommern	2.256.187	2.258.704	2.517	2.191.796	3.636
Niedersachsen	11.692.853	12.023.939	331.086	11.399.496	6.014
Nordrhein-Westfalen	26.920.728	26.741.431	-179.297	26.305.945	144.601
Rheinland-Pfalz	5.884.452	6.041.435	156.983	5.636.253	18.523
Saarland	1.518.821	1.485.618	-33.203	1.448.473	13.068
Sachsen	4.953.244	4.911.213	-42.031	4.796.853	56.406
Sachsen-Anhalt	2.985.645	2.994.180	8.535	2.880.365	5.815
Schleswig-Holstein	4.334.513	4.453.315	118.802	4.139.277	29.090
Thüringen	2.774.879	2.774.950	71	2.687.346	4.289
Bundesressorts**	385.417	-	-	-	9.051
<b>Gesamt</b>	<b>119.129.527</b>	<b>118.449.128</b>	<b>-680.399</b>	<b>114.346.872</b>	<b>710.143</b>

Tab. 2 | Anzahl der bis zum 31.12.2021 durchgeführten Erst- und Zweitimpfungen der Grundimmunisierung (GI) gegen COVID-19 nach regionaler Zuordnung und Bundesland

Ohne Impfungen, die im privatärztlichen Bereich verabreicht wurden (n = 423.373).

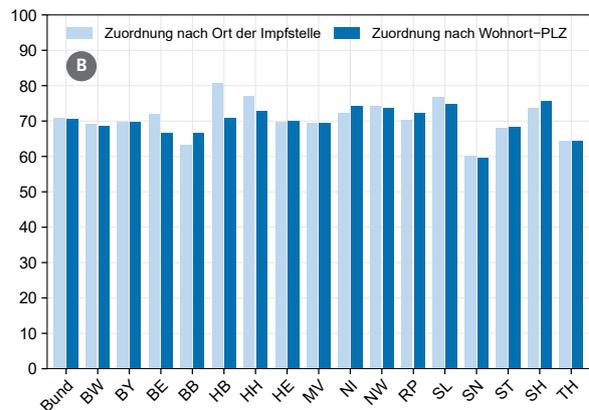
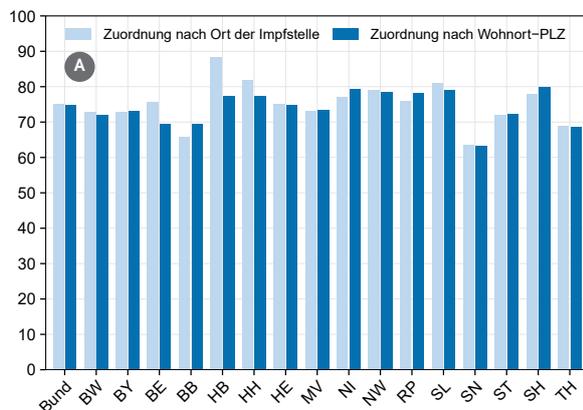
Die Anzahl in einem Bundesland Geimpfter aber nicht dort Wohnender kann wie folgt berechnet werden:

n = Spalte A – Spalte C – Spalte D.

\* Inklusive Impfungen, die aus dem Impfkontingent des Bundes gemäß Coronavirus-Impfverordnung an Angehörige des Bundes verabreicht wurden und einem Stadt- bzw. Landkreis zugeordnet werden konnten.

\*\* Impfungen, die aus dem Impfkontingent des Bundes gemäß Coronavirus-Impfverordnung an Angehörige des Bundes verabreicht wurden.

## Anteil Geimpfter in %



**Abb. 1** | Vergleich der Anteile gegen COVID-19 Geimpfter per 31.12.2021 bundesweit und nach Bundesland für die regionalen Zuordnungen für die (A) Erstimpfung und (B) Grundimmunisierung (GI).

BW: Baden-Württemberg; BY: Bayern; BE: Berlin; BB: Brandenburg; HB: Bremen; HH: Hamburg; HE: Hessen; MV: Mecklenburg-Vorpommern; NI: Niedersachsen; NW: Nordrhein-Westfalen; RP: Rheinland-Pfalz; SL: Saarland; SN: Sachsen; ST: Sachsen-Anhalt; SH: Schleswig-Holstein; TH: Thüringen

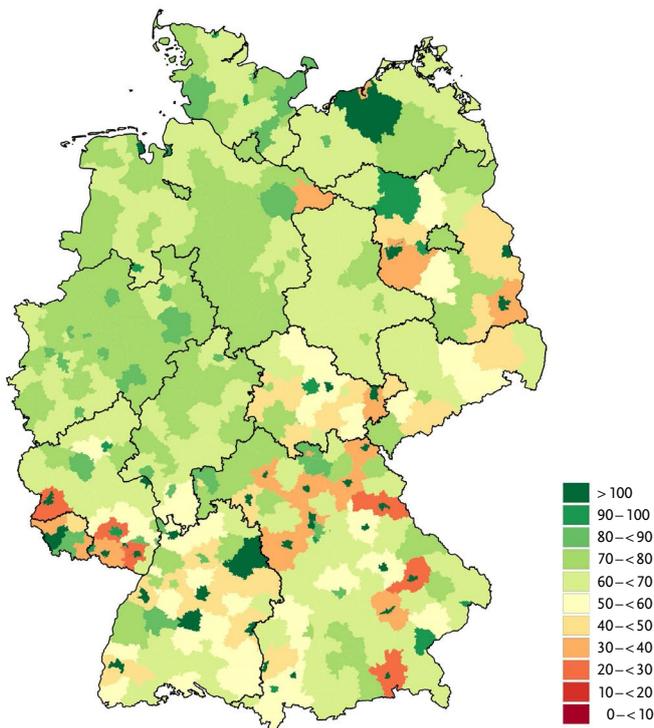
Wohnsitz außerhalb des jeweiligen Bundeslandes durchgeführt (Bremen: 17%, Hamburg: 13%). In Berlin wurden 7% aller Impfungen bei Personen mit Wohnsitz außerhalb Berlins durchgeführt; bei weiteren 6% aller Impfungen war keine Zuordnung basierend auf der Wohnort-PLZ möglich.

Nach regionaler Zuordnung der Impfungen über den Wohnort der Geimpften lagen insbesondere in den Stadtstaaten Berlin, Bremen und Hamburg die Anteile Geimpfter deutlich niedriger als nach Zuordnung über den Ort der Impfstelle (s. Abb.1). Spitzenreiter war das Land Bremen, das fast 11 Prozentpunkte beim Anteil mindestens einmal Geimpfter und knapp 10 Prozentpunkte beim Anteil der Grundimmunisierten einbüßte. Im Gegensatz dazu wiesen die umliegenden bzw. an die Stadtstaaten angrenzenden Flächenländer (Brandenburg, Niedersachsen, Schleswig-Holstein) nach Wohnort-Zuordnung eine etwas höhere Impfanspruchnahme als nach Impfstellen-Zuordnung auf (+2,5 bis +3,5 Prozentpunkte). So ergaben sich auch Veränderungen in der Rangfolge der Bundesländer: Während Bremen nach Impfstellen-Zuordnung mit großem Abstand Spitzenreiter bei der Inanspruchnahme von Erst- und Zweitimpfungen war, wies nach Zuordnung über die Wohnort-PLZ das Land Schleswig-Holstein für beide Impfserien die höchste Inanspruchnahme auf, allerdings dicht gefolgt von zahlreichen weiteren Bundesländern (z. B. Nie-

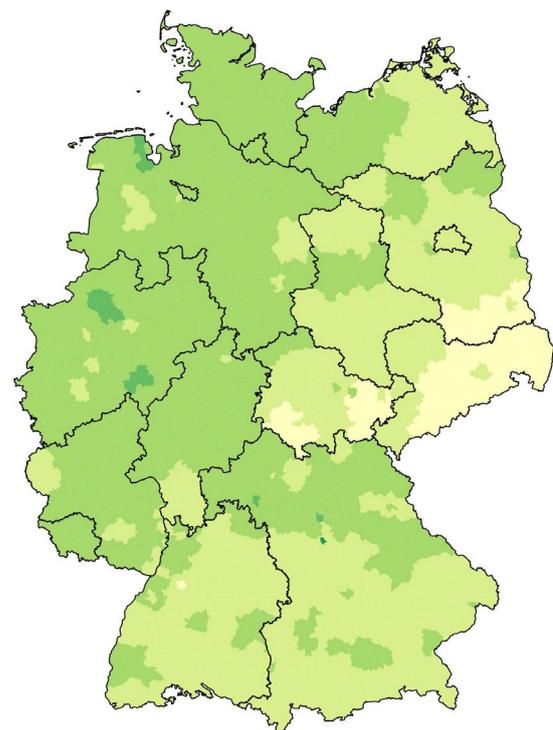
dersachsen, Saarland, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz). Die mit Abstand niedrigsten Anteile Geimpfter wurden auch nach Wohnort-Zuordnung in Sachsen beobachtet. Insgesamt reduzierte sich die Spannweite der Inanspruchnahme auf Bundeslandebene nach regionaler Zuordnung über die Wohnort-PLZ im Vergleich zur Impfstellen-Zuordnung: Lag die Spannweite zuvor bei rund 25 Prozentpunkten für den Anteil mindestens einmal Geimpfter, betrug sie nach Wohnort-Zuordnung noch 17 Prozentpunkte. Bei der abgeschlossenen GI reduzierte sich die Spannweite von 21 auf 16 Prozentpunkte.

### 3.1 Anteil Geimpfter auf Ebene der Stadt- und Landkreise

Nach regionaler Zuordnung der Impfungen über den Wohnort der Geimpften zeigte sich auch auf Stadt- und Landkreisebene eine homogenere Verteilung der Inanspruchnahme (s. Abb. 2B) als bei Verwendung des Ortes der Impfstelle für die regionale Zuordnung (s. Abb. 2A). Bei regionaler Zuordnung basierend auf dem Ort der Impfstelle ergab sich in 35 Kreisen ein Anteil Grundimmunisierter von >100% (Spitzenreiter: Ulm mit 221%, gefolgt von Ansbach mit 220%), andererseits wiesen 23 Kreise einen im bundesweiten Vergleich weit unterdurchschnittlichen Anteil Grundimmunisierter von <40% auf (s. Abb. 2A). Die Spannweite betrug 195 Prozentpunkte.



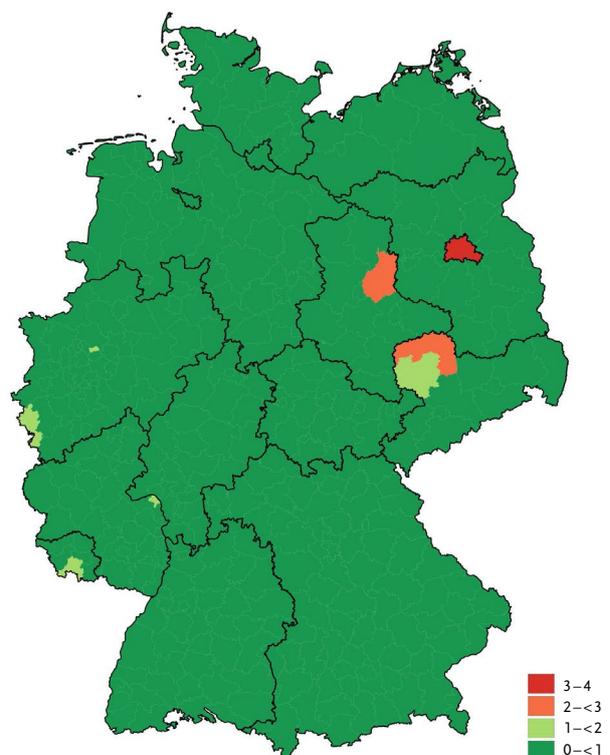
**Abb. 2A** | Anteil gegen COVID-19 Grundimmunisierter (in %) auf Ebene der Stadt- und Landkreise per 31.12.2021 nach Ort der Impfstelle.



**Abb. 2B** | Anteil gegen COVID-19 Grundimmunisierter (in %) auf Ebene der Stadt- und Landkreise per 31.12.2021 nach Wohnort der Geimpften.

Nach regionaler Zuordnung über den Wohnort der Geimpften variierte der Anteil der Grundimmunisierten noch um bis zu 41 Prozentpunkte (s. Abb. 2B). Den niedrigsten Anteil Grundimmunisierter wies der Erzgebirgskreis (Sachsen) mit 50 % auf, gefolgt von der Sächsischen Schweiz (Sachsen) mit 52 % sowie weiteren Kreisen Sachsens und Thüringens. Der höchste Anteil Grundimmunisierter ergab sich für den Landkreis Schwabach (Bayern) mit 91%, gefolgt von Coesfeld (Nordrhein-Westfalen), Würzburg (Bayern), Friesland (Niedersachsen) und Erlangen (Bayern) mit jeweils 81%.

In nahezu allen Kreisen ( $n=392$ ) lag der bevölkerungsbezogene Anteil Grundimmunisierter, bei denen auf Basis der vorliegenden Wohnort-PLZ keine Zuordnung zu einem Stadt- bzw. Landkreis erfolgen konnte, bei <1% (s. Abb. 2C). In Berlin war dieser Anteil mit Abstand am größten: Unter der Annahme, dass alle in Berlin durchgeführten, aber nicht nach Wohnort-PLZ zuordenbaren Zweitimpfungen bei in Berlin Wohnenden durchgeführt wurden, ergäbe sich ein Anteil Grundimmunisierter von 3,8%. In diesem Fall wäre dieser Wert dem Anteil der GI



**Abb. 2C** | Anteil gegen COVID-19 Grundimmunisierter (in %), für die keine regionale Zuordnung nach Wohnort-PLZ möglich ist, bezogen auf die Bevölkerung des Stadt- bzw. Landkreises der Impfstelle.

in [Abbildung 2B](#) hinzuzurechnen. In acht weiteren Kreisen betrug dieser Anteil zwischen 2,2 % und 1,2 %: Nordsachsen 2,2 % (Sachsen), Jerichower Land 2,0 % (Sachsen-Anhalt), Stadtkreis Leipzig 1,9 % (Sachsen), Herne 1,6 % und Aachen 1,3 % (Nordrhein-Westfalen), Landkreis Leipzig 1,3 % (Sachsen), Saarbrücken 1,3 % (Saarland) sowie Mainz 1,2 % (Rheinland-Pfalz).

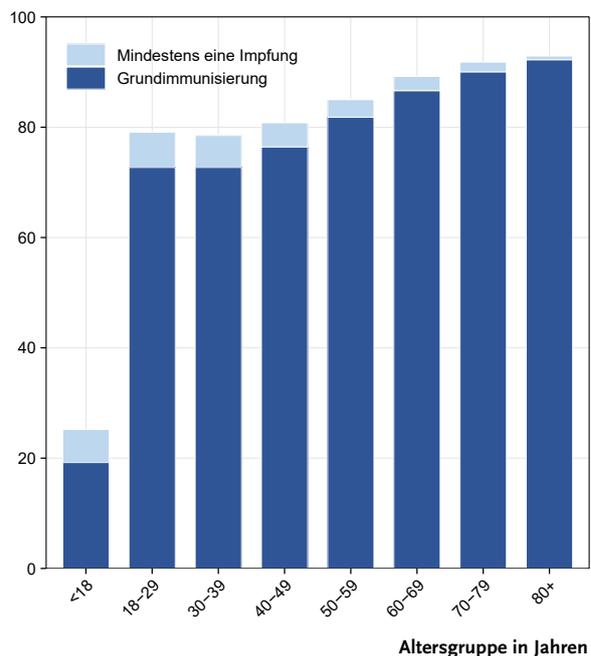
### 3.2 Anteil Geimpfter nach Alter und Geschlecht

Der Anteil mindestens einmal Geimpfter und Grundimmunisierter stieg über die 10-Jahres-Altersgruppen nahezu kontinuierlich an (s. [Abb. 3](#)). Lediglich bei den 18- bis 29-Jährigen lag der Anteil mindestens einmal Geimpfter etwas höher als der entsprechende Anteil bei den 30- bis 39-Jährigen. Mit steigendem Alter sank der Anteil jener, die nur einmal geimpft waren und die GI noch nicht abgeschlossen hatten.

Der Anteil Grundimmunisierter nach Altersgruppe und Bundesland bei regionaler Zuordnung der Impfungen über den Wohnort der Geimpften ist in [Abbildung 4](#) dargestellt. In allen Bundesländern zeigte sich ein ähnlicher Verlauf der Anteile Grundimmunisierter über die Altersgruppen mit Ausnahme der beiden niedrigsten Altersgruppen der Erwachsenen: In den fünf östlichen Bundesländern sowie in Baden-Württemberg wiesen die 18- bis 29-Jährigen einen höheren Anteil Grundimmunisierter auf als die 30- bis 39-Jährigen, während es sich in den übrigen Bundesländern andersherum verhielt. In Berlin lag der Anteil Grundimmunisierter bei den 80+-Jährigen bei >100 %.

Die Abfolge der zu impfenden Bevölkerungsgruppen wurde per Rechtsverordnung des Bundesgesundheitsministeriums festgelegt und basierte im Wesentlichen auf den Impfpfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO). Die Dynamik des Impfgeschehens in den Altersgruppen spiegelt diese Priorisierung während der ersten Monate der Impfkampagne wider (s. [Abb. 5](#)). Bis etwa Kalenderwoche (KW) 11/2021 fand das Impfgeschehen vorwiegend in der hochpriorisierten Altersgruppe 80+ Jahre statt und über die Hälfte der ab 80-Jährigen war bis zu diesem Zeitpunkt bereits mindestens einmal geimpft. In allen anderen Altersgruppen lag der Anteil mindestens einmal Geimpfter bis zu die-

Anteil Geimpfter in %

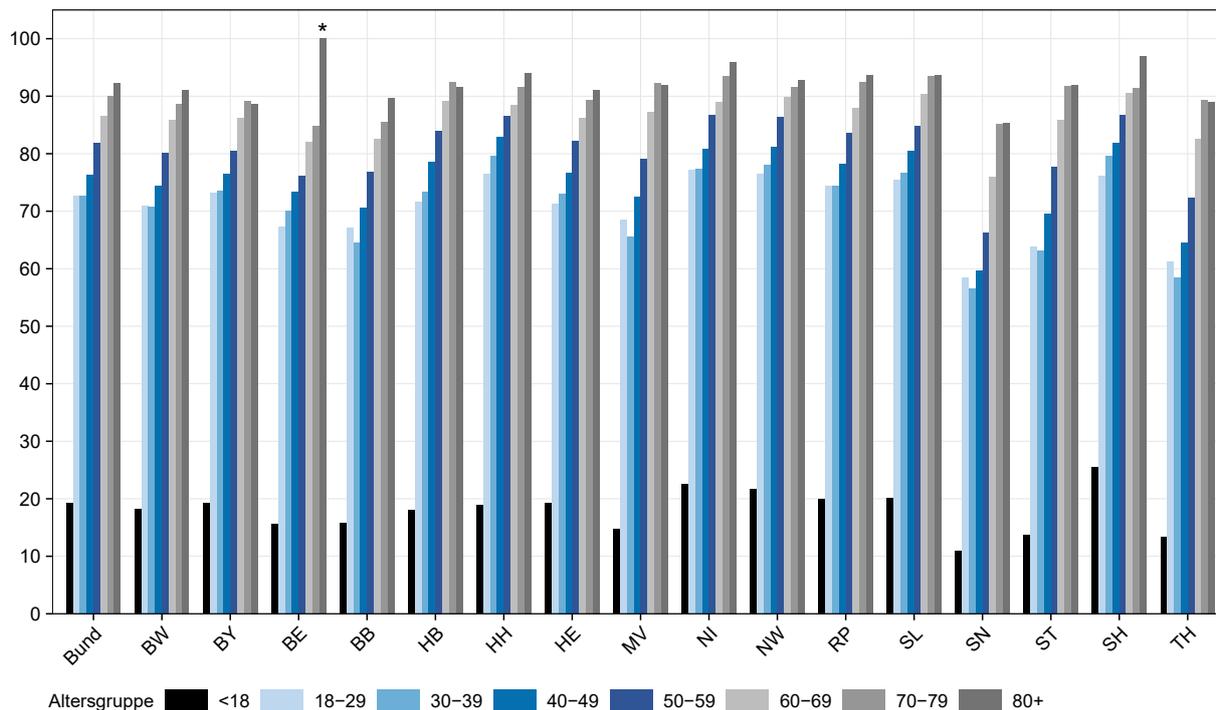


**Abb. 3** | Anteil gegen COVID-19 Geimpfter bundesweit per 31.12.2021 nach Altersgruppe

sem Zeitpunkt bei <10 %. In den Folgewochen zeigte sich ein steiler Anstieg der Inanspruchnahme zunächst in der nächstjüngeren Altersgruppe (70- bis 79 Jahre) und in den Folgewochen auch in der Altersgruppe der 60- bis 69-Jährigen. Auch die Anteile Geimpfter in den Erwachsenenaltersgruppen unter 60 Jahre stiegen merklich an – dem Alter invers folgend jeweils versetzt um etwa eine Woche – ab KW 13/2021 (mindestens einmal geimpft) bzw. ab KW 15/2021 (GI), wenngleich der Anstieg nicht so steil war wie bei den höheren Altersgruppen. Ab etwa KW 27/2021 verlief der Kurvenanstieg in allen Erwachsenenaltersgruppen deutlich flacher bzw. war in den beiden höchsten Altersgruppen ein Plateau der Impfinanspruchnahme erreicht. Bei unter 18-Jährigen war ab KW 23/2021 (mindestens einmal geimpft) bzw. KW 26/2021 (GI) ein stetiger leichter Anstieg bis zum Ende des Jahres zu beobachten. Insgesamt zeigten die altersspezifischen Anteile der Grundimmunisierten bei einem Zeitversatz von etwa drei bis sechs Wochen einen ähnlichen Verlauf wie die Anteile mindestens einmal Geimpfter.

Frauen wiesen bundesweit sowie in fast allen Bundesländern einen höheren Anteil mindestens einmal Geimpfter als auch Grundimmunisierter auf

Anteil Geimpfter in %



**Abb. 4** | Anteil gegen COVID-19 Grundimmunisierter per 31.12.2021 nach Bundesland und Altersgruppe (regionale Zuordnung basierend auf der Wohnort-PLZ der Geimpften)

\* Der Anteil Grundimmunisierter in der Altersgruppe 80+ Jahre beträgt in Berlin rechnerisch 108%. Der Hintergrund zum Anteil Grundimmunisierter von >100% ist unklar. Mehrfachmeldungen und Dokumentationsfehler, die gerade zu Beginn der Impfkampagne aufgetreten sein könnten, hätten die stärksten Auswirkungen bei der in diesem Zeitraum vornehmlich geimpften Altersgruppe (80+ Jahre) gehabt.

BW: Baden-Württemberg; BY: Bayern; BE: Berlin; BB: Brandenburg; HB: Bremen; HH: Hamburg; HE: Hessen; MV: Mecklenburg-Vorpommern; NI: Niedersachsen; NW: Nordrhein-Westfalen; RP: Rheinland-Pfalz; SL: Saarland; SN: Sachsen; ST: Sachsen-Anhalt; SH: Schleswig-Holstein; TH: Thüringen

als Männer. Lediglich in Berlin war für die Erstimpfung kein Unterschied zwischen den Geschlechtern zu beobachten. Bundesweit lag der Anteil mindestens einmal Geimpfter bei Frauen 1,2 Prozentpunkte (GI 2,3 Prozentpunkte) höher als bei Männern. Mit Ausnahme von Bremen waren die größten Geschlechterdifferenzen in den östlichen Bundesländern zu finden und hier sowohl für die Erst- als auch die Zweitimpfung der GI. Der größte Unterschied im Anteil Grundimmunisierter zwischen Frauen und Männern war in Bremen und Thüringen zu beobachten (beide 3,8 Prozentpunkte), gefolgt von Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen-Anhalt (beide 3,6 Prozentpunkte). Am niedrigsten war der Geschlechterunterschied in Berlin (1,1 Prozentpunkte), gefolgt von Bayern (1,2 Prozentpunkte) und Niedersachsen (1,4 Prozentpunkte).

#### 4. Diskussion

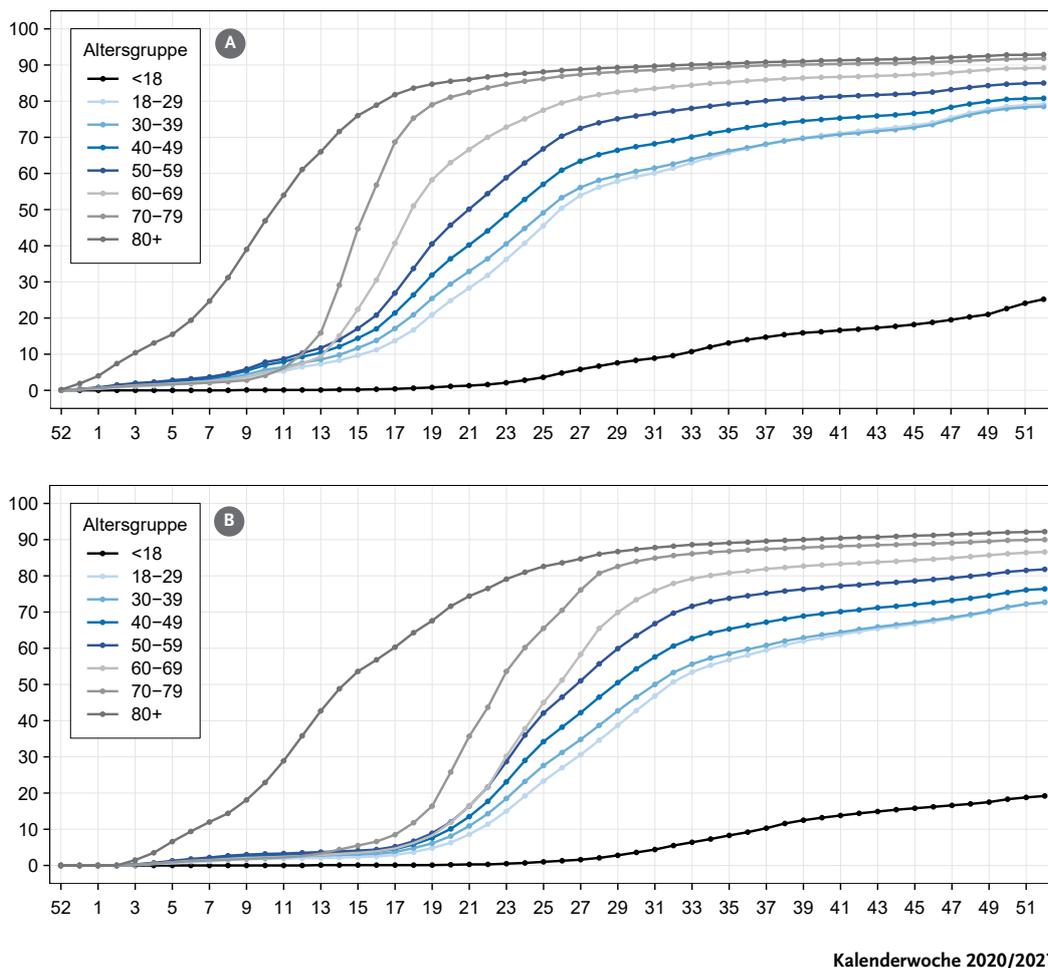
Durch den Austausch der hochaggregierten KBV-Daten durch die detaillierteren KV-Daten wird das Impfgeschehen in höherer Vollständigkeit abgebildet. Basierend auf Daten aus der DIM-Webanwendung sowie den KV-Abrechnungsdaten stellt die vorliegende Untersuchung erstmals die regionale Impfinanspruchnahme basierend auf dem Wohnort der Geimpften dar und schlüsselt den Anteil Geimpfter in einer feineren Altersgliederung als bisher publiziert sowie nach Geschlecht auf. Im tagesaktuellen COVID-19-Impfquotenmonitoring hingegen kann die regionale Zuordnung der Impfungen weiterhin nur anhand des Ortes der impfenden Stelle erfolgen. Eine feingliedrige Altersstaffelung und geschlechterspezifische Gesamtauswertungen sind nicht möglich.

Insgesamt zeigt sich bei regionaler Zuordnung nach dem Wohnort der Geimpften eine deutlich homogenere Verteilung der Impfanspruchnahme – sowohl im Vergleich der Bundesländer als auch über die Stadt- und Landkreise – als bei Zuordnung nach dem Impfort. Rund 1% der aus allen Meldesträngen übermittelten Erst- bzw. Zweitimpfungen konnte entweder aufgrund nicht erhobener Angaben zum Wohnort der Geimpften (Daten aus dem PVS-Meldeportal) oder aufgrund einer nicht zuordenbaren Wohnort-PLZ (insbesondere Daten der DIM-Webanwendung, weniger aus den KV-Abrechnungsdaten) in der vorliegenden Auswertung nicht berücksichtigt werden. Der Ausschluss der nicht nach Wohnort-PLZ zuordenbaren Impfungen geht bundesweit mit einer geringfügigen Unterschät-

zung der Impfanspruchnahme von <1 Prozentpunkt einher. Das Ausmaß dieser Unterschätzung kann allerdings – in Abhängigkeit von der Anzahl durchgeführter Impfungen in Privatpraxen und der Anzahl nicht über die Wohnort-PLZ zuordenbarer Impfungen – auf kleinräumiger Ebene variieren.

Erstmals wurde auch die Inanspruchnahme der COVID-19-Impfung in 10-Jahres-Altersgruppen analysiert. Die Daten zeigen, dass die anfängliche Alterspriorisierung auch den weiteren Verlauf der Inanspruchnahme geprägt hat: Die Altersgruppen erreichten zeitversetzt (die älteren Altersgruppen zuerst) jeweils ein Plateau der Inanspruchnahme. Die Höhe der erreichten Inanspruchnahme unterschied sich ebenfalls: Die Anteile Geimpfter lagen

#### Anteil Geimpfter in %



**Abb. 5** | Anteil gegen COVID-19 Geimpfter bundesweit per 31.12.2021 nach Altersgruppe im Zeitverlauf für mindestens eine Impfung (A) und Grundimmunisierung (GI) (B)

in den höheren Altersgruppen auch zum Ende des Beobachtungszeitraumes noch immer über denen der jüngeren Altersgruppen.

Mit den derzeit verfügbaren Datenbeständen kann die Impfanspruchnahme basierend auf dem Wohnort der Geimpften sowie nach feinerer Altersstaffelung und Geschlecht nur rückwirkend berechnet werden. Aufgrund des benötigten Zeitraums für das Abrechnungsgeschehen und des Datenflusses zwischen impfenden Praxen und KVen beträgt der Zeitverzug hier mindestens vier Monate. Es kommt der Zeitbedarf bei den KVen für die Datenextraktion und die Übermittlung an das RKI sowie für die Datenaufbereitung und -auswertung beim RKI hinzu. Damit kann eine solche Auswertung niemals das aktuelle Impfgeschehen abbilden und die Analysen mit retrospektiven Daten sind für das zeitnahe

Impfquotenmonitoring im Pandemiefall ungeeignet. Zudem liegen auch für retrospektive Auswertungen der regionalen Impfanspruchnahme nicht alle Daten in entsprechender Zuordnung vor. Zur Identifikation lokaler Impflücken und für die effektive Steuerung der Impfkampagne auf lokaler Ebene sind jedoch möglichst aktuelle Impfdaten auf kleinräumiger (Wohnsitz-)Ebene essenziell. Da nur ein einheitlicher, hochaufgelöster Datenkörper die aktuelle Bewertung des Impffortschritts auf kleinräumiger Ebene sowie in spezifischen Bevölkerungsgruppen erlaubt und die benötigten Daten zur Bewertung der Impfstoffsicherheit (genaue Alters- und Geschlechtsangabe) bereithält, ist es mit Blick auf zukünftige Pandemien unabdingbar, dass von allen geimpften Personen kontinuierlich und zeitnah detaillierte Basisdaten erhoben werden und für zentralisierte Analysen zur Verfügung stehen.

---

## Literatur

- 1 Bundesministerium für Gesundheit. Verordnung zum Anspruch auf Schutzimpfung gegen das Coronavirus SARS-CoV-2 (01.04.2021) [https://www.bundesgesundheitsministerium.de/fileadmin/Dateien/3\\_Downloads/C/Coronavirus/Verordnungen/CoronaImpfV\\_mit\\_Begruendung\\_010421\\_bf.pdf](https://www.bundesgesundheitsministerium.de/fileadmin/Dateien/3_Downloads/C/Coronavirus/Verordnungen/CoronaImpfV_mit_Begruendung_010421_bf.pdf).
- 2 Robert Koch-Institut. COVID-19-Impfungen in Deutschland. Berlin: Zenodo. DOI:10.5281/zenodo.5126652; 2021.
- 3 Kassenärztliche Bundesvereinigung. COVID-19-Impfung: Übersicht zur Abrechnung (Stand 01.03.2022). <https://www.kbv.de/html/50987.php> (accessed 22.06.2022).
- 4 Statistisches Bundesamt (Destatis). Tabelle 12411: Förschreibung des Bevölkerungsstandes. 2021.

---

## Autorinnen und Autoren

<sup>a)</sup> Dr. Annika Steffen | <sup>a)</sup> Dr. Thorsten Rieck |

<sup>b)</sup> Constantin Fischer | <sup>a)</sup> Dr. Anette Siedler

<sup>a)</sup> Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie, FG 33 Impfprävention

<sup>b)</sup> Robert Koch-Institut, Abt. MFI (Methodenentwicklung, Forschungsinfrastruktur und Informationstechnologie), FG IT 4 (Development)

**Korrespondenz:** [SteffenA@rki.de](mailto:SteffenA@rki.de)

---

## Vorgeschlagene Zitierweise

Steffen A, Rieck T, Fischer C, Siedler A: Inanspruchnahme der COVID-19-Impfung – Eine Sonderauswertung mit Daten bis Dezember 2021

Epid Bull 2022;27:3-12 | DOI 10.25646/10227

---

## Interessenkonflikt

Alle Autorinnen und Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

---

## Danksagung

Wir danken allen impfenden Stellen für die Übermittlung der Impfdaten. Wir danken allen KVen für die zusätzliche Bereitstellung der höher aufgelösten aggregierten Abrechnungsdaten zur COVID-19-Impfung, ohne die die Auswertungen des vorliegenden Berichts zu diesem Zeitpunkt nicht möglich gewesen wären. Dank gilt allen Kolleginnen und Kollegen des DIM-Teams für die Unterstützung beim Aufbau und Betrieb des COVID-19-Impfquotenmonitorings.

# Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit

## Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016–2020

### Teil 1 (Studienmethodik)

Der Bericht über die „Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016–2020“ erfolgt in zwei Teilen: In dieser Ausgabe wird zunächst die Einführung, das Ziel und die Methodik der LeTriWa-Studie vorgestellt. In Ausgabe 28/2022 (Erscheinungsdatum: 14.07.2022) folgen dann die Ergebnisse und Diskussion. Der detaillierte Studienverlauf, Falldefinitionen und Labormethoden sowie vorläufige Ergebnisse wurden 2020 im Journal PloS One veröffentlicht.<sup>1</sup>

#### Zusammenfassung

Bei den meisten Fällen mit ambulant erworbener Legionärskrankheit (AE-LK) gelingt es auch in internationalen Studien nicht, die verantwortliche Infektionsquelle nachzuweisen. Ein Ziel der Berliner LeTriWa-Studie („Legionellen in der Trinkwasser-Installation“) war es, herauszufinden, bei wie vielen Fällen evidenzbasiert eine Infektionsquelle identifiziert werden kann. Wir rekrutierten Fälle mit AE-LK und jeweils zwei Kontrollpersonen. Von Fallpersonen wurden Urin- und tiefe Atemwegsproben an das Konsiliarlabor (KL) für Legionellen zur Typisierung geschickt. Fälle und Kontrollpersonen wurden per Fragebogen u. a. zu Expositionen befragt und Wasserproben wurden aus dem Haushalt genommen. Bei den Fällen wurden zudem ggf. häusliche Nicht-Trinkwasserquellen (hNTW-Quellen) und externe, außerhäusliche Infektionsquellen beprobt. Alle Umweltproben wurden im Labor des Umweltbundesamtes (UBA) auf Legionellen untersucht. Die Isolate wurden ebenfalls im KL typisiert und – soweit verfügbar – mit dem bei der Fallperson identifizierten Stamm abgeglichen. Für die Zuordnung einer Infektionsquelle wurde eine Evidenz-Matrix entwickelt, mit der die Studienteilnehmenden anhand von drei Evidenztypen (mikrobiologische, Cluster- und analytisch-vergleichende Evidenz) entweder einer externen, außerhäuslichen Infektionsquelle, einer hNTW-Quelle oder häuslichem Trinkwasser (hTW) zugeordnet werden konnten.

#### Einführung

Die Legionärskrankheit ist eine nach Infektionsschutzgesetz (IfSG) meldepflichtige Pneumonie, die durch eine (laborbestätigte) Legionelleninfektion verursacht wird. Legionellen sind wasserbürtige Bakterien und kommen typischerweise in Wassersystemen oder in Biofilmen vor. Als virulenzassoziiert gelten Legionellenstämme mit dem monoklonalen Antikörpertyp 3/1 (MAb 3/1-positiv).<sup>2,3</sup> Eine Infektion erfolgt in der Regel durch das Einatmen erregerhaltiger Aerosole.<sup>4</sup> Übertragungen konnten schon mit einer Vielzahl von Infektionsquellen assoziiert werden, wie z. B. Aerosole von Verdunstungskühlanlagen,<sup>5,6</sup> Whirlpools<sup>7,8</sup> und von häuslichen sanitären Anlagen (z. B. Dusche).<sup>9</sup> Auch eine unzureichend hygienische Handhabung von hTW zur Befüllung von Luftbefeuchtern oder CPAP-Geräten für Personen mit Schlafapnoe können zu Fällen von Legionärskrankheit führen.<sup>10–12</sup> Die Letalität der Legionärskrankheit liegt bei etwa 5%.<sup>13</sup>

Epidemiologisch werden reiseassoziierte und krankenhausassoziierte Fälle von AE-LK unterschieden, wobei mindestens 70% aller Meldetfälle auf AE-LK entfallen.<sup>14</sup> Dabei ist die Epidemiologie von AE-LK, die nicht Teil eines größeren Ausbruchs sind, nur unzureichend erforscht. In bisherigen Studien gelang der Nachweis von Infektionsquellen nur in etwa 5–10% der Fälle.<sup>15–17</sup> Dies ist zum Teil darauf zurückzuführen, dass ein Fall von Legionärskrankheit üblicherweise nur dann einer Infektionsquelle zugeordnet wird, wenn eine genotypische, auf identischen Sequenztypen basierende Übereinstimmung gefunden wurde. Oft ist es aber schwierig, zusätzlich zu den Wasserproben aller potenziellen Infektionsquellen auch tiefe Atemwegsproben der erkrankten Person zu gewinnen. Während größere Ausbrüche oftmals mit Verdunstungskühlanlagen in Verbindung gebracht werden, treten die meisten Erkrankungsfälle nur sporadisch auf. Laut einer

Übersichtsarbeit tragen vor allem hTW, aber auch Wassersysteme in großen Gebäuden und das Fahren mit dem Auto zu einem beträchtlichen Teil der sporadischen Fälle bei. Es wurde allerdings eingeräumt, dass die Quellen nicht eindeutig identifiziert werden konnten.<sup>18</sup>

Obwohl Fälle von AE-LK im Prinzip vermeidbar sind, fehlt bisher Evidenz, inwiefern die verschiedenen Wasserquellen zu einem relevanten Infektionsrisiko werden können. Vor allem bei hTW wird davon ausgegangen, dass dieses eine wichtige Rolle für AE-LK spielt. Die Erkenntnisse zu den beitragenden Infektionsquellen bilden letztlich die Basis, um geeignete Vorgaben zur Vermeidung der Entstehung von Infektionsquellen zu formulieren und damit eine wirksame Prävention zu fördern. Daher sollte in einem Teilprojekt der Berliner LeTriWa-Studie herausgefunden werden, bei wie vielen Fällen von AE-LK eine evidenzbasierte Infektionsquelle identifiziert werden kann.

## Methoden

### 1. Eckdaten der Studie

Die Berliner LeTriWa-Studie (registriert unter der Kennung DRKS00009831) war ein gemeinsames Projekt des Robert Koch-Instituts (RKI), des UBA und des KL für Legionellen und wurde in enger Kooperation mit dem Berliner Landesamt für Gesundheit und Soziales (LAGeSo), den 12 Berliner Gesundheitsämtern und insgesamt 15 Berliner Krankenhäusern (davon 13 im Rahmen der Fallidentifikation und Infektionsquellensuche und 14 im Rahmen der Kontrollrekrutierung) durchgeführt.

Ein Treffen mit nationalen und internationalen Expertinnen und Experten im Vorfeld der Studie diente zur Diskussion und Verfeinerung des Studienkonzepts. Der Ethikantrag (Antragsnummer EA1/303/15) wurde von der Ethikkommission der Charité Universitätsmedizin Berlin bewilligt und das Datenschutzkonzept mit dem Datenschutzbeauftragten des RKI besprochen und der Bundesbeauftragten für den Datenschutz und die Informationsfreiheit vorgelegt.

Wir berichten über die Auswertungen zu Fällen, die dem RKI zwischen dem 01.12.2016 und 31.08.2020 übermittelt wurden bzw. der innerhalb dieses Zeitraumes rekrutierten Kontrollpersonen.

## 2. Definitionen und verwendete Begriffe

### 2.1 Infektionsperiode und Falldefinition

**Infektionsperiode:** Zur Erhöhung der Sensitivität verwendeten wir für die Periode, in der sich der Fall mit Legionellen wahrscheinlich infizierte, einen Zeitraum von 14 Tagen vor Erkrankungsbeginn<sup>19</sup> (in der Surveillance wird normalerweise eine Periode von 2–10 Tagen verwendet<sup>20</sup>).

Ein **LeTriWa-Fall** ist definiert als ein Meldefall von Legionärskrankheit, der die Referenzdefinition des RKI<sup>20</sup> erfüllt und die folgenden weiteren Eigenschaften hat:

- ▶ Meldung zwischen 01.12.2016 und 31.08.2020
- ▶ Alter 18 Jahre oder älter
- ▶ Klassifizierbarkeit des Falles in eine der Expositions-kategorien „ambulant erworben“ (inkl. pflegeheimassoziiert), krankenhausassoziiert, reiseassoziiert
- ▶ Keine Reiseassoziation\*
- ▶ Keine Krankenhausassoziation
- ▶ Fähigkeit zur adäquaten Kommunikation mit dem Studienpersonal (keine Demenz, ausreichende Deutschkenntnisse)
- ▶ Schriftliche Einwilligung zur Studienteilnahme

Ein **Nicht-LeTriWa-Fall** ist wiederum definiert als ein Meldefall von Legionärskrankheit, der die Referenzdefinition des RKI erfüllt, zwischen dem 01.12.2016 und 31.08.2020 gemeldet und an das RKI übermittelt wurde und nicht in die Studie einwilligte oder sonstige Einschlusskriterien nicht erfüllte.

\* Eine Reiseassoziation lag bei folgender Konstellation vor: (1) mehr als 10 der 14 Tage der Infektionsperiode vor Symptombeginn während einer Reise außerhalb von zu Hause übernachtet, oder (2) Identifikation eines MAb 3/1-positiven Stammes im Wasser der Trinkwasser-Installation (TWI) der Reiseunterkunft (nur kommerzielle Unterkünfte) und keine weitere bekannte Exposition zu einer anderen potenziellen Infektionsquelle, bei der ein Stamm identifiziert wurde, der zu einem gleichen oder höheren Niveau des Erregerabgleichs führte (s. Tab. 2).

## 2.2 Trinkwasserverordnung und Typen von Wasserproben

### Trinkwasserverordnung

Die Trinkwasserverordnung (TrinkwV)<sup>21</sup> regelt die Qualität von Wasser für den menschlichen Gebrauch und fokussiert sich auf die Untersuchung von Großanlagen\*\* zur Trinkwassererwärmung auf Legionellen. Wird dabei der sogenannte technische Maßnahmenwert von 100 koloniebildenden Einheiten (KBE)/100 ml überschritten, ist mit Hilfe einer ausführlichen Begutachtung (Gefährdungsanalyse) und ggf. Sanierung der Trinkwasser-Installation (TWI) die Legionellenkonzentration auf ein Niveau unterhalb des technischen Maßnahmenwertes zu reduzieren.

### Typen von Wasserproben

In der DIN EN ISO 19458 sind Probennahmetypen aus TWI definiert. Bei einer Probennahme nach Zweck c wird das Trinkwasser sofort nach Öffnen des Wasserhahnes abgenommen.<sup>22</sup> Bei einer Zweck b-Probe wird vorwiegend das Wasser des Leitungsstrangs aus einer desinfizierten Entnahmestelle und erst nach Ablauflassen von 1 Liter abgenommen. In den Fall- bzw. Kontrollhaushalten nahmen wir zusätzlich Biofilmproben (Abstriche), z. B. von der Öffnung des Wasserhahns, der Innenseite des Perlatoren oder den Innenseiten des Duschschlauchs bzw. vom Duschkopf.

## 2.3 Typen von Infektionsquellen

Wir kategorisierten potenzielle Infektionsquellen in die folgenden drei Typen. Besonderes Augenmerk lag dabei auf hTW, da hier eine wichtige Rolle für AE-LK angenommen wird.

### 1. Häusliches Trinkwasser

HTW wird von der lokalen Wasserversorgung zur Verfügung gestellt und kann in der häuslichen Umgebung abgenommen werden. In Wohnungen von Fällen und Kontrollen wurden fünf sogenannte **Standard-Haushaltsproben** im Badezimmer ent-

nommen: vom Waschbecken eine Zweck c-Probe, ein Abstrich und eine Zweck b-Probe sowie von der Dusche eine Zweck c-Probe und ein Abstrich (in der angegebenen Reihenfolge). Bei mehreren in Frage kommenden benutzten Bädern im Haus oder zwei bewohnten Wohnungen wurden diese Standard-Haushaltsproben aus dem am häufigsten benutzten Bad genommen. Nur bei Fallpersonen wurden ggf. darüber hinaus die sogenannten **zusätzlichen Haushaltsproben** zur Infektionsquellensuche genommen, wie z. B. ein zweites Waschbecken, die Spüle in der Küche oder Proben aus Zweitwohnungen.

### 2. Häusliche Nicht-Trinkwasserquelle

Eine hNTW-Quelle bezeichnet eine Quelle im häuslichen Bereich, bei der die Wasser- oder Biofilmprobe nicht direkt aus einer Zapfstelle mit Trinkwasser entnommen wurde, sondern z. B. aus einem Gefäß, welches über längere Zeit gestanden hat (z. B. Wasserbehälter einer CPAP-Maske, Luftbefeuchter oder Sprühflasche für Pflanzen). Die hNTW-Quellen wurden nur bei Fällen beprobt.

### 3. Externe Quelle

Externe Quellen sind Wasserquellen außerhalb des häuslichen Wohnbereichs eines Falles. Dabei kann es sich sowohl um eine Trinkwasserquelle (z. B. Waschbeckenwasser von der Arbeitsstelle der Fallperson oder Duschwasser in einem Schwimmbad) als auch um eine Nicht-Trinkwasserquelle handeln (z. B. Verdunstungskühlanlagen, Wasser einer Scheibenwischanlage oder gechlortes Badebeckenwasser). Externe Quellen als mögliche Infektionsquellen wurden nur bei Fällen in Form von Wasser- und ggf. Biofilmproben beprobt.

## 3. Labormethoden

### Diagnostik und Typisierung der Patientenproben

Von Patientinnen und Patienten mit diagnostizierter Legionärskrankheit wurde im Krankenhaus eine Urinprobe und Atemwegssekret aus den unteren Atemwegen abgenommen und zur Typisierung an das KL geschickt. Dort wies das KL zunächst Antigen (Lipopolysaccharid) für *Legionella (L.) pneumophila* Serogruppe 1 (Lp1) mittels Urinantigentest nach. Bei negativem Testergebnis wurde der Urin 10-fach konzentriert und 15 Minuten bei 95°C er-

\*\* Großanlagen sind Anlagen mit Speicher- oder zentralen Durchfluss-Trinkwassererwärmern, die einen Inhalt von >400 L und/oder >3 L in mindestens einer Rohrleitung zwischen dem Abgang des Trinkwassererwärmers und Entnahmestelle haben.

hitzt, um die Konzentration des Legionellenantigens zu erhöhen. Bei genügend Antigen wurde mit einem „in-house“ ELISA der MAb-Typ direkt ermittelt, wobei der Fokus auf den virulenzassoziierten MAb 3/1-Subtypen lag.<sup>23</sup> Zu diesen gehören Knoxville, Philadelphia, Benidorm und France/Allentown. Respiratorische Proben wurden mittels Kultur und PCR auf *L. pneumophila* und Lp1 untersucht. Bei Proben mit mittlerem oder hohem DNA-Gehalt wurde eine direkte sequenzbasierte Typisierung durchgeführt. Wenn Legionellen kulturell angezüchtet werden konnten, wurde eine phänotypische und genotypische Sub-Typisierung zur Bestimmung des monoklonalen Subtyps bzw. des Sequenztyps durchgeführt.

#### Typisierung der Umweltproben (Wasser- und Biofilmproben)

Alle Wasserproben wurden im Labor des UBA gemäß DIN EN ISO 11731 auf die Legionellenkonzentration und die Abstriche qualitativ auf die Anwesenheit von Legionellen untersucht. Im KL wurden Lp1-Isolate (maximal 20 Legionellenkolonien pro Beprobungsgang) auf MAb-Typen und -Subtypen untersucht.<sup>24</sup> Ebenfalls wurde von einzelnen Kolonien der Sequenztyp bestimmt.

## 4. Studienablauf

### Infektionsquellensuche

Zunächst kontaktierten die Gesundheitsämter und nach Zustimmung zur Kontaktaufnahme auch das RKI-Studienteam die erkrankten Personen. Nach der schriftlichen Studieneinwilligung erhoben wir mittels standardisiertem Fragebogen u. a. Daten zu Expositionen in den 14 Tagen vor Symptombeginn, bestimmten Vorerkrankungen, Raucherstatus oder Details zur häuslichen Trinkwasserversorgung.<sup>\*\*\*</sup> Außerdem nahmen wir die fünf Standard-Haushaltsproben im Fallhaushalt sowie ggf. zusätzliche Haushaltsproben. Bei Eruiierung weiterer potenzieller Infektionsquellen wurden Proben von hNTW-Quellen und externen Quellen genommen (s. Abb.1 und Abb.2).

Damit das Gesundheitsamt über die Ergebnisse der Haushaltsproben hinaus die Situation einschätzen und ggf. Maßnahmen ergreifen konnte, wurde – soweit möglich – eine Gefährdungsanalyse mit wei-

\*\*\* Eine Version des Fragebogens, die für die Nutzung von Gesundheitsämtern gedacht ist, findet sich auf der Webseite des RKI.<sup>25</sup>

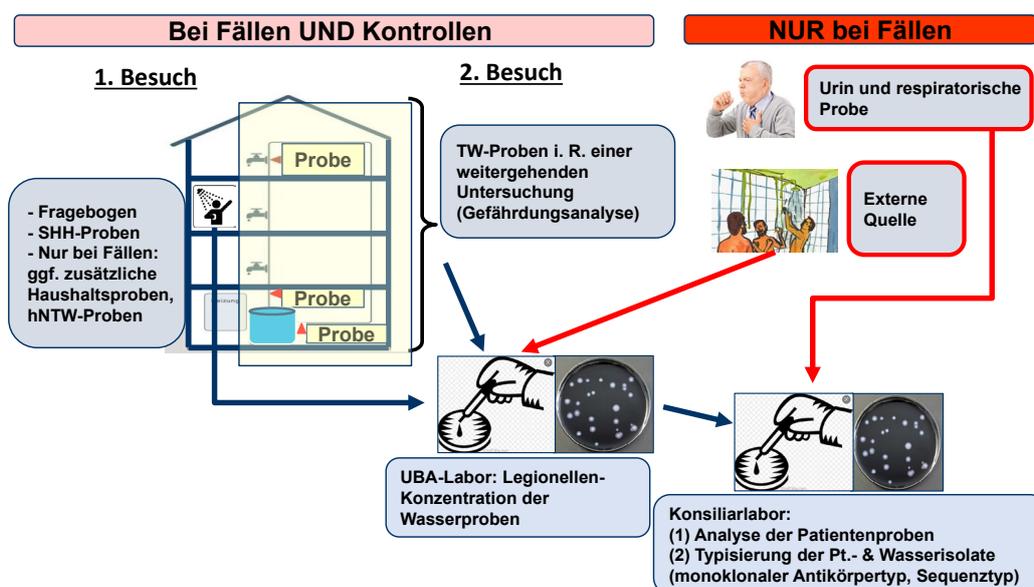


Abb. 1 | Datenerhebung bei Fällen und Kontrollen

TW=Trinkwasser; SHH=Standard-Haushaltsproben; hNTW=häusliches Nicht-Trinkwasser; UBA=Umweltbundesamt; Pt=Patienten/Patientinnen

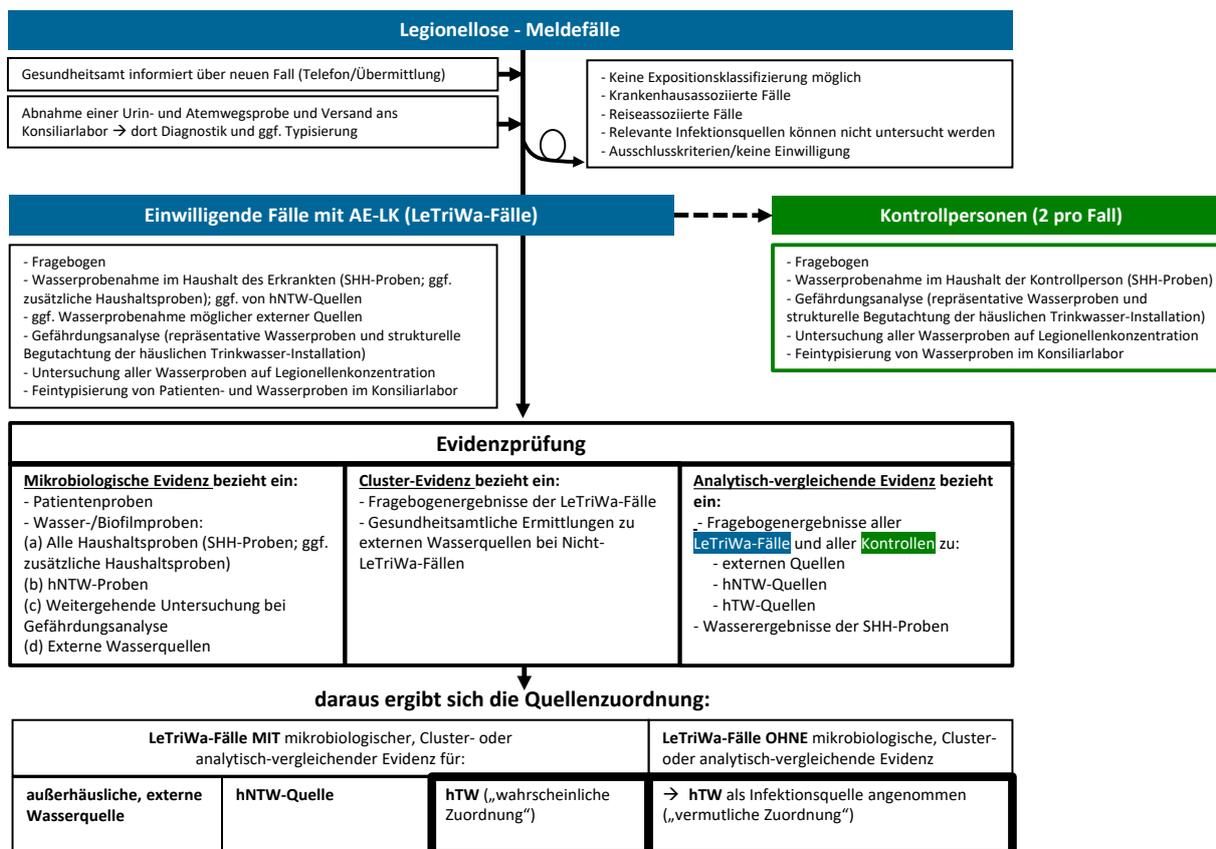


Abb. 2 | Ausführliches Schema der Infektionsquellensuche

Q = Fälle, die die Einschlusskriterien für einen LeTriWa-Fall nicht erfüllen; AE-LK = ambulant erworbene Fälle von Legionärskrankheit; SHH = Standard-Haushaltsproben; hNTW = häusliches Nicht-Trinkwasser; hTW = häusliches Trinkwasser

tergehender Untersuchung der TWI durch Sachverständige durchgeführt.<sup>26</sup>

### Kontrollgruppe

Für jeden LeTriWa-Fall wurden zwei hinsichtlich Altersgruppe (<50, 50–74, >74 Jahre) und Krankenhaus (ggf. selber Wohnbezirk) gepaarte Kontrollpersonen rekrutiert, die aus einem anderen Grund als einer Pneumonie stationär aufgenommen worden waren. Für die Kontrollpersonen wurde der gleiche standardisierte Fragebogen verwendet, es wurden ebenfalls die Standard-Haushaltsproben genommen und es wurde versucht eine Gefährdungsanalyse zu initiieren, darüber hinaus wurden aber keine weiteren Proben genommen (s. Abb.1).

**Bewertung der Ergebnisse anhand von Evidenztypen im Rahmen der Infektionsquellen-Zuordnung**  
Wir entwickelten eine Evidenz-Matrix, um die erhobenen Befunde für die Zuordnung einer Infektions-

quelle nach mikrobiologischen und epidemiologischen Gesichtspunkten bewerten zu können. In der Evidenz-Matrix werden für die verschiedenen Typen von Infektionsquellen (externe Quellen, hNTW-Quellen und hTW-Quellen) die jeweils vorliegenden Evidenztypen (mikrobiologische Evidenz, Cluster-Evidenz oder analytisch-vergleichende Evidenz) dargestellt (s. Tab.1). Die ersten beiden Evidenzarten wurden vollständig auf individueller Basis bewertet, während der analytisch-vergleichende Ansatz statistische Methoden verwendete.

Im Folgenden werden die drei Evidenztypen näher erläutert:

**1. Mikrobiologische Evidenz:** Sie ergibt sich aus dem Vergleich der Patientenbefunde mit den Befunden der potenziellen Infektionsquelle (s. Tab.2). Es war vorher bereits bekannt, dass in Deutschland die Mehrheit der Isolate bei Infektionen beim Men-

Infektionsquelle	Evidenztyp		
	mikro-biologische Evidenz	Cluster-Evidenz	analytisch-vergleichende Evidenz
	individuelle Bewertung		statistische Bewertung
Externe Quelle			
Häusliche Nicht-Trinkwasserquelle			
Häusliche Trinkwasserquelle			

**Tab. 1** | Evaluierete Infektionsquellen und Evidenztypen dargestellt in einer Evidenz-Matrix.

schen MAb 3/1-positiv sind (sogenannte Virulenzassoziation), während dies für die meisten Umweltisolate aus routinemäßig genommenen Wasserproben nicht der Fall ist.<sup>27</sup> Da auch bei LeTriWa der Fallstatus (infiziert vs. nicht infiziert) signifikant mit dem Vorhandensein eines MAb 3/1-positiven Stammes in einer der Standard-Haushaltsproben assoziiert war (s. auch Tabelle 6 in Ausgabe 28/2022), haben wir einem Fall eine potenzielle Infektionsquelle zugeschrieben, wenn ein MAb 3/1-positiver Stamm in einer potenziellen Infektionsquelle gefunden wurde, selbst wenn keine Informationen zum MAb-Typ der erkrankten Person vorlagen (Kategorie 2). Bei einer höheren Übereinstimmung von Patienten- und Umweltstamm (z. B. auf MAb-Typ-Ebene) wurde die potenzielle Infektionsquelle dem Fall ebenfalls zugeordnet (Kategorie 3). Widerspruch der Patientenstamm dem Umweltstamm der potenziellen Infektionsquelle, so wurde diese Quelle dem Fall auf mikrobiologischer Ebene nicht zugeordnet (s. Tab. 2; Kategorie 1b).

**2. Cluster-Evidenz:** Unter Verwendung des Ansatzes von Den Boer et al.<sup>16</sup> definierten wir einen Fall als Teil eines Clusters, wenn die Fallperson eine Exposition zu derselben potenziell infektiösen Quelle innerhalb von zwei Jahren nach Auftreten der Symptome hatte, wie mindestens eine weitere Fallperson. Der andere oder die anderen Cluster-Fälle können dabei auch andere gemeldete und nicht in die Studie eingeschlossene Fälle von Legionärskrankheit (Nicht-LeTriWa-Fälle) sein. Aus formaler Sicht kann es bei bestimmten Fallkonstellationen vorkommen, dass eine gemeinsame Expositionsquelle für einen Cluster-Fall das hTW ist und für den anderen Fall

eine externe Infektionsquelle. Wenn die auslösende Wasserquelle z. B. die TWI eines Wohngebäudes mit dazugehörigem Schwimmbad ist, dann wäre die Infektionsquelle für einen dort wohnenden Fall von Legionärskrankheit das hTW und für einen nicht dort wohnenden Fall (z. B. ein Besucher des Schwimmbads) eine externe Infektionsquelle. Im Folgenden werden diese Konstellationen als „gemischtes“ Cluster bezeichnet.

**3. Analytisch-vergleichende Evidenz:** Sie ergibt sich aus dem statistischen Vergleich der Häufigkeit der Exposition unter den LeTriWa-Fällen zu einer möglichen Infektionsquelle mit der Häufigkeit der Exposition unter den Kontrollpersonen. Zum Beispiel kann ein signifikant höherer Anteil der Fälle im Vergleich zu den Kontrollen gegenüber Abwasser exponiert gewesen sein. Die Art der Exposition wurde größtenteils aus den Fragebögen entnommen, aber

Kategorie	Patientenstamm*	Umweltstamm*	Mikrobiologische Evidenz vorhanden
1a	Lp1 mit/ohne weitere Informationen	keine Probe genommen ODER keine Legionellen nachgewiesen	nein
1b	Lp1 und ggf. MAb-Typ, MAb-Subtyp oder ST bekannt	Spezies, SG, MAb-Typ, MAb-Subtyp oder ST nicht übereinstimmend	nein
1c	Lp1, MAb-Typ nicht bekannt	Lp1, MAb-Typ 3/1-negativ	nein
2	Lp1, MAb-Typ nicht bekannt	Lp1, MAb-Typ 3/1-positiv	ja
3	Lp1, MAb-Typ und ggf. MAb-Subtyp, ST oder WGS bekannt	Übereinstimmung mit Patientenstamm mindestens auf MAb-Typ-Ebene	ja

**Tab. 2** | Mikrobiologische Evidenz. Mögliche Konstellationen der Typisierungsergebnisse von Fall- bzw. Umweltstämmen einer in Frage kommenden Wasserquelle.

SG = Serogruppe; Lp1 = *Legionella pneumophila* Serogruppe 1; MAb-Typ/-Subtyp = monoklonaler Antikörpertyp/-subtyp; ST = Sequenztyp; WGS = Whole genome sequencing (Gesamtgenomsequenzierung); \* Bei Lp1-positiven Patientenproben war es nicht immer möglich, den MAb-Typ zu bestimmen. Wenn die Urinprobe mit dem ELISA nicht reaktiv war, konnte nicht festgestellt werden, ob der verursachende Stamm MAb 3/1-positiv oder MAb 3/1-negativ war, da ein negativer Test entweder auf eine niedrige Antigenkonzentration eines MAb 3/1-positiven Stammes oder auf einen MAb 3/1-negativen Stamm zurückzuführen sein könnte. Hingegen war es bei den Umweltproben immer möglich den MAb-(Sub-)Typ zu bestimmen.

wir verglichen auch die Anteile der LeTriWa-Fälle und Kontrollen mit Expositionen gegenüber z. B. MAb 3/1-positivem Trinkwasser, das aus dem Wasserhahn oder der Dusche im Badezimmer entnommen wurde (Standard-Haushaltsproben). Wenn eine Expositionsvariable als statistisch signifikant identifiziert wurde, berechneten wir den Populations-attributablen Anteil (der Anteil der Fälle, der verhindert werden kann, wenn die Exposition völlig eliminiert werden könnte) nach der Formel:

$$\frac{\text{Odds Ratio} - 1}{\text{Odds Ratio}} \times \text{Anteil der Fälle mit der Exposition}$$

### Zuordnung einer Infektionsquelle zu einem Fall

Wir versuchten, alle relevanten potenziellen Infektionsquellen der LeTriWa-Fälle zu beproben. Sodann wurde den Fällen eine der drei Infektionsquellen (externe Quelle, hNTW-Quelle, hTW-Quelle) entweder auf mikrobiologischer Basis, über eine Cluster-Evidenz oder über die analytisch-vergleichende Evidenz zugeordnet („wahrscheinliche Zuordnung“). Dabei war es sowohl möglich, dass für eine Wasserquelle mehr als ein Evidenztyp zutrifft (z. B. mikrobiologisch und Cluster-Evidenz), als auch, dass bei einem Fall zwei Infektionsquellen in Frage kamen. Hatten mehrere unterschiedliche Typen von Infektionsquellen den gleichen Grad an Übereinstimmung und eine der Infektionsquellen war das hTW, so wurde letzteres zugeordnet. Bei allen anderen Fällen entschieden wir nach Einzelfall (s. Abschnitt „Diskrepante Evidenzbefunde“ in [Ausgabe 28/2022](#)). Bei den LeTriWa-Fällen, bei denen alle relevanten Infektionsquellen beprobt werden konnten, denen jedoch keine externe, hNTW- oder hTW-Quelle auf Evidenzbasis zugeschrieben werden konnte, nahmen wir an, dass das hTW für die Infektion verantwortlich war („vermutliche Zuordnung“ des häuslichen Trinkwassers; s. [Abb. 2](#)).

### Non-Responder-Analyse

Zu den Non-Respondern zählen – im Gegensatz zu den Nicht-LeTriWa-Fällen, zu denen z. B. auch krankenhausassoziierte Fälle gehören – nur Fälle von AE-LK, die an der Studie hätten teilnehmen können, aber eine Studienteilnahme abgelehnt hatten und Fälle, die zwar eingewilligt hatten, bei denen die Infektionsquellensuche aber nicht abgeschlossen werden konnte (z. B. weil eine relevante externe Quelle nicht beprobt werden konnte). In einer Non-Res-

ponder-Analyse wurden das Alter, Geschlecht und der Wohnort (Stadtbezirksebene) der Non-Responder mit den LeTriWa-Fällen verglichen (Studienteilnehmende).

### Datenverarbeitung und statistische Analyse

Die Daten wurden in Microsoft Excel (Microsoft Office Professional Plus 2019, Redmond, WA, USA) verarbeitet und in Microsoft Excel oder Stata, Version 17 (Stata Corporation, College Station, TX, USA) analysiert. Die statistische Analyse war weitgehend deskriptiv, fehlende Daten wurden nicht imputiert. Zur Bewertung der analytisch-vergleichenden Evidenz führten wir bivariate Analysen relevanter Variablen durch und berechneten Odds Ratios mit 95 %-Konfidenzintervallen für den Fallstatus mittels der `cctable`-Funktion in Stata unter Verwendung der Option zur Berechnung exakter p-Werte nach Fisher.

### Qualitätssicherung

Die RKI-Mitarbeitenden, die auch Umweltproben nahmen (Haushaltsproben und ggf. externe Proben), waren für die Abnahme von Wasserproben nach DIN EN ISO 19458<sup>22</sup> zertifiziert und in das Qualitätsmanagementsystem des UBA-Labors eingebunden, welches von der Deutschen Akkreditierungsstelle DAkkS für die Untersuchung von Trinkwasser gemäß TrinkwV (2001) akkreditiert ist.<sup>21</sup> Mit Ausnahme der externen Quellen waren die Mitarbeitenden des UBA-Labors bezüglich des Fall- bzw. Kontrollstatus der eingehenden Proben verblindet. Die Entnahme von Wasserproben externer Quellen sowie die Gefährdungsanalysen wurden von einer vom UBA beauftragten akkreditierten Hygieneinspektionsstelle durchgeführt. Deren Mitarbeitende waren ebenfalls in das Qualitätsmanagementsystem des UBA-Labors eingebunden und verblindet.

## Literatur

- 1 Buchholz U, Jahn HJ, Brodhun B, Lehfeld AS, Lewandowsky MM, Reber F, et al. Source attribution of community-acquired cases of Legionnaires' disease-results from the German LeTriWa study; Berlin, 2016-2019. *PLoS One*. 2020;15(11):e0241724.
- 2 Stout JE, Joly J, Para M, Plouffe J, Ciesielski C, Blaser MJ, et al. Comparison of molecular methods for subtyping patients and epidemiologically linked environmental isolates of *Legionella pneumophila*. *J Infect Dis*. 1988;157(3):486-95.
- 3 Ditommaso S, Giacomuzzi M, Rivera SR, Raso R, Ferrero P, Zotti CM. Virulence of *Legionella pneumophila* strains isolated from hospital water system and healthcare-associated Legionnaires' disease in Northern Italy between 2004 and 2009. *BMC infectious diseases*. 2014;14:483.
- 4 Prussin AJ, 2nd, Schwake DO, Marr LC. Ten Questions Concerning the Aerosolization and Transmission of *Legionella* in the Built Environment. *Build Environ*. 2017;123:684-95.
- 5 Ricketts KD, Joseph CA, Lee JV, Wilkinson P. Wet cooling systems as a source of sporadic Legionnaires' disease: a geographical analysis of data for England and Wales, 1996-2006. *J Epidemiol Community Health*. 2012;66(7):618-23.
- 6 Walser SM, Gerstner DG, Brenner B, Holler C, Liebl B, Herr CE. Assessing the environmental health relevance of cooling towers--a systematic review of legionellosis outbreaks. *International journal of hygiene and environmental health*. 2014;217(2-3):145-54.
- 7 Beyrer K, Lai S, Dreesman J, Lee JV, Joseph C, Harrison T, et al. Legionnaires' disease outbreak associated with a cruise liner, August 2003: epidemiological and microbiological findings. *Epidemiology and infection*. 2007;135(5):802-10.
- 8 Jernigan DB, Hofmann J, Cetron MS, Genese CA, Nuorti JP, Fields BS, et al. Outbreak of Legionnaires' disease among cruise ship passengers exposed to a contaminated whirlpool spa. *Lancet*. 1996;347(9000):494-9.
- 9 Breiman RF, Fields BS, Sanden GN, Volmer L, Meier A, Spika JS. Association of shower use with Legionnaires' disease. Possible role of amoebae. *JAMA*. 1990;263(21):2924-6.
- 10 Stolk JM, Russcher A, van Elzakker EP, Schippers EF. [Legionella pneumonia after the use of CPAP equipment]. *Ned Tijdschr Geneeskd*. 2016;160:A9855.
- 11 Endo K, Ito K. [Case of Legionella pneumonia caused by a household humidifier]. *Nihon Kokyuki Gakkai Zasshi*. 2009;47(5):388-92.
- 12 Bonilla Escobar BA, Montero Rubio JC, Martinez Juarez G. [Legionella pneumophila pneumonia associated with the use of a home humidifier in an immunocompetent girl]. *Medicina clinica*. 2014;142(2):70-2.
- 13 Brodhun B, Buchholz U. Epidemiologie der Legionärskrankheit in Deutschland – Entwicklungen in den Jahren 2010 bis 2020. *Epid Bull*. 2021;42:3-17.
- 14 Robert Koch-Institut. Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018, Berlin 2019. Verfügbar unter: <https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/Jahrbuch/Jahrbuecher/2018.html?nn=2374622>. Aufgerufen am: 19.08.2019.
- 15 Campese C, Bitar D, Jarraud S, Maine C, Forey F, Etienne J, et al. Progress in the surveillance and control of Legionella infection in France, 1998-2008. *Int J Infect Dis*. 2011;15(1):e30-7.
- 16 Den Boer JW, Euser SM, Brandsema P, Reijnen L, Bruin JP. Results from the National Legionella Outbreak Detection Program, the Netherlands, 2002-2012. *Emerging infectious diseases*. 2015;21(7):1167-73.
- 17 Den Boer JW, Verhoef L, Bencini MA, Bruin JP, Jansen R, Yzerman EP. Outbreak detection and secondary prevention of Legionnaires' disease: a national approach. *International journal of hygiene and environmental health*. 2007;210(1):1-7.
- 18 Orkis LT, Harrison LH, Mertz KJ, Brooks MM, Bibby KJ, Stout JE. Environmental sources of community-acquired legionnaires' disease: A review. *International journal of hygiene and environmental health*. 2018;221(5):764-74.
- 19 Den Boer JW, Yzerman EP, Schellekens J, Lettinga KD, Boshuizen HC, Van Steenberghe JE, et al. A large outbreak of Legionnaires' disease at a flower show, the Netherlands, 1999. *Emerging infectious diseases*. 2002;8(1):37-43.
- 20 Robert Koch-Institut. Falldefinitionen des Robert Koch-Instituts zur Übermittlung von Erkrankungs- oder Todesfällen und Nachweisen von Krankheits-

- erreger Ausgabe 2019 gemäß § 11 Abs. 2 des Gesetzes zur Verhütung und Bekämpfung von Infektionskrankheiten beim Menschen (Infektionsschutzgesetz – IfSG). Verfügbar unter [https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Falldefinition/Downloads/Falldefinitionen\\_des\\_RKI\\_2019.pdf?\\_\\_blob=publicationFile](https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/IfSG/Falldefinition/Downloads/Falldefinitionen_des_RKI_2019.pdf?__blob=publicationFile). Abgerufen am: 13.03.2022.
- 21 Bundesministerium der Justiz. Verordnung über die Qualität von Wasser für den menschlichen Gebrauch (Trinkwasserverordnung – TrinkwV). 2001. Verfügbar unter: [https://www.gesetze-im-internet.de/trinkwv\\_2001/TrinkwV.pdf](https://www.gesetze-im-internet.de/trinkwv_2001/TrinkwV.pdf). Aufgerufen am 13.03.2022.
- 22 DIN EN ISO 19458. Wasserbeschaffenheit – Probenahme für mikrobiologische Untersuchungen. Berlin: Beuth-Verlag; 2006.
- 23 Helbig JH, Jacobs E, Luck C. Legionella pneumophila urinary antigen subtyping using monoclonal antibodies as a tool for epidemiological investigations. *European journal of clinical microbiology & infectious diseases* : official publication of the European Society of Clinical Microbiology. 2012;31(7):1673-7.
- 24 Helbig JH, Uldum SA, Bernander S, Luck PC, We-walka G, Abraham B, et al. Clinical utility of urinary antigen detection for diagnosis of community-acquired, travel-associated, and nosocomial legionnaires' disease. *J Clin Microbiol.* 2003;41(2):838-40.
- 25 Robert Koch-Institut. Standarderhebungsbogen für Fälle von Legionellose. 2017. Verfügbar unter: <https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/L/Legionellose/OEGD/Standarderhebungsbogen.html>. Abgerufen am: 13.03.2022.
- 26 Umweltbundesamt. Empfehlungen für die Durchführung einer Gefährdungsanalyse gemäß Trinkwasserverordnung. In: 3.5 FI, editor. Bad Elster: Umweltbundesamt (UBA); 2012. p. 11.
- 27 Lück C. Legionella pneumophila : Genetische Diversität von Patienten- und Umweltisolaten. [Legionella pneumophila : genetic diversity of patients and environmental isolates]. *Bundesgesundheitsblatt, Gesundheitsforschung, Gesundheitsschutz.* 2011;54(6):693-8.
- <sup>b)</sup> Jaqueline Bochmann | <sup>b)</sup> Dr. Christina Förster | <sup>b)</sup> Madlen Koch | <sup>b)</sup> Yvonne Schreiner | <sup>b)</sup> Fabian Stemmler | <sup>c)</sup> Dr. Corinna Gagell | <sup>c)</sup> Edith Harbich | <sup>c)</sup> Dr. Markus Petzold | <sup>d)</sup> Dr. Sina Bärwolff | <sup>d)</sup> Dr. Birte Schilling | <sup>e)</sup> Dr. Andreas Beyer | <sup>e)</sup> Dr. Silvia Schmidt | <sup>f)</sup> Ute Geuß-Fosu | <sup>g)</sup> Martina Hänel | <sup>h)</sup> Dr. Patrick Larscheid | <sup>h)</sup> Dr. Jakob Schumacher | <sup>i)</sup> Dr. Lukas Murajda | <sup>j)</sup> Dr. Nicolai Savaskan | <sup>j)</sup> Dr. Klaus Morawski | <sup>k)</sup> Dr. Uwe Peters | <sup>k)</sup> Anke Hinzmann | <sup>l)</sup> Dr. Raimund Pitzing | <sup>m)</sup> Eva Bednarz | <sup>m)</sup> Thomas Siedentopf | <sup>n)</sup> Gudrun Widders | <sup>n)</sup> Dr. Ines Abdelgawad | <sup>o)</sup> Dr. Nicoletta Wischnewski | <sup>o)</sup> Dr. Irina Zuschneid | <sup>p)</sup> Dr. Iskandar Atmowihardjo | <sup>q)</sup> Dr. Keikawus Arastéh | <sup>q)</sup> Prof. Dr. Steffen Behrens | <sup>r)</sup> Dr. Petra Creutz | <sup>r)</sup> PD Dr. Johannes Elias | <sup>q)</sup> Martina Gregor | <sup>r)</sup> Prof. Dr. Stefan Kahl | <sup>q)</sup> Dr. Henning Kahnert | <sup>q)</sup> Viktor Kimmel | <sup>q)</sup> Dr. Josefa Lehmknecht | <sup>q)</sup> Dr. Pascal Migaud | <sup>r)</sup> Dr. Agata Mikolajewska | <sup>r)</sup> Dr. Verena Moos | <sup>q)</sup> Maria-Barbara Naumann | <sup>q)</sup> Prof. Dr. Wulf Pankow | <sup>q)</sup> Prof. Dr. Hans Scherübel | <sup>p)</sup> Prof. Dr. Bernd Schmidt | <sup>r)</sup> Prof. Dr. Thomas Schneider | <sup>q)</sup> Dr. Hartmut Stocker | <sup>r)</sup> Prof. Dr. Norbert Suttrop | <sup>q)</sup> Dr. Dorina Thiemig | <sup>s)</sup> Dr. Carsten Gollnisch | <sup>s)</sup> Uwe Mannschatz | <sup>a)</sup> Prof. Dr. Walter Haas | <sup>b)</sup> Benedikt Schaefer | <sup>c)</sup> Dr. Christian Lück
- <sup>a)</sup> Robert Koch-Institut, Abteilung für Infektions-epidemiologie, Fachgebiet für Respiratorisch übertragbare Erkrankungen
- <sup>b)</sup> Umweltbundesamt, Fachgebiet II, 3.5: Mikrobiologie des Trink- und Badebeckenwassers
- <sup>c)</sup> Konsiliarlabor für Legionellen, Technische Universität Dresden
- <sup>d)</sup> Gesundheitsamt Berlin Tempelhof-Schöneberg
- <sup>e)</sup> Gesundheitsamt Berlin Steglitz-Zehlendorf
- <sup>f)</sup> Gesundheitsamt Berlin Lichtenberg
- <sup>g)</sup> Gesundheitsamt Berlin Marzahn-Hellersdorf
- <sup>h)</sup> Gesundheitsamt Berlin Reinickendorf
- <sup>i)</sup> Gesundheitsamt Berlin Mitte
- <sup>j)</sup> Gesundheitsamt Berlin Neukölln
- <sup>k)</sup> Gesundheitsamt Berlin Pankow
- <sup>l)</sup> Gesundheitsamt Berlin Friedrichshain-Kreuzberg
- <sup>m)</sup> Gesundheitsamt Berlin Treptow-Köpenick
- <sup>n)</sup> Gesundheitsamt Berlin Spandau
- <sup>o)</sup> Gesundheitsamt Berlin Charlottenburg-Wilmersdorf
- <sup>p)</sup> DRK Kliniken Berlin
- <sup>q)</sup> Vivantes Kliniken Berlin
- <sup>r)</sup> Charité – Universitätsmedizin Berlin
- <sup>s)</sup> Hygieneinspektionsstelle für Trinkwassersysteme (AHT)

### Autorinnen und Autoren

<sup>a)</sup> Dr. Udo Buchholz | <sup>a)</sup> Ann-Sophie Lehfeld | <sup>a)</sup> Dr. Heiko J. Jahn | <sup>a)</sup> Dr. Bonita Brodhun | <sup>a)</sup> Marina M. Lewandowsky | <sup>a)</sup> Franziska Reber | <sup>b)</sup> Kristin Adler |

**Korrespondenz:** [BuchholzU@rki.de](mailto:BuchholzU@rki.de); [LehfeldA@rki.de](mailto:LehfeldA@rki.de)

---

### Vorgeschlagene Zitierweise

Buchholz U, Lehfeld AS, Jahn HJ, Brodhun B, Lewandowsky MM, Reber F, Adler K, Bochmann J, Förster C, Koch M, Schreiner Y, Stemmler F, Gagell C, Harbich E, Petzold M, Bärwolff S, Schilling B, Beyer A, Schmidt S, Geuß-Fosu U, Hänel M, Larscheid P, Schumacher J, Murajda L, Savaskan N, Morawski K, Peters U, Hinzmann A, Pitzing R, Bednarz E, Siedentopf T, Widders G, Abdelgawad I, Wischniewski N, Zuschneid I, Atmowihardjo I, Arastéh K, Behrens S, Creutz P, Elias J, Gregor M, Kahl S, Kahnert H, Kimmel V, Lehmke J, Migaud P, Mikolajewska A, Moos V, Naumann MB, Pankow W, Scherübl H, Schmidt B, Schneider T, Stocker H, Suttorp N, Thiemig D, Gollnisch C, Mannschatz U, Haas W, Schaefer B, Lück C: Infektionsquellensuche bei ambulant erworbenen Fällen von Legionärskrankheit – Ergebnisse der LeTriWa-Studie; Berlin, 2016–2020 – Teil 1 (Studienmethodik)

Epid Bull 2022;27:13-22 | DOI 10.25646/10169

---

### Interessenkonflikt

Alle Autorinnen und Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

---

### Finanzielle Unterstützung

Die LeTriWa-Studie wurde durch das Bundesministerium für Gesundheit (Projektnummer ZMVI5-2515-FSB-759) unterstützt.

# Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

26. Woche 2022 (Datenstand: 6. Juli 2022)

## Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021
	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.
Baden-Württemberg	90	1.635	1.532	15	346	289	2	78	68	43	1.999	320	32	1.058	163
Bayern	146	2.288	2.553	17	426	379	6	83	76	62	3.635	362	59	2.012	271
Berlin	33	814	761	3	137	108	0	23	33	37	1.151	155	16	992	133
Brandenburg	29	626	667	2	105	104	4	31	10	27	1.271	375	73	1.430	135
Bremen	10	120	109	0	19	20	1	5	2	2	97	16	1	82	16
Hamburg	0	439	418	0	55	65	0	7	8	4	470	97	8	674	49
Hessen	61	1.293	1.167	10	261	197	1	26	18	15	1.580	151	18	831	164
Mecklenburg-Vorpommern	32	476	614	1	47	82	0	18	13	31	896	169	22	564	221
Niedersachsen	86	1.433	1.692	14	244	413	2	77	69	33	1.880	218	47	812	209
Nordrhein-Westfalen	187	4.133	3.896	22	535	735	7	143	102	91	5.528	421	90	2.960	568
Rheinland-Pfalz	56	1.041	955	8	170	217	4	37	22	44	1.769	140	18	725	67
Saarland	18	348	302	3	49	54	0	5	7	3	356	36	4	156	24
Sachsen	81	1.646	1.815	13	260	213	1	55	32	110	3.040	843	98	2.586	224
Sachsen-Anhalt	36	598	538	6	158	110	1	25	22	67	1.998	1.430	68	755	84
Schleswig-Holstein	21	588	691	3	57	82	1	36	19	4	636	71	7	385	79
Thüringen	35	703	762	11	214	156	1	13	13	42	1.107	332	26	724	103
<b>Deutschland</b>	<b>921</b>	<b>18.181</b>	<b>18.472</b>	<b>128</b>	<b>3.083</b>	<b>3.224</b>	<b>31</b>	<b>662</b>	<b>514</b>	<b>615</b>	<b>27.413</b>	<b>5.136</b>	<b>587</b>	<b>16.746</b>	<b>2.510</b>

## Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021
	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.
Baden-Württemberg	2	40	29	43	1.018	660	26	509	413	9	229	287	19	1.227	37
Bayern	5	47	57	37	1.212	693	19	497	429	10	259	294	47	2.986	48
Berlin	0	22	8	17	447	209	13	189	107	0	163	149	9	903	9
Brandenburg	3	18	10	3	134	44	1	49	30	0	57	45	22	1.001	23
Bremen	0	1	1	4	74	52	0	32	16	1	37	22	5	93	2
Hamburg	1	7	5	5	283	218	6	101	58	1	74	84	18	614	10
Hessen	1	20	28	34	733	346	9	236	180	9	215	212	11	622	14
Mecklenburg-Vorpommern	0	10	10	1	59	23	0	28	17	3	21	21	19	1.240	6
Niedersachsen	1	19	27	20	463	289	14	268	151	3	145	134	20	823	21
Nordrhein-Westfalen	6	85	96	68	1.714	954	39	951	593	18	471	465	56	1.674	47
Rheinland-Pfalz	3	17	14	19	488	155	9	173	121	5	60	97	25	520	22
Saarland	0	4	7	1	54	35	1	13	31	1	16	28	2	160	2
Sachsen	1	9	8	4	182	113	1	122	89	0	63	74	33	4.250	33
Sachsen-Anhalt	0	7	7	10	111	34	8	63	24	3	46	32	20	1.129	39
Schleswig-Holstein	1	9	5	4	182	118	3	154	93	3	55	63	7	461	3
Thüringen	1	5	7	6	84	52	2	51	21	4	28	38	24	498	16
<b>Deutschland</b>	<b>25</b>	<b>320</b>	<b>319</b>	<b>276</b>	<b>7.238</b>	<b>3.995</b>	<b>151</b>	<b>3.436</b>	<b>2.373</b>	<b>70</b>	<b>1.939</b>	<b>2.045</b>	<b>337</b>	<b>18.201</b>	<b>332</b>

**Allgemeiner Hinweis:** Das Zentrum für tuberkulosekranke und -gefährdete Menschen in Berlin verwendet 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		
	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021
	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.
Baden-Württemberg	0	1	0	0	11	3	0	0	0	2	43	32	44	869	518
Bayern	0	3	0	0	10	8	0	1	1	6	143	96	42	1.085	621
Berlin	0	3	0	0	7	4	0	0	0	0	7	6	8	206	197
Brandenburg	0	1	0	0	2	4	0	0	0	0	9	9	6	126	72
Bremen	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3	61	31
Hamburg	0	0	2	0	1	2	0	0	0	0	8	8	8	96	74
Hessen	0	1	0	0	7	8	0	0	1	1	39	35	20	255	185
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	6	2	2	49	33
Niedersachsen	0	0	0	0	8	6	0	0	0	1	14	18	21	342	233
Nordrhein-Westfalen	0	2	1	1	10	4	0	0	1	0	50	62	22	861	444
Rheinland-Pfalz	0	0	0	2	4	4	0	0	0	2	27	28	5	152	151
Saarland	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	5	2	14	25
Sachsen	0	0	0	0	5	3	0	0	0	1	17	14	14	350	219
Sachsen-Anhalt	0	0	0	1	5	0	0	0	0	2	20	19	2	50	43
Schleswig-Holstein	0	1	0	0	5	3	0	0	0	1	9	4	11	91	75
Thüringen	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2	33	19	16	107	30
<b>Deutschland</b>	<b>0</b>	<b>12</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>79</b>	<b>50</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>3</b>	<b>18</b>	<b>435</b>	<b>357</b>	<b>226</b>	<b>4.714</b>	<b>2.951</b>

Erreger mit Antibiotikaresistenz und *Clostridioides-difficile*-Erkrankung und COVID-19

	<i>Acinetobacter</i> <sup>1</sup>			Enterobacterales <sup>1</sup>			<i>Clostridioides difficile</i> <sup>2</sup>			MRSA <sup>3</sup>			COVID-19 <sup>4</sup>		
	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021	2022		2021
	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.	26.	1.–26.	1.–26.
Baden-Württemberg	1	22	19	9	189	162	2	33	45	1	33	39	69.219	2.865.924	256.524
Bayern	8	57	29	17	285	221	4	81	80	0	49	63	89.901	3.859.527	313.310
Berlin	2	45	29	14	259	149	0	15	21	1	26	23	18.429	778.889	80.529
Brandenburg	0	16	4	1	60	32	2	23	41	2	15	16	11.786	583.924	62.610
Bremen	1	4	2	0	17	12	0	5	4	0	7	8	5.115	169.787	13.723
Hamburg	0	11	15	1	52	36	0	9	12	0	8	11	15.664	500.076	39.319
Hessen	3	39	17	16	321	216	0	40	36	2	28	27	54.657	1.573.645	150.661
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	2	3	18	16	0	30	31	1	18	19	10.588	416.595	31.632
Niedersachsen	0	18	16	2	180	136	2	48	65	0	59	66	82.296	2.222.068	149.957
Nordrhein-Westfalen	6	67	37	30	609	557	5	168	233	7	144	179	147.127	4.421.817	413.909
Rheinland-Pfalz	1	24	1	10	95	55	1	42	27	1	8	21	28.542	979.996	80.508
Saarland	0	1	0	0	10	9	0	2	4	0	4	5	8.124	268.073	21.174
Sachsen	2	14	3	6	123	102	2	65	60	2	32	35	18.186	912.194	144.346
Sachsen-Anhalt	0	4	1	1	63	45	1	39	56	1	30	29	10.211	521.454	66.316
Schleswig-Holstein	0	3	7	8	56	55	0	6	9	0	9	15	34.479	730.026	38.325
Thüringen	1	5	0	1	14	10	1	12	15	1	19	15	6.496	437.732	84.134
<b>Deutschland</b>	<b>25</b>	<b>332</b>	<b>182</b>	<b>119</b>	<b>2.351</b>	<b>1.813</b>	<b>20</b>	<b>618</b>	<b>739</b>	<b>19</b>	<b>489</b>	<b>571</b>	<b>610.820</b>	<b>21.241.727</b>	<b>1.946.977</b>

1 Infektion und Kolonisation

(Acinetobacter spp. mit Nachweis einer Carbapenemase-Determinante oder mit verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen)

2 Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform

3 Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus, invasive Infektion

4 Coronavirus-Krankheit-2019 (SARS-CoV-2)

## Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2022		2021
	26.	1.–26.	1.–26.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	76	18
Botulismus	0	1	1
Brucellose	0	13	3
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	0	1
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	31	68
Denguefieber	0	50	13
Diphtherie	0	0	9
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	17	136	126
Giardiasis	30	701	573
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	0	280	106
Hantavirus-Erkrankung	2	37	1.231
Hepatitis D	0	17	28
Hepatitis E	63	1.759	1.493
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	22	12
Kryptosporidiose	43	809	408
Legionellose	53	543	472
Lepra	0	0	1
Leptospirose	0	35	47
Listeriose	14	304	273
Meningokokken, invasive Erkrankung	0	40	32
Ornithose	0	6	7
Paratyphus	0	9	3
Q-Fieber	1	34	44
Shigellose	2	120	38
Trichinellose	0	0	0
Tularämie	2	29	38
Typhus abdominalis	0	22	14
Yersiniose	23	924	1.008
Zikavirus-Erkrankung	0	2	0

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](http://www.rki.de/falldefinitionen)).

# Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen

gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern

Berichtsmonat: April 2022 (Datenstand: 1. Juli 2022)

	Syphilis		HIV-Infektion		Malaria		Echinokokkose		Toxoplasm., konn.						
	2022	2021	2022	2021	2022	2021	2022	2021	2022	2021					
	April	Januar – April	April	Januar – April	April	Januar – April	April	Januar – April	April	Januar – April					
Baden-Württemberg	33	207	156	41	105	81	9	30	13	2	14	10	0	0	0
Bayern	89	394	316	24	124	95	1	18	9	0	6	9	0	0	3
Berlin	110	497	412	35	98	82	5	26	10	1	3	1	0	0	0
Brandenburg	2	22	37	4	11	19	0	3	2	1	1	0	0	0	0
Bremen	5	23	17	5	16	20	0	4	0	0	0	0	0	0	0
Hamburg	28	139	153	14	53	47	6	16	2	1	2	4	0	0	0
Hessen	37	156	198	16	54	58	7	24	4	1	2	7	0	0	2
Mecklenburg-Vorpommern	4	20	36	1	13	9	0	0	0	0	0	3	0	0	1
Niedersachsen	25	137	124	17	69	69	10	15	11	1	4	4	0	0	1
Nordrhein-Westfalen	99	460	498	35	159	183	15	58	34	0	7	14	0	0	0
Rheinland-Pfalz	10	62	56	10	34	22	1	8	5	0	2	0	0	0	0
Saarland	3	21	15	2	9	5	0	2	0	0	1	1	0	0	0
Sachsen	24	112	146	18	40	26	1	3	4	0	3	0	0	0	1
Sachsen-Anhalt	5	26	49	6	15	15	0	0	2	0	0	0	0	0	1
Schleswig-Holstein	10	40	54	8	25	13	2	4	1	0	0	0	0	0	0
Thüringen	1	41	35	0	6	15	0	0	1	0	1	2	0	0	0
<b>Deutschland</b>	<b>488</b>	<b>2.372</b>	<b>2.310</b>	<b>236</b>	<b>831</b>	<b>759</b>	<b>57</b>	<b>211</b>	<b>98</b>	<b>7</b>	<b>46</b>	<b>55</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>13</b>

(Hinweise zu dieser Statistik s. *Epid. Bull.* 41/01: 311–314)