

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

25
2025

19. Juni 2025

Epidemiologisches Bulletin

**Bericht zum Robert Koch Colloquium |
Salmonella Infantis-Ausbruch
bei Säuglingen und Kleinkindern**

Inhalt

Bericht zum Robert Koch Colloquium (RKC) 2025

3

Das jährlich vom RKI veranstaltete RKC konzentriert sich auf aktuelle Themen der öffentlichen Gesundheit und bringt führende Experten zusammen, um ihre Forschungsergebnisse vorzustellen. Das diesjährige Kolloquium stand unter dem Motto „Empowering Public Health: From Data to Global Health“. Diskutierte Themen reichten von Herausforderungen bei der Nutzung von Wearables im Gesundheitsmonitoring, One-Health-Monitoring bis hin zu Einsatzfeldern von KI in systematischen Literaturreviews.

Report on the Robert Koch Colloquium (RKC) 2025

The annually by the RKI hosted RKC focuses on topics in public health, bringing together leading experts to present their research findings. This year's colloquium was held under the theme „Empowering Public Health: From Data to Global Health.“ Topics discussed ranged from challenges in the use of data for health monitoring generated through wearables, and one health monitoring, up to using AI in systematic literature reviews.

(Article in German)

Salmonella Infantis-Ausbruch bei Säuglingen und Kleinkindern

12

Das RKI konnte einen bundesweiten *S. Infantis*-Ausbruch verursacht durch kontaminiertes Cashewmus Himbeere unter Säuglingen und Kleinkindern aufdecken. Bisher zählte das RKI in Deutschland insgesamt 85 Erkrankungsfälle. Ein Großteil erkrankte so schwer, dass sie im Krankenhaus behandelt werden mussten. Das verdächtige Cashewmus Himbeere wurde öffentlich zurückgerufen und Verbraucher wurden vor einem Verzehr des Produktes gewarnt.

An outbreak of Salmonella Infantis in infants and young children

The RKI identified a nationwide outbreak of *S. Infantis* among infants and young children caused by contaminated cashew puree raspberry. To date, the RKI has recorded a total of 85 cases in Germany. The majority of those affected became so ill that they had to be hospitalised. The suspected cashew puree raspberry was publicly recalled and consumers were warned not to consume the product.

(Article in German)

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 24. Woche 2025

16

Impressum

Herausgeber

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

Redaktion

Dr. med. Jamela Seeadt
(Ltd. Redakteurin)
Dr. med. Maren Winkler
(Stellv. Redakteurin)

Redaktionsassistentz

Nadja Harendt

Allgemeine 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](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).



ISSN 2569-5266



Bericht zum Robert Koch Colloquium 2025 – „Empowering Public Health: From Data to Global Health“

Einleitung

Das Robert Koch Colloquium (RKC) ist ein jährlich stattfindendes interdisziplinäres Kolloquium, welches vom Robert Koch-Institut (RKI) veranstaltet wird. Es konzentriert sich regelmäßig auf ein aktuelles Thema aus dem Bereich der öffentlichen Gesundheit und bringt führende Expertinnen und Experten zusammen, um ihre Forschungsergebnisse und Erkenntnisse vorzustellen und zu diskutieren.

Das diesjährige Kolloquium am 19. und 20. Mai 2025 stand unter dem Motto „Empowering Public Health: From Data to Global Health“. Im Vorfeld fanden als Neuerung zwei RKI-interne Satellitenveranstaltungen mit Vorträgen zu Data Literacy und Forschungsdateninfrastruktur statt. Mehr als 400 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sowie Fachpublikum des öffentlichen Gesundheitswesens trafen sich im Rahmen des Kolloquiums am RKI in Berlin und online zum Wissensaustausch und zu anregenden, manchmal auch kritischen Diskussionen. Renommiertere internationale Expertinnen und Experten waren eingeladen, verschiedene Themen von der Datengenerierung über die Datenanwendung und -nutzung bis hin zum internationalen Austausch von Public-Health-Daten zu präsentieren und zu diskutieren. In der abschließenden Podiumsdiskussion wurden wichtige Themen wie Pandemievorbereitung, der Einfluss weltweiter Veränderungen auf Fortschritt und Innovationen sowie die Zukunft der Routinesurveillance und der globalen Zusammenarbeit behandelt. Im vorliegenden Artikel folgt eine Zusammenfassung des Kolloquiums.

Digitalization and Health Data: The Value for Pandemic Preparedness, A Case Study from Denmark

Prof. Dr. Henrik Ullum hielt als Direktor der Schwesterbehörde des RKI in Dänemark (Danish Statens Serum Institut – SSI) einen Keynote-Vortrag

zu Digitalisierung und Nutzung von Gesundheitsdaten in Dänemark. Das Institut ist überwiegend im Bereich übertragbare Krankheiten und biologische Gefahren tätig und hostet die nationale mikrobiologische Datenbank.

In Dänemark erhalten alle Bürgerinnen und Bürger eine zentrale persönliche Registrierungsnummer, mit der sowohl Gesundheitsdaten als auch Daten aus anderen Sektoren (Soziales, Bildung) verknüpft werden können. Ullum erklärte anhand von zwei Beispielen die zentrale Rolle dieser personengebundenen Identitätsnummer in der Nachnutzung von Gesundheitsdaten beim SSI. Im Rahmen der Surveillance werden die aktiven Meldungen zunehmend durch zuverlässigere und effizientere laborbasierte Meldungen ersetzt, wodurch Interventionen beschleunigt werden können. Als ein weiteres Beispiel ermöglicht das dänische Impfregeister, frühere Impfungen einer Person zu erfassen, entsprechend gezielte Erinnerungen an Impftermine zu versenden und diese Daten für Studien zu Impfraten zu benutzen. Darüber hinaus lassen sich Impfwirksamkeitsstudien durch die Verknüpfung mit anderen Datenquellen deutlich optimieren. Insgesamt führt dies zu einer besseren Information von Politik sowie Bürgerinnen und Bürgern, was das Vertrauen in das Gesundheitssystem stärkt.

Ullum gab anschließend einen Rückblick auf die COVID-19-Pandemie, während der Dänemark seine Kapazitäten in den Bereichen Diagnostik, Sequenzierung, Modellierung und öffentliche Aufklärung deutlich erweiterte. Trotz einer parallelen Epidemie mit einer Coronavirus-Variante in Nerzfarmen zeigte sich in Dänemark durch tägliches Monitoring eine sehr geringe Übersterblichkeit. Dabei spielten laut Ullum neben der Dateninfrastruktur und den verfügbaren Kapazitäten drei Faktoren eine besonders wichtige Rolle: das öffentliche Vertrauen, das politische Engagement und die sektorübergreifende Zusammenarbeit. Die dänische Strategie für Bio-

wissenschaften¹ sieht eine nationale Partnerschaft und damit eine bessere Nutzung von Gesundheitsdaten vor.

Dänemark ist weltweit führend bei der Verfügbarkeit von Forschungsdaten,² steht jedoch vor weiteren Herausforderungen. Da die Daten aktuell noch durch verschiedene Institutionen verwaltet werden, soll zur Vereinfachung künftig nur ein einziger Zugangspunkt mit einheitlichen Zugriffsregeln geschaffen werden. Zudem bringt der European Health Data Space (EHDS) neue Herausforderungen mit sich, da die vorgesehenen europäischen Datenstandards von den aktuellen dänischen Standards abweichen.

Ullum formulierte schließlich für die Zukunft das Ziel, den Umfang der Datenquellen weiter zu erhöhen: Das Einbeziehen von weiteren One-Health-Bereichen, die zunehmende Öffentlichkeitsbeteiligung und die stärkere Berücksichtigung seroepidemiologischer Daten sowie Daten aus der Abwasser-surveillance sollten angestrebt werden.

Bias in Public Health Data

Dr. Mirja Mittermaier (Berlin Institute of Health, Charité – Universitätsmedizin Berlin) setzt sich für die Integration von künstlicher Intelligenz (KI) in die klinische Praxis ein. Ihr Vortrag behandelte das Thema Bias (Ungleichgewichtung) in öffentlichen Gesundheitsdaten im Zusammenhang mit KI-Modellen.

Die Zahl veröffentlichter KI-Modelle stieg in den letzten zehn Jahren rapide an, doch viele dieser Modelle scheiterten an der praktischen Anwendung im Klinikalltag aufgrund des Bias im Vorhersagespektrum. KI-Modelle, die auf spezifische Daten trainiert wurden, können oft nicht auf andere Krankenhäuser oder Länder übertragen werden. Im Gegensatz zu den USA existiert in Deutschland keine öffentlich zugängliche Liste zugelassener KI-gestützter Medizinprodukte.

Mittermaier diskutierte verschiedene Formen von Bias, darunter diskriminierende historische Daten, algorithmische Verzerrungen und die digitale Kluft durch ungleich verteilte KI-Technologie auf regio-

nalerebene im internationalen Kontext. Sie erläuterte Methoden zur Erkennung von Bias, wie beispielsweise den Einsatz erklärbarer KI-Techniken mittels Shapley Additive Explanations-(SHAP-)Werten, die den Einfluss einzelner Variablen zur Entscheidungsfindung im mathematischen Modell darlegen können. Es stellt sich die Frage, wann es als ärztlicher Kunstfehler gilt, KI nicht zu nutzen? Beispielsweise, wenn KI-Modelle in der Erkennung von Brustkrebs auf Mammographien bessere Ergebnisse liefern könnten als Ärztinnen und Ärzte.

Eine Fallstudie behandelte die Entwicklung eines KI-Modells zur Mpox-Erkennung anhand von Bildern von Hautläsionen. Ein Bias lag in der Datenbasis mit lediglich 63 Bildern von 12 männlichen Patienten, die zusätzlich durch die Integration frei verfügbarer dermatologischer Bilder vergrößert werden konnte. Auch war der Anteil Mpox- vs. Nicht-Mpox-Trainingsdaten stark in Richtung Nicht-Mpox verschoben, wodurch das Vorhersageverhalten auf weitere Hauterkrankungen erweitert werden musste, um Mpox überhaupt sicher klassifizieren zu können. Die zweite Fallstudie betraf die Vorhersagen von Mortalität und Organversagen auf Intensivstationen. Durch die Weiterverwendung bereits vortrainierter KI-Modelle und Erweiterung auf unbekannte, neue Datensätze (sogenanntes „Transfer Learning“) wurde die Datenbasis mit Datensätzen US-amerikanischer Intensivstationen (MIMIC-Datenbank) erweitert. Ein unerwarteter Bias entstand durch die heterogene Dokumentationsweise und die unterschiedliche Erhebung von Blutwerten in den Kliniken. Dieser Bias wurde erkannt und konnte korrigiert werden.

Abschließend betonte Mittermaier, dass KI-Modelle kontinuierlich überprüft und angepasst werden müssen. Sie plädierte für neue regulatorische Ansätze, wie die von der Lebensmittelüberwachungs- und Arzneimittelbehörde der Vereinigten Staaten (Food and Drug Administration, FDA) vorgeschlagenen Kontrollpläne, um sicherzustellen, dass KI im Gesundheitswesen tatsächlich zur Verbesserung der Versorgung beiträgt.

Using Sensor-Based Data from Wearable Devices in Health Monitoring

Wearables – also sensorbasierte tragbare Geräte wie Smartwatches oder Fitness-Tracker – ermöglichen eine kontinuierliche, niedrighschwellige Datenerhebung direkt am Menschen und sind weit verbreitet. Die Daten werden von den Nutzenden in der Regel für individuelle Zwecke verwendet, zum Beispiel um die eigene körperliche Aktivität zu dokumentieren. Sie eröffnen aber auch potenziell neue Perspektiven für das Sammeln von Gesundheitsdaten auf Bevölkerungsebene. In ihrem Vortrag gab Prof. Dr. Julika Loss (RKI) einen fundierten Einblick in das Potenzial und die Herausforderungen der Nutzung von Wearables im Gesundheitsmonitoring.

Nach einer kurzen Einführung in den aktuellen Stand der Technik und die bisherigen Einsatzfelder³ fokussierte sich Loss auf eigene Studien, vor allem zum Thema Bewegung. Körperliche Aktivität wird bislang in Deutschland über Bevölkerungsbefragungen erfasst. Ließe sich diese auch durch Generierung und Auswertung von Wearable-Daten zur Bewegung erfassen? Dazu zeigte Loss Daten, die sie und ihr Team 2022 erhoben haben: 19 % der Erwachsenen in Deutschland besitzen ein Wearable; von diesen sind 56 % (vielleicht) bereit, ihre Daten dem RKI zu Forschungszwecken zu spenden.⁴

Ein weiteres interessantes Potenzial der Wearable-Messungen liegt auch in der Untersuchung der Schlafdauer, da unzureichender Schlaf mit gesundheitlichen Risiken verbunden ist. Daten aus der [Corona-Datenspende-Studie](#), die primär für die Erfassung von Fieber-Hotspots erhoben wurden, zeigten alters- und geschlechterspezifische Unterschiede: Mit zunehmendem Alter nahm beispielsweise die Schlafdauer ab. Das RKI nutzt nun das Panel „Gesundheit in Deutschland“, um Studien mit Wearables durchzuführen. In einer Machbarkeitsstudie 2024 zeigten sich Herausforderungen im Datenschutz bei der Verwendung kommerziell verfügbarer Geräte.

Loss hob auch die Heterogenität der Daten aus den unterschiedlichen kommerziellen Fabrikaten hervor sowie die Intransparenz der Algorithmen, mit denen jeweils die relevanten Variablen wie „Schlaf“ oder „sehr intensive Bewegung“ berechnet werden.

Hinzu kommen Datenlücken, wenn Wearables nicht durchgängig getragen werden. Außerdem handelt es sich bei denjenigen, die Wearables besitzen, eher um junge, aktive und gesunde Menschen. Auch die Erklärbarkeit (Explainability) von Algorithmen und Ergebnissen spielt eine zentrale Rolle, insbesondere in Bezug auf Vertrauen und Akzeptanz. Dennoch ist es wichtig, die Entwicklungen der sensorbasierten Messungen kontinuierlich zu verfolgen und zu prüfen, wie die Daten für Gesundheitsmonitoring und Prävention genutzt werden können.

Loss plädierte abschließend für eine kritische, aber innovationsfreudige Weiterentwicklung der Wearable-Forschung. Die aktive Einbindung von Wearable-Nutzenden und der Heilberufe sowie die Zusammenarbeit mit Datenspezialistinnen und -spezialisten seien entscheidend, um das Potenzial von Wearables nachhaltig und verantwortungsvoll zu nutzen.

Modeling Infectious Disease Dynamics of Emerging Threats and Epidemics

Prof. Dr. Sebastian Funk (The London School of Hygiene & Tropical Medicine) rundete den ersten Tag mit einem Einblick in die mathematische Modellierung von neu auftretenden Infektionskrankheiten und Epidemien ab. Diese angewandten Modellierungen sind ein wichtiges epidemiologisches Werkzeug zur Stärkung der öffentlichen Gesundheit, um beobachtete Daten mit Annahmen und Theorien zu verbinden und dadurch mehr über unbekannte Aspekte zu lernen, die nicht beobachtet wurden.

Insbesondere kurzfristige Vorhersagen der epidemiologischen Entwicklung über die nächsten ein bis vier Wochen (sogenanntes Forecasting) haben seit COVID-19 an Bedeutung gewonnen. Sie ähneln konzeptionell den Wettervorhersagen. Dem berühmten Bonmot „All models are wrong, some are useful“ des Statistikers George Box aus dem Jahr 1976 folgend reflektierte Funk über Modellevaluationen und was ihre Nützlichkeit ausmache: In der vom Europäischen Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) finanzierten Initiative des „European COVID-19 Forecast Hub“ waren robustere Modellvorhersagen möglich, wenn

die Ergebnisse von verschiedenen Modellen in ein gemeinsames, sogenanntes Ensembleergebnis kombiniert wurden.⁵ Die Vorhersagegenauigkeit sank jedoch über zwei bis vier Wochen. Modellierungen für einzelne statt für mehrere Länder boten einen (kleinen) Vorteil.⁶ Gleichzeitig akzeptieren viele Menschen bei Wettervorhersagen kürzere Zeiträume über wenige Tage bis Wochen, ohne die Nützlichkeit infrage zu stellen.

Mit Blick auf zukünftige Epidemien lassen sich für Modellierungen wichtige Lehren ziehen: Entscheidungsrelevante Ergebnisse müssen schnell vorliegen.⁷ So wurden im Vereinigten Königreich bereits im Januar 2020 bestehende Modellierungskapazitäten und für Ebola entwickelte Modelle auf COVID-19 angewendet (und Anfang Februar 2020 veröffentlicht).⁸ Die Genauigkeit von Modellierungen sollte getrennt zur Nützlichkeit untersucht werden.⁹ Die unvorhersehbaren Veränderungen im menschlichen Verhalten beeinflussten viele Modelle während der COVID-19-Pandemie. Wichtig ist der sinnvolle Einsatz von Modellen zur Vorhersage aktueller Meldedaten, die mit Zeitverzug nachberichtet werden (sogenanntes Nowcasting). Dringend benötigt sind zudem Investitionen in die Infrastruktur von flexibler, wiederverwendbarer und schnell-einsatzbereiter Modellierung.

Festzuhalten blieb, dass Modelle keine Kristallkugeln sind, aber ihr umsichtiger Einsatz die lokale bis globale Entscheidungsfindung hilfreich unterstützen kann. Der augenzwinkernden Zusammenfassung aus dem Publikum „All models are wrong, TOGETHER they are useful“ hielt Funk entgegen, dass Ensembleergebnisse zwar robuster sind, der Mechanismus für den Entstehungsprozess von Ergebnissen jedoch in individuellen Modellen interpretierbarer bleibt, weswegen sich beide Ansätze sinnvoll komplementieren.

Public Health Microbiology in the Digital Era

Den Auftakt des zweiten Tages machte Prof. Dr. Adrian Egli (Universität Zürich). In seiner Einführung zeigte er auf, dass neben den zum Teil rapiden technologischen Entwicklungen der letzten Jahrzehnte in den vergangenen vier Jahren auch Publi-

kationen zum Thema KI und Public Health exponentiell angestiegen sind. Bereits 1989 gab es Forschende, die die Bedeutung von Medizin und Informatik als neue Wissenschaft erkannten und proklamierten.¹⁰

Im Folgenden beschäftigte er sich mit der Frage, wie KI bei der täglichen Arbeit im Gesundheitswesen unterstützen kann. Er wies darauf hin, dass Medizin ein sehr heterogenes Themenfeld ist. Allerdings funktioniert maschinelles Lernen sehr gut bei stark strukturierten Daten, wie sie in der klinischen Mikrobiologie und Labormedizin vorliegen. Nach der Vorstellung der verschiedenen Datentypen nach Kraemer et al.¹¹ fokussierte Egli sich auf die Anwendung sogenannter KI-Agenten auf der Basis von Large Language Models (LLMs). Seiner Meinung nach ist die neueste Generation dieser KI-Agenten mit ihren Deep Research Applikationen wie Real-time Surveillance bahnbrechend.¹² Trotzdem wies er darauf hin, dass derzeit noch keine kommerzielle Software für den Bereich Public Health verfügbar ist und die meisten Institutionen bislang kein eigenes, datenschutzkonformes und öffentlich zugängliches LLM besitzen.

Er demonstrierte die Anwendung von Deep Research KI für die Datenerfassung (am Beispiel wöchentlicher Influenza-Inzidenzen aus verschiedenen europäischen Ländern) und Datenanalyse (anhand eines historischen Datensatzes eines Cholera-Ausbruchs); dabei hatte er alle erhaltenen Ergebnisse manuell verifiziert. Er wies nachdrücklich darauf hin, dass es noch keine prospektiven, randomisierten Validierungen für den KI-Einsatz im Rahmen von Ausbruchsuntersuchungen gibt. Anhand eines Reviews¹³ fasste er die verschiedenen KI-Anwendungsmöglichkeiten in der medizinischen Mikrobiologie zusammen und ergänzte diese Ausführungen durch KI-Anwendungen zur Modellierung von Epidemien und Infektionskrankheiten.

Abschließend rief Egli verschiedene kritische Aspekte dieser aktuellen Entwicklungen ins Bewusstsein. Eindrücklich sind dabei seine Ausführungen zu den weltweit gespeicherten Datenmengen, welche nur 30 % „echte“ und zu 70 % synthetische Daten sind. Gespeichert werden diese in riesigen Datenzentren, wovon sich 40 % bei einem

einzigem Konzern in den USA befinden. Eine Abhängigkeit besteht außerdem bei den KI-Supercomputern, von denen die größten durch kommerzielle Anbieter betrieben werden.

Methods and Applications of Artificial Intelligence in Systematic Reviews

Im Anschluss gab Prof. Dr. James Thomas (University College London) einen Überblick zu möglichen Einsatzfeldern von KI in systematischen Literaturreviews. Er betonte die Praxisrelevanz systematischer Literaturreviews für die Bevölkerung, beispielsweise zu klinischen Studien für die medizinische Versorgung. Darum sei die Genauigkeit im methodischen Vorgehen wichtiger als die effiziente Durchführung, um Selektionsbias und Fehler zu vermeiden. Während konventionelle Methoden daher gründlich aber arbeitsintensiv sind, verspricht KI, die Arbeitslast zu senken. Dies sei dringend nötig, um die zunehmende Belastung aufgrund der jährlich steigenden Anzahl neu publizierter Literatur durch zeitnahe und effizientere Evidenzsynthese bewältigen zu können.

Zur Einordnung der Vielzahl von Programmen, die systematische Literaturreviews zu unterstützen oder sogar zu automatisieren versprechen, unterschied Thomas vier Paradigmen: 1.) regelbasierte Ansätze (ohne KI oder maschinelles Lernen), die eine festgelegte Aufgabe wie das Filtern von Duplikaten nach Wörtern in Einträgen erledigen, aber fehleranfällig sind. 2.) Unüberwachtes Lernen, was beispielsweise Cluster von Artikeln basierend auf gemeinsamen Wörtern bildet, aber ohne äußere Kontrolle über die Klassifikation in Cluster. 3.) Überwachtes Lernen, was vorgegebene Klassifikationen vorhersagen kann, aber viele und aussagekräftige Trainingsdaten braucht. 4.) Generative KI-Modelle und große Sprachmodelle (LLM), die in Chatbots ein hohes Potenzial beispielsweise zur Unterstützung von Datenbanksuchen, Informationsextraktion und Bewertung des Risikos für Bias zeigen, gleichzeitig potenzielle Urheberrechtsprobleme, Umweltbedenken sowie mangelnde Methodentransparenz aufweisen.

Zuletzt verglich Thomas sechs unterschiedliche KI-Programme mit einem Beispielreview von Coch-

rane, der keinen klaren Vorteil von achtsamkeitsbasierten Interventionen zur Raucherentwöhnung gegenüber Vergleichsinterventionen fand. Drei LLM-basierte Chatbots zeigten zu positiv formulierte Antworten, eine veraltete Evidenzbasis durch Rückgriff auf den Trainingsdatensatz oder überzeugend formulierte aber falsche Antworten (KI-Halluzinationen). Ein Programm basierend auf semantischer Suche ähnlicher (ganzer) Artikel beschrieb zunächst, wie es die Anfrage versteht und berichtete danach transparent die Schritte, wie es ein LLM benutzt, um sich selbst Regeln für die Suche aufzustellen; mit vielversprechenden Ergebnissen. Zwei Programme teilten Artikel basierend auf Retrieval Augmented Generation (RAG) in Abschnitte auf und vermischten Ergebnisse aus systematischen Literaturreviews mit individuellen Studien, unterschieden nicht nach der Qualität von Studien und ihre Evidenzbasis blieb unklar.

Insgesamt sind die KI-Entwicklungen in systematischen Literaturreviews positiv zu sehen. Vor einer breiteren Anwendung müssen eine hohe Genauigkeit und relevante Evidenzbasis sichergestellt werden (inklusive Artikel hinter Paywall und exklusive irrelevanter Studien). Der KI-Einsatz ist zudem transparent zu deklarieren. Weitergehende Empfehlungen werden im Juni 2025 veröffentlicht.¹⁴

Data-driven Risk-targeted Innovative Surveillance: A Possible Strategy to Improve One Health Preparedness?

Prof. Dr. Marion Koopmans (Erasmus University Rotterdam) beleuchtete in ihrem Vortrag innovative Ansätze des One-Health-Monitorings im datengetriebenen Zeitalter. Ihr zentrales Anliegen lautete: Wie können wir Daten so nutzen, dass wir Ausbrüche möglichst frühzeitig erkennen, gezielt eingreifen oder diese sogar stoppen können?

Koopmans verwies auf klassische Surveillancemethoden ebenso wie auf Modellierungen und prädiktive Ansätze. Dabei interessierte sie sich besonders für den Übergang von zoonotischen Spillover-Events zu tatsächlichen Ausbrüchen – also für den entscheidenden Moment, an dem sich eine Bedrohung zu einer Krise entwickelt. Drei Anwendungsbeispiele veranschaulichten ihre Herangehensweise.

Die aviäre Influenza (H₅N₁) zirkuliert schon seit Jahren in Wildvogelpopulationen und in der Nutztierhaltung. Obwohl die Übertragungswege bekannt sind, kann das Virus nicht erfolgreich in seiner Ausbreitung gehindert werden, wie die aktuelle Infektionswelle in amerikanischen Milchviehbeständen zeigt. Koopmans Team analysierte u. a. mithilfe von LLMs die humane Antigenic Map gegen H₅, um anhand der sich verändernden Immunlandschaft mögliche Reaktionsmuster bei einer zukünftigen Ausbreitung von H₅N₁ vorherzusagen.^{15,16}

Ein zweites Beispiel betrifft die Folgen des Klimawandels für vektorübertragene Krankheiten wie Usutu- und West-Nil-Virus. Hier wurde modellgestützt untersucht, welche Rolle Nutzvögel in der Übertragungskette spielen könnten. Der dritte Anwendungsfall zu Mpox zeigt, wie der Rückgang der Immunität nach dem Ende der Pockenimpfungen die Bevölkerung anfällig gemacht hat. Laut Koopmans geht es zentral darum, zu untersuchen, wie lange Pathogene schon im Umlauf sind, bevor der Mensch sie erwirbt. Das ist ein klares Plädoyer für Frühwarnsysteme, die verschiedenartige Daten integrieren, darunter auch solche aus soziologischen, geografischen und klimatischen Quellen. Sie erwähnte die Rolle von Netzwerken wie dem Versatile Emerging infectious disease Observatory (VEO), die Forschenden helfen, vielfältige Datenquellen zu verknüpfen und multidisziplinäre Perspektiven zusammenzubringen.

Koopmans plädierte für eine ganzheitliche One-Health-Perspektive. Datenvielfalt und der Mut zur Komplexität sind für sie Kernelemente zukunfts-fähiger Surveillance.¹⁷

Data for Global Pandemic and Epidemic Intelligence

Dr. Julia Fitzner (Weltgesundheitsorganisation- (WHO-)Zentrum für Pandemie- und Epidemieforschung, Berlin) untersuchte in ihrer Präsentation das wachsende Feld der Pandemie- und Epidemieforschung und konzentrierte sich darauf, wie Daten in umsetzbare Erkenntnisse umgewandelt werden können, um die globale Gesundheit zu steuern. Epidemic Intelligence geht über die herkömmliche Surveillance hinaus und integriert Echtzeitdaten

aus Gemeinschaftsbeobachtungen, Open-Source-Medien, genomischer Surveillance und KI-gestützten Tools, um aufkommende Gesundheitsbedrohungen zu erkennen und zu bewerten. Die WHO steht bei dieser Arbeit an vorderster Front. Sie verwaltet Dutzende von gleichzeitigen Notfällen im Bereich der öffentlichen Gesundheit und arbeitet mit einem riesigen internationalen Netzwerk.

Das WHO-Zentrum in Berlin ist ein Beispiel für diesen Ansatz. Es unterstützt Initiativen wie die Epidemic Intelligence from Open Sources (EIOS), Algorithmen zur Erkennung von Anomalien und semantische Suchwerkzeuge, die die Frühwarnkapazitäten verbessern. Das Zentrum fördert auch die kollaborative Modellierung durch die Collaboratory-Plattform, die es Forschenden ermöglicht, Werkzeuge, Parameter und Expertinnen- und Expertenmeinungen nahezu in Echtzeit auszutauschen (<https://www.who.int/initiatives/collaboratory>).

Zu den weiteren Innovationen gehören der Aufbau eines globalen Aufbewahrungsorts für epidemiologische Parameter (Global Repository of Epidemiological Parameters, GREP) und die Entwicklung eines Pandemiesimulators für Szenariotests. Die Präsentation unterstrich die Notwendigkeit, diese Hightechinstrumente auf die lokalen Gegebenheiten anzupassen und vor Ort zu validieren, um Relevanz und Vertrauen zu gewährleisten.

Durch die Integration verschiedener Datensätze und die Überbrückung der Kluft zwischen Datenproduzenten, Analysten und Entscheidungsträgern soll die Reaktionsfähigkeit und die Bereitschaft zur Aufklärung im Rahmen zukünftiger Ausbrüche verbessert werden. Dafür sind eine schnellere Erkennung, transparente Modellierung und koordinierte globale Maßnahmen essenziell.

Panel Discussion: What is The Future of Data-driven Public Health? Opportunities and Challenges for Local to Global Health

Im Rahmen des Kolloquiums wurden durch die Fachvorträge verschiedene Aspekte der Nutzung von Daten im öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) beleuchtet. In der abschließenden Podiumsdiskussion, moderiert von Marcel Weigand, standen

nun Fragen mit Blick auf die Bedeutung dieser Entwicklungen für die Zukunft im Mittelpunkt. Julia Fitzner, Marion Koopmans, Ute Rexroth und Sebastian Funk brachten ihre Fachexpertise und persönliche Meinung engagiert ein.

Im ersten Teil wurde diskutiert, wie man die Erfahrungen der vergangenen Pandemie für die Vorbereitung auf zukünftige Pandemien nutzen könnte. Betont wurde dabei die Notwendigkeit und Wichtigkeit von qualitativ hochwertigen Surveillancedaten und einer zielgruppengerechten Bereitstellung der Analysen und Modellierungen u. a. für verschiedene Entscheidungsträger. Es wurde jedoch auch darauf hingewiesen, dass sich die Erkenntnisse aus früheren Pandemien nicht ohne Einschränkungen übertragen lassen, da neue Erreger unterschiedliche epidemiologische Eigenschaften aufweisen können. Diese müssen erst neu gemessen und bewertet werden. Die Zusammenarbeit innerhalb des Gesundheitssystems, insbesondere mit dem klinischen Personal vor Ort ist daher essenziell, um z. B. zeitnah das richtige Probenmaterial zu erhalten. Ebenfalls weiter vertieft werden sollte es, ein Verständnis dafür zu schaffen, dass es sich bei sequenzieller Probennahme um essenzielle Surveillance und nicht nur um Forschung handelt. Gleichzeitig sind in allen Pandemien bestimmte Datenströme und Fragestellungen wie zur Übertragbarkeit und Letalität vorhersehbar. Für diese liegen bereits wertvolle Erfahrungen vor und es lassen sich einsatzbereite Werkzeuge vorab entwickeln. Die kontinuierliche Verbesserung von Modellen und Abläufen bleibt daher ein zentraler Bestandteil der Vorbereitung auf die nächste Pandemie.

Im zweiten Teil wagten die Podiumsteilnehmenden einen kurzen Ausblick auf die Weiterentwicklung der Surveillance in den nächsten zehn Jahren. Hierbei wurde deutlich, dass standardisierte, harmonisierte und digitalisierte Surveillancesysteme eine notwendige Grundlage sind. Gleichzeitig sollte die vorhandene Datendiversität besser genutzt werden, um präzisere Vorhersagen und Entscheidungshilfen zu erzeugen. Auch außerhalb des Gesundheitssystems gibt es vielfältige Datenquellen. Wichtig sei die Einbindung dieser zusätzlichen Informationen, zum Beispiel über die Verfügbarkeit von Ressourcen im ÖGD, mentale Gesundheit, menschliche Verhal-

tensaspekte oder sozioökonomische Faktoren. So könnten verfügte Maßnahmen wirksamer werden und auch eine höhere Akzeptanz erreichen.

Danach standen politische und technologische Einflüsse im Fokus, die die Zukunft der datenbasierten Entscheidungsfindung im Rahmen der öffentlichen Gesundheit beeinflussen könnten. Dabei wurde die zunehmende Diversifizierung und Demokratisierung von Datenquellen, Methoden und Akteurinnen und Akteuren als zentrale Entwicklung prognostiziert. Trotz oder gerade wegen des möglicherweise geringeren Engagements traditioneller internationaler Akteurinnen und Akteure entsteht im Moment viel Dynamik. Neben neuen und innovativen Lösungen bringt diese Entwicklung jedoch auch Herausforderungen mit sich: Eine stärkere Abhängigkeit von kommerziellen Anbietern, größere Komplexität, unübersichtlichere Datenquellen sowie die Tendenz zu nationalen statt globalen Lösungen. Aus diesem Grund bleibt der internationale Datenaustausch und die Zusammenarbeit in internationalen Wissenschaftsgemeinschaften besonders wichtig. Die erweiterten Möglichkeiten der Datenerfassung, -analyse und des Datenaustauschs könnten zudem dazu beitragen, Abläufe im Gesundheitssystem zu beschleunigen und effizienter zu gestalten.

Der abschließende Teil der Diskussion konzentrierte sich darauf, wie das Vertrauen in den öffentlichen Gesundheitsschutz ausgebaut werden kann. Neben der Bedeutung gut funktionierender Bildungssysteme und politisch unabhängiger Wissenschaft wurde vor allem die Kommunikation mit der Öffentlichkeit als zentral hervorgehoben. Dabei sollten alle Beteiligten transparent über Daten, Methoden und die damit verbundenen Unsicherheiten informieren. Es wurde betont, dass die Erläuterung bzw. Übersetzung wissenschaftlicher Ergebnisse und die Einordnung der damit verbundenen Unsicherheiten für Entscheidungsträger und für die Öffentlichkeit besondere fachliche Kompetenzen erfordert. Zudem sollte sich die Wissenschaft verstärkt ihrer eigenen sozioökonomischen Prägungen bewusst sein und unterschiedliche sozioökonomische Hintergründe stärker berücksichtigen. Themen jenseits der klassischen Epidemiologie von Krankheitserregern, etwa die mentale Gesundheit, sollten besser

integriert und durch geeignete Programme messbar gemacht werden. Die transparente Datenbereitstellung und aktive Einbindung der Bevölkerung würden das Vertrauen in das öffentliche Gesundheitswesen nachhaltig fördern.

Insgesamt zeichnete die Diskussion ein Bild von einem Wissenschafts- und Arbeitsfeld, welches sich gerade mit einer hohen Dynamik kontinuierlich weiterentwickelt. Die neuen Datenquellen und Verarbeitungsmöglichkeiten erlauben bereits jetzt schnellere und maßgeschneiderte Antworten während Pandemien. Damit sind jedoch auch zahlreiche wissenschaftliche und vor allem gesellschaftliche Herausforderungen verbunden.

Fazit

- ▶ **Vertrauen ist wichtig:** Daten, Analysen, Entscheidungen und deren Unsicherheiten sollten während der gesamten Prozesse transparent gemacht werden.
- ▶ **Geschwindigkeit ist wichtig:** Selbst unsichere Daten und Analyseergebnisse sollten in geeigneter Weise so schnell wie möglich an die Entscheidungsträger kommuniziert werden, mit Hinweis auf Unsicherheiten.
- ▶ **Die Weiterbildung von medizinischem Personal ist wichtig:** Sie müssen stärker in die Nutzung und Interpretation von Gesundheitsdaten einbezogen und geschult werden.

- ▶ **Preparedness ist wichtig:** Zur Vorbereitung auf die nächste Pandemie sollten bereits jetzt definierte Analyse- und Modellierungstools entwickelt und bereitgestellt werden.
- ▶ **Datenvielfalt ist wichtig:** Zoonotische Übertragungen, biogeografische Faktoren, menschliche Verhaltensaspekte, sozioökonomische Faktoren und psychische Gesundheit sollten intensiver berücksichtigt werden.
- ▶ **Demokratisierung ist wichtig:** Multilateralismus, lokale Initiativen und Citizen Science sind entscheidend für globale Gesundheitsmaßnahmen. Think globally, act locally.
- ▶ **Datenoffenheit ist wichtig:** Nationale Datensilos sollten vermieden und möglichst die vielen öffentlich verfügbaren Datensätze in Analysen einbezogen werden.

Die Vorträge und die Podiumsdiskussion wurden aufgezeichnet und sind auf dem YouTube-Kanal des RKI verfügbar: <https://www.youtube.com/@RobertKoch-Institut>. Die Folien der Vortragenden können auf folgender Website heruntergeladen werden: <https://www.rki.de/rkc>.

Es ist geplant, das Robert-Koch-Kolloquium 2026 wieder zu einem aktuellen Thema aus dem Bereich der öffentlichen Gesundheit zu veranstalten.

Literatur

- 1 Ministry of Industry, Business and Financial Affairs, Strategy for life science towards 2030. November 2025. Available from: https://www.eng.em.dk/Media/638809934299361599/Strategy%20for%20life%20science_ENG_2025.04.10_opt-a.pdf.
- 2 Oderkirk, J., Survey results: National health data infrastructure and governance. OECD Publishing: Paris. 2021. DOI: 10.1787/55d24b5d-en.
- 3 Chiolero, A. and D. Buckeridge, Glossary for public health surveillance in the age of data science. J Epidemiol Community Health, 2020. 74(7): p. 612-616 DOI: 10.1136/jech-2018-211654.
- 4 Manz K, Krug S, Kühnelt C, et al. Consumer Wearable Usage to Collect Health Data Among Adults Living in Germany: Nationwide Observational Survey Study. JMIR Mhealth Uhealth 2025;13:e59199. doi: 10.2196/59199. https://mhealth.jmir.org/2025/1/e59199/?fbclid=PAZXh0bgNhZW0CMTEAAeaceKAC80bM-zFPbA9jpkIT-wmg9602dGYWWGbk8d26xCsd5tUc-d4831EeRdCQ_aem_B28z5XIn-G8orre-h0ju0A.
- 5 Sherratt, K., et al., Predictive performance of multi-model ensemble forecasts of COVID-19 across European nations. Elife, 2023. 12 DOI: 10.7554/eLife.81916.

- 6 Sherratt, K., et al., The influence of model structure and geographic specificity on predictive accuracy among European COVID-19 forecasts. medRxiv, 2025: p. 2025.04.10.25325611 DOI: 10.1101/2025.04.10.25325611.
- 7 Whitty, C.J., What makes an academic paper useful for health policy? BMC Med, 2015. 13: p. 301 DOI: 10.1186/s12916-015-0544-8.
- 8 Hellewell, J., et al., Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts. Lancet Glob Health, 2020. 8(4): p. e488-e496 DOI: 10.1016/S2214-109X(20)30074-7.
- 9 Rao, D., et al., The utility of infectious disease modelling in informing policy for outbreak response: a scoping review. medRxiv, 2025: p. 2025.03.04.25323088 DOI: 10.1101/2025.03.04.25323088.
- 10 Gremy, F., Human meaning of medical informatics: reflections on its future and trends. Med Inform (Lond), 1989. 14(1): p. 1-11 DOI: 10.3109/14639238909010875.
- 11 Kraemer, M.U.G., et al., Artificial intelligence for modelling infectious disease epidemics. Nature, 2025. 638(8051): p. 623-635 DOI: 10.1038/s41586-024-08564-w.
- 12 Moritz, M., E. Topol, and P. Rajpurkar, Coordinated AI agents for advancing healthcare. Nat Biomed Eng, 2025. 9(4): p. 432-438 DOI: 10.1038/s41551-025-01363-2.
- 13 Asnicar, F., et al., Machine learning for microbiologists. Nat Rev Microbiol, 2024. 22(4): p. 191-205 DOI: 10.1038/s41579-023-00984-1.
- 14 Thomas, J., E. Fleming, and A. Noel-Storr. Responsible AI in Evidence Synthesis (RAISE): guidance and recommendations. Available from: <https://osf.io/fwaud/>.
- 15 Van Reeth, K., The post-2009 influenza pandemic era: time to revisit antibody immunodominance. J Clin Invest, 2018. 128(11): p. 4751-4754 DOI: 10.1172/JCI124151.
- 16 Bellido-Martin, B., et al., Evolution, spread and impact of highly pathogenic H5 avian influenza A viruses. Nat Rev Microbiol, 2025 DOI: 10.1038/s41579-025-01189-4.
- 17 Horigan, V., et al., Assessing the quality of data for drivers of disease emergence. Rev Sci Tech, 2023. 42: p. 90-102 DOI: 10.20506/rst.42.3352.

Autorinnen und Autoren

^{a)} Dr. Franziska Layer-Nicolaou | ^{b)} Dr. Morgane Even | ^{c)} Dr. Fabian Horn | ^{d)} Dr. Madis Rummig | ^{e)} Dr. Frank Sandmann | ^{f)} Dr. Hussein Al-Shehabi | ^{g)} Dr. Lei Mao

^{a)} Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten, FG 13 Nosokomiale Infektionserreger und Antibiotikaresistenzen

^{b)} Robert Koch-Institut, Forschungskoordination

^{c)} Robert Koch-Institut, ZBS Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene, ZBS 6 Proteomik und Spektroskopie

^{d)} Robert Koch-Institut, MFI Methodenentwicklung, Forschungsinfrastruktur und Informationstechnologie, MF 2 Fachdaten-Kompetenzzentrum

^{e)} Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie, FG 33 Impfprävention/STIKO

^{f)} Robert Koch-Institut, ZIG Zentrum für Internationalen Gesundheitsschutz, ZIG 2 Evidenzbasierte Public Health

^{g)} Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie, FG 36 Respiratorisch übertragbare Erkrankungen

Korrespondenz: layerf@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autorinnen und Autoren gehörten dem Organisationskomitee an.

Vorgeschlagene Zitierweise

Layer-Nicolaou F, Even M, Horn F, Rummig M, Sandmann F, Al-Shehabi H, Mao L: Bericht zum Robert Koch Colloquium 2025 – „Empowering Public Health: From Data to Global Health“

Epid Bull 2025;25:3-11 | 10.25646/13199

Danksagung

Die Autorinnen und Autoren bedanken sich für die Unterstützung durch Sabrina Storbeck (RKI) sowie für die Mitgestaltung des Programms bei Dr. Sandra Bütow (RKI).

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Salmonella Infantis-Ausbruch bei Säuglingen und Kleinkindern verursacht durch kontaminiertes Cashewmus Himbeere

Eine erfolgreiche Ausbruchsaufklärung durch das Zusammenspiel von klassischer Infektionsepidemiologie und Integrierter Genomischer Surveillance

Salmonellen stellen in Europa nach wie vor einen der häufigsten bakteriellen Krankheitserreger für Magen-Darm-Erkrankungen beim Menschen dar. Übertragen werden die Bakterien dabei hauptsächlich über verunreinigte Lebensmittel.¹ Bei kleinen Kindern, älteren und immunsupprimierten Menschen besteht die Gefahr eines schweren Krankheitsverlaufs.^{2,3}

Das Robert Koch-Institut (RKI) konnte einen Krankheitsausbruch unter Säuglingen und Kleinkindern aufdecken, der durch *Salmonella (S.) enterica* Sero- var *Infantis* verursacht wurde. Mit Datenstand vom 16.6.2025 zählte das RKI in Deutschland insgesamt 85 Erkrankungsfälle zum Ausbruch, hauptsächlich Kinder (84 Erkrankungsfälle bei Kindern zwischen 0 und 4 Jahren und ein Erkrankungsfall bei einer 30-jährigen Frau). Mädchen und Jungen waren in etwa gleich betroffen (40 Jungen und 44 Mädchen). Die meisten Kinder waren erst ein Jahr alt oder jünger (68/84; 81%). Die Erkrankungsfälle traten bundesweit auf (s. Abb. 1), wobei die meisten Erkrankungen im April und Mai 2025 begannen (s. Abb. 2). Ein Großteil der Kinder erkrankte so schwer, dass sie aufgrund der Salmonellose im Krankenhaus behandelt werden mussten (35/61 Erkrankungsfällen mit vollständigen Angaben zum Krankenhausaufenthalt; 57%). Bei vier Kindern wurde als Komplikation eine Sepsis diagnostiziert und an das RKI übermittelt; bei neun weiteren Kindern wurden die Salmonellen im Blut nachgewiesen, was ebenfalls auf eine Sepsis hindeuten kann. Todesfälle in Zusammenhang mit diesem Ausbruch sind dem RKI mit Stand 16.6.2025 nicht bekannt geworden.

Entdeckt wurde der Ausbruch durch vermehrte *Salmonella*-Einsendungen von Säuglingen und Kleinkindern, die am Nationalen Referenzzentrum

(NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger am RKI als *S. Infantis* typisiert wurden. Über die Integrierte Genomische Surveillance (IGS) wurde eine hohe genetische Ähnlichkeit der Bakterienisolate festgestellt. Bei der IGS wird eine Ganzgenomsequenzierung durchgeführt und das sogenannte Kerngenom der Bakterienisolate miteinander verglichen. Je höher die Übereinstimmung, umso größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass

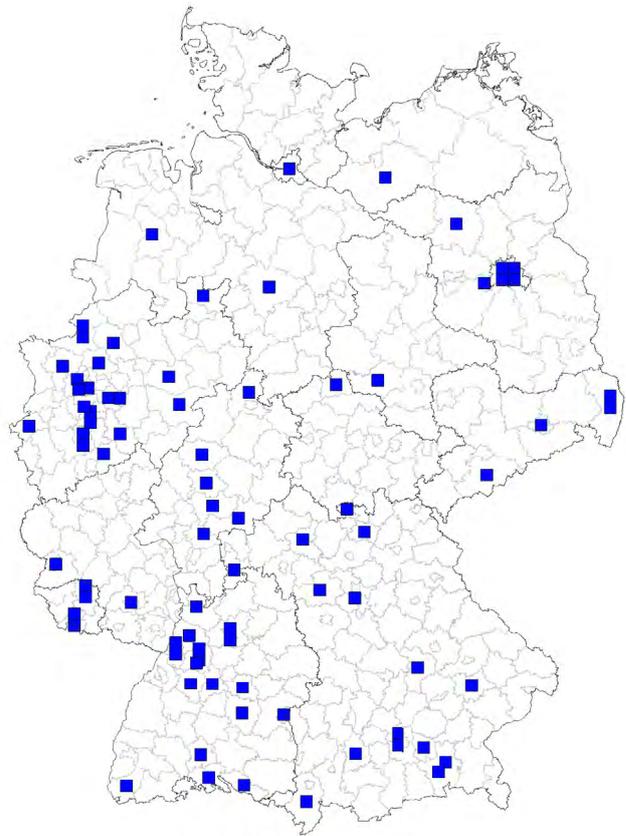
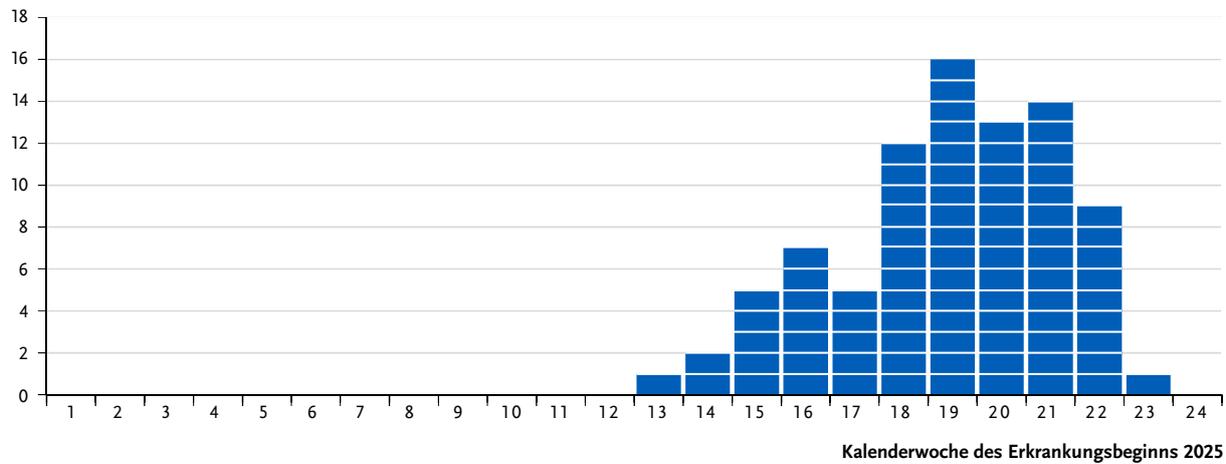


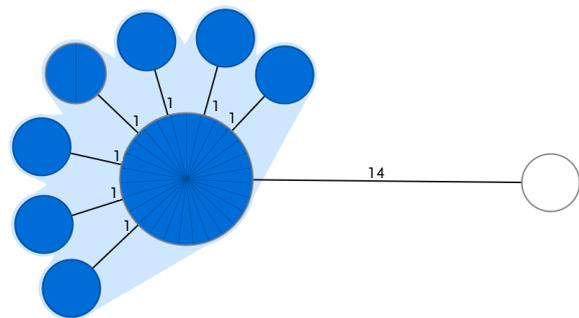
Abb. 1 | Anzahl der Ausbruchsfälle (blaue Kästchen) pro Land- bzw. Stadtkreis in Deutschland; Datenstand 16.6.2025.

Anzahl Fälle

**Abb. 2** | Anzahl der Ausbruchsfälle nach Woche des Erkrankungsbeginns in Deutschland; Datenstand 16.6.2025.

die Bakterienisolate zu einem Ausbruch gehören und sich die zugeordneten Erkrankungsfälle auf eine gemeinsame Ansteckungsquelle zurückführen lassen. Dargestellt werden die Ergebnisse der Genomanalyse z. B. in einem Minimum Spanning Tree (MST) (s. Abb. 3). Die Sequenzdaten eines Isolates des Ausbruchclusters wurden vom RKI auf internationalen Kommunikationsplattformen bereitgestellt, um zu ermitteln, ob auch in anderen Ländern entsprechende Erkrankungsfälle aufgetreten sind. So wurde bekannt, dass in weiteren europäischen Ländern Erkrankungsfälle, hauptsächlich bei Kleinkindern bis vier Jahre, aufgetreten waren, die mit dem Geschehen in Deutschland in Zusammenhang stehen (Österreich: 13, Luxemburg: 2 und Tschechien: 1). Die Sequenzdaten der Erregerisolate aus Österreich und Luxemburg wiesen eine große Ähnlichkeit zu denen aus Deutschland auf. Das Isolat aus Tschechien wird zurzeit sequenziert.

In Zusammenarbeit mit dem Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) konnten Epidemiologinnen des RKI Eltern von 28 erkrankten Kindern (Datenstand: 16.6.2025) dazu befragen, welche Lebensmittel die Kinder in den Tagen vor dem Erkrankungsbeginn verzehrt hatten. Abgefragt wurden auch weitere mögliche Ansteckungsursachen, wie zum Beispiel der Kontakt zu Tieren oder erkrankten Menschen. Relativ schnell fiel auf, dass in allen Haushalten ein bestimmtes Cashewmus (Cashewmus Himbeere) einer Drogeriehandelskette verwendet wurde. Nahe-

**Abb. 3** | Minimum Spanning Tree

in blau: Isolatsequenzen mit Zugehörigkeit zum Ausbruchcluster NGS_SAL_Infantis_003 in Deutschland, in weiß: nächst verwandte Isolatsequenz, die nicht zum Ausbruchcluster zählt; die Zahlen stehen für die Alleldifferenzen; Datenstand 16.6.2025.

zu alle Befragten (27/28) waren sich sicher, dass ihr Kind genau dieses Produkt vor dem Erkrankungsbeginn verzehrt hatte, meist in den Brei oder unter das Müsli gemischt. Andere Produkte waren in den Befragungen nicht auffällig. Ähnliche Produkte der gleichen Drogeriehandelskette wurden zwar auch genannt, z. B. Cashewmus ohne Himbeeren oder Mandelmus, aber von deutlich weniger Befragten. Ein Teil der Befragten konnte über digitale Einkaufsbelege genau nachvollziehen, wann und wo sie das Cashewmus Himbeere gekauft hatten. Da das Produkt eine lange Mindesthaltbarkeit hat, waren in einigen Haushalten zum Zeitpunkt der Befragung noch angebrochene Gläser vom Cashewmus Himbeere vorhanden. Diese konnten dann

durch die Gesundheitsämter bzw. die Lebensmittelüberwachung sichergestellt und bei den zuständigen Veterinärbehörden untersucht werden, wobei mehrere Proben positiv auf *S. Infantis* getestet wurden. Auch in mehreren ungeöffneten Gläsern, die nach amtlichen Probennahmen untersucht wurden, konnte *S. Infantis* nachgewiesen werden. Eine Genomsequenzierung der Salmonellenisolate aus den Lebensmitteln zeigte, dass die Salmonellen eine hohe genetische Ähnlichkeit zu den Isolaten von den Erkrankungsfällen aufwiesen. Das verdächtige Cashewmus Himbeere wurde ab dem 26.5.2025 öffentlich zurückgerufen und Verbraucherinnen und Verbraucher wurden vor einem Verzehr des Produktes gewarnt (www.lebensmittelwarnung.de). Die Lebensmittelüberwachungsbehörden ermitteln derzeit, an welcher Stelle der Produktion der Eintrag der Salmonellen stattgefunden haben kann. Das Produkt wurde nicht nur in Deutschland, sondern auch in anderen europäischen Ländern, inklusive Österreich, vertrieben. Auch dort gab es einen öffentlichen Produktrückruf und noch nicht ausgelieferte Chargen des Produkts wurden gesperrt.

Bei diesem Ausbruch waren bisher vor allem Kinder betroffen, es können aber auch Erwachsene erkranken, wenn sie dieses Produkt verzehrt haben. Es ist davon auszugehen, dass mehr Erkrankungsfälle aufgetreten sind als die, die dem RKI übermittelt wurden (Untererfassung), denn es werden nicht alle Salmonellen mittels IGS untersucht oder einer Serovar-Bestimmung unterzogen. Außerdem haben sich leichter erkrankte Personen möglicherweise nicht in ärztliche Behandlung begeben, oder es wurden von den Erkrankten keine Stuhlproben untersucht. Da das Produkt eine lange Haltbarkeit von mehreren Monaten aufweist, ist es möglich, dass auch nach dem Rückruf noch vereinzelt Erkrankungsfälle auftreten, wenn sich das Produkt noch in Haushalten befindet und weiter verzehrt wird. Das RKI wird dies weiter beobachten. Die klassische Surveillance von Infektionskrankheiten kombiniert mit einer vertieften Erregeranalyse ermöglicht dabei eine spezifische Überwachung des Geschehens und somit eine schnelle Reaktionsfähigkeit, falls weitere Erkrankungsfälle auftreten.

Auch das für diesen Ausbruch ursächliche Lebensmittel, das sogenannte Infektionsvehikel, konnte

dank des Zusammenspiels von klassischer Infektionsepidemiologie und der IGS schnell ermittelt werden. Über den Vergleich von Bakterienisolaten von Erkrankten und dem Lebensmittel, das aufgrund der Befragungen in Verdacht geraten war, konnte ein wahrscheinlicher Zusammenhang der Erkrankungen mit dem Lebensmittel hergestellt werden. Gezielte Maßnahmen, wie der Produktrückruf, öffentliche Warnungen und die Sperrung von noch nicht ausgelieferten Chargen, haben sehr wahrscheinlich weitere Erkrankungsfälle bei Kindern und Erwachsenen verhindert, die bei einem solchen Produkt mit monatelanger Haltbarkeit ansonsten aufgetreten wären.

Für eine zeitnahe Ausbruchsdetektion ist die Gewinnung von Bakterienisolaten sowie deren Weiterleitung zur Feintypisierung/Genomsequenzierung (z. B. an das NRZ) von außerordentlicher Bedeutung. Entscheidend für die zügige Implementierung von geeigneten Maßnahmen ist zudem die enge und konstruktive Zusammenarbeit zwischen den Behörden für den Infektionsschutz und den Behörden für die Lebensmittelüberwachung und den Verbraucherschutz. Das RKI möchte sich auf diesem Weg bei allen Stammeinsendern, den mitwirkenden Behörden und besonders auch bei allen Eltern von erkrankten Kindern bedanken, die sich für eine Befragung zur Verfügung gestellt haben. Ohne die Mithilfe der engagierten Eltern hätte das Ausbruchsgeschehen nicht so schnell aufgeklärt werden können.

Literatur

- 1 The European Union One Health 2023 Zoonoses report
- 2 Brinkwirth S., Dörre A., Stark K. et al. The changing landscape of nontyphoidal salmonellosis: epidemiological patterns, imported cases and serovar distribution in Germany from 2012 to 2023. *BMC Infect Dis.* 2025 Apr 10;25(1):497. DOI: 10.1186/s12879-025-10907-5.
- 3 Acheson D., Hohmann, E. L. Nontyphoidal Salmonellosis. *Clinical Infectious Diseases*, Volume 32, Issue 2, 15 January 2001, pages 263–269. DsOI: 10.1086/318457.

Autorinnen und Autoren

Robert Koch-Institut

Korrespondenz: FG35@rki.de;
NRZ-SALM-FG11@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut: Salmonella Infantis-Ausbruch bei Säuglingen und Kleinkindern verursacht durch kontaminiertes Cashewmus Himbeere

Epid Bull 2025;25:12-15 | 10.25646/13200

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

24. Woche 2025 (Datenstand: 18. Juni 2025)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.
Baden-Württemberg	36	1.349	1.500	11	346	411	5	148	93	21	4.438	2.844	39	1.411	855
Bayern	95	2.084	2.208	19	557	573	10	202	112	63	6.631	6.759	73	2.883	1.528
Berlin	31	744	753	2	149	208	1	93	45	16	2.138	2.959	30	1.280	895
Brandenburg	36	597	585	3	121	174	3	65	46	20	2.513	3.104	36	2.008	1.036
Bremen	5	153	121	0	14	20	0	25	5	4	348	210	4	116	65
Hamburg	2	429	426	0	77	94	0	53	13	3	1.172	1.373	14	599	393
Hessen	36	1.078	1.190	8	301	275	7	213	107	18	3.613	2.287	30	1.458	894
Mecklenburg-Vorpommern	29	448	417	5	78	126	0	78	47	27	1.594	1.558	66	1.092	377
Niedersachsen	54	1.456	1.614	14	273	433	9	260	243	52	4.687	3.949	76	3.322	961
Nordrhein-Westfalen	149	4.086	4.197	25	649	749	17	428	419	107	12.171	10.193	116	4.659	2.491
Rheinland-Pfalz	53	985	1.071	12	216	200	3	98	62	44	3.217	2.122	63	1.524	577
Saarland	9	262	260	1	48	41	0	38	6	6	797	487	12	673	149
Sachsen	66	1.144	1.364	6	252	292	5	115	124	58	4.984	5.193	78	2.020	1.407
Sachsen-Anhalt	21	538	507	6	161	173	0	64	59	41	2.690	2.816	24	1.847	456
Schleswig-Holstein	17	535	582	3	86	96	4	88	67	24	1.535	1.611	14	607	405
Thüringen	30	529	603	15	277	341	4	81	38	30	2.541	2.548	37	1.545	1.148
Deutschland	669	16.417	17.398	130	3.605	4.206	68	2.049	1.486	534	55.069	50.013	712	27.044	13.637

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.
Baden-Württemberg	3	57	41	30	1.008	1.237	14	512	579	5	256	297	17	33.218	23.673
Bayern	2	86	39	40	1.633	1.979	16	697	768	8	259	291	19	71.638	45.366
Berlin	0	22	30	25	707	675	9	234	248	2	131	151	11	15.360	5.711
Brandenburg	0	16	20	3	136	206	2	77	77	1	33	55	4	18.092	6.968
Bremen	0	5	2	2	154	175	4	50	84	2	31	33	1	1.187	774
Hamburg	0	13	21	13	658	594	3	130	175	0	77	101	22	9.785	3.936
Hessen	2	40	34	10	640	903	11	269	335	5	206	249	9	20.737	11.608
Mecklenburg-Vorpommern	0	8	7	3	73	134	3	42	80	0	27	23	3	13.265	6.502
Niedersachsen	3	65	36	33	863	1.041	19	359	428	5	132	119	4	28.418	12.337
Nordrhein-Westfalen	5	94	115	77	2.090	2.533	31	929	1.093	13	418	434	25	63.579	28.587
Rheinland-Pfalz	0	23	17	11	519	756	3	161	176	1	89	86	3	16.779	10.136
Saarland	0	8	6	3	118	169	3	72	90	2	21	30	1	3.201	1.571
Sachsen	2	20	13	7	197	235	4	101	125	3	69	74	16	43.041	20.346
Sachsen-Anhalt	0	7	6	4	186	180	0	65	74	1	40	46	13	25.978	12.029
Schleswig-Holstein	0	13	13	10	267	324	8	153	212	1	44	47	1	10.603	4.339
Thüringen	0	13	13	2	95	113	1	66	55	1	37	44	0	17.739	8.321
Deutschland	17	490	413	273	9.344	11.254	131	3.917	4.599	50	1.870	2.080	149	392.620	202.204

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.
Baden-Württemberg	0	15	15	0	8	23	0	0	1	8	437	1.725	36	1.881	1.673
Bayern	5	38	30	0	39	38	0	0	4	8	721	1.670	65	3.461	2.301
Berlin	0	9	85	1	9	13	0	0	1	4	122	254	24	650	652
Brandenburg	0	3	4	0	5	2	0	0	0	3	162	489	13	409	318
Bremen	0	1	2	0	2	4	0	0	0	0	17	23	2	51	93
Hamburg	0	3	13	0	5	7	0	0	1	3	82	146	19	371	250
Hessen	0	18	13	2	14	22	0	1	0	1	253	279	20	479	490
Mecklenburg-Vorpommern	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	89	40	3	114	136
Niedersachsen	0	14	14	1	18	14	0	0	0	1	249	391	25	683	628
Nordrhein-Westfalen	1	39	79	2	45	61	0	1	1	10	577	1.260	87	2.022	1.730
Rheinland-Pfalz	0	7	5	0	6	14	0	0	1	2	205	288	13	452	314
Saarland	0	1	7	0	1	0	0	0	0	3	100	94	0	68	57
Sachsen	0	8	14	1	11	6	0	0	0	9	322	448	33	1.162	1.160
Sachsen-Anhalt	2	3	1	0	1	3	0	0	0	5	406	250	8	96	103
Schleswig-Holstein	0	0	3	1	5	12	0	0	0	2	82	200	12	294	243
Thüringen	0	1	3	0	2	4	0	0	0	5	338	490	4	209	190
Deutschland	8	161	288	8	171	223	0	2	9	65	4.162	8.047	364	12.402	10.338

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

	<i>Acinetobacter</i> ¹			Enterobacterales ¹			<i>Clostridioides difficile</i> ²			MRSA ³			COVID-19 ⁴		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.	24.	1.–24.	1.–24.
Baden-Württemberg	0	39	38	16	539	456	3	46	45	0	56	41	48	3.074	7.149
Bayern	0	40	49	18	545	592	0	125	97	0	58	58	107	5.163	14.226
Berlin	0	31	50	10	351	300	1	21	27	1	27	46	39	1.919	2.181
Brandenburg	0	3	7	0	94	97	0	46	45	0	15	13	18	1.362	1.552
Bremen	0	1	1	0	16	14	1	9	3	0	0	3	3	165	396
Hamburg	0	11	7	9	224	178	0	16	16	0	27	22	18	924	1.568
Hessen	1	24	28	11	516	532	0	49	56	1	45	61	50	2.399	5.419
Mecklenburg-Vorpommern	0	5	5	0	55	79	0	24	10	0	13	8	14	1.116	1.646
Niedersachsen	0	18	33	16	353	365	1	80	83	2	47	55	37	2.199	4.842
Nordrhein-Westfalen	3	71	66	34	1.160	927	12	292	248	6	141	149	131	6.776	14.732
Rheinland-Pfalz	0	9	7	3	225	181	1	50	34	1	18	10	28	1.629	3.625
Saarland	0	6	2	0	33	20	1	8	8	0	4	11	4	503	1.096
Sachsen	0	3	13	3	145	106	1	158	130	1	23	33	33	2.722	3.760
Sachsen-Anhalt	0	2	5	2	87	89	0	36	40	2	26	22	14	1.375	1.940
Schleswig-Holstein	0	9	11	2	120	113	1	28	21	0	11	11	28	1.270	2.120
Thüringen	0	6	8	3	77	58	1	24	29	0	19	15	14	899	1.721
Deutschland	4	278	330	127	4.540	4.107	23	1.012	892	14	530	558	586	33.495	67.973

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	2025		2024
	24.	1.–24.	1.–24.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	122	191
Bornavirus-Erkrankung	0	1	3
Botulismus	1	4	4
Brucellose	0	20	28
<i>Candida auris</i> , invasive Infektion	1	6	6
Chikungunyavirus-Erkrankung	2	61	19
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	46	54
Denguefieber	6	489	1.106
Diphtherie	0	18	29
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	17	112	168
Giardiasis	32	1.292	1.285
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	20	925	977
Hantavirus-Erkrankung	6	125	217
Hepatitis D	0	8	61
Hepatitis E	77	2.556	2.263
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	1	21	17
Kryptosporidiose	16	736	828
Legionellose	39	800	833
Lepra	0	0	0
Leptospirose	0	74	103
Listeriose	9	253	293
Malaria	24	355	342
Meningokokken, invasive Infektion	0	172	180
Mpox	4	289	46
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	0	3	5
Ornithose	0	7	25
Paratyphus	0	11	25
Pneumokokken, invasive Infektion	157	6.872	5.036
Q-Fieber	0	37	47
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	111	64.915	42.114
Shigellose	30	1.018	784
Trichinellose	0	0	2
Tularämie	0	44	59
Typhus abdominalis	0	36	30
West-Nil-Fieber	0	2	2
Yersiniose	45	1.724	1.556
Zikavirus-Erkrankung	0	4	25

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).