

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

**35
2025**

28. August 2025

Epidemiologisches Bulletin

**Virologische Surveillance
akuter Atemwegserkrankungen**

Inhalt

Virologische Analysen im NRZI während der Influenzasaison 2024/2025

4

Die virologische Sentinelsurveillance im NRZI basiert auf der Untersuchung von Patientenproben aus ausgewählten Praxen und Kliniken und ermöglicht es, respiratorische Erkrankungen ihren Erregern zuzuordnen und deren Zirkulationsmuster zu erkennen. Analysiert wurden die Zirkulation sowie die genetische Komposition, Antigenität und mögliche Resistenzen ausgewählter respiratorischer Viren während der Influenzasaison 2024/2025.

Virological analyses at the NRZI during the 2024/2025 influenza season

The virological sentinel surveillance at the NRZI is based on the examination of patient samples from selected practices and clinics and it enables the identification of respiratory diseases based on their pathogens and their circulation patterns. The circulation, genetic composition, antigenicity, and potential resistance of selected respiratory viruses were analyzed during the 2024/2025 influenza season.

(Article in German)

Symptomprofile, Erkrankungsraten und Sequenzierung der häufigsten Atemwegserreger auf Bevölkerungsebene

14

GrippeWeb ist ein webbasiertes, partizipatives Surveillancesystem, bei dem Symptome akuter Atemwegserkrankungen gemeldet werden können. Seit 2020 gibt es als Ergänzung zu GrippeWeb mit GrippeWeb-Plus eine vergleichbare virologisch-mikrobiologische Surveillance von Atemwegserkrankungen auf Bevölkerungsebene. Im Epidemiologischen Bulletin 35/2025 werden 2.082 Proben ausgewertet, die im Zeitraum von Oktober 2023 bis April 2025 von GrippeWeb-Plus-Teilnehmenden eingesendet wurden.

Symptom profiles, disease rates, and sequencing of the most common respiratory pathogens in the population

GrippeWeb is a web-based, participatory surveillance system where symptoms of acute respiratory diseases can be reported. Since 2020, GrippeWeb has been complemented by GrippeWeb-Plus, a comparable virological-microbiological surveillance of respiratory diseases at the population level. This article evaluates 2,082 samples submitted by GrippeWeb-Plus participants between October 2023 and April 2025.

(Article in German)

Virologische ARE- und SARI-Surveillance – Zirkulation von Atemwegsviren in der Saison 2024/25

30

An der virologischen ARE-Surveillance beteiligen sich derzeit 125 ambulante ärztliche Praxen, die virologische SARI-Surveillance umfasst aktuell 15 Krankenhäuser. Auch in der Saison 2024/25 lieferten sowohl die virologische ARE- als auch die SARI-Surveillance erneut umfassende Daten zum Erregerspektrum akuter Atemwegserkrankungen im ambulanten und stationären Bereich.

Virological ARE and SARI Surveillance – Circulation of Respiratory Viruses in the 2024/25 Season

Currently, 125 outpatient medical practices are participating in the virological ARE surveillance, and 15 hospitals are participating in the virological SARI surveillance. In the 2024/25 season, both the ARE and SARI surveillance again provided comprehensive data on the pathogen spectrum of acute respiratory diseases in outpatient and inpatient settings.

(Article in German)

Impressum

Herausgeber

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

Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat
(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



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

Virologische Analysen im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren während der Influenzasaison 2024/2025

Einleitung

Die virologische Sentinelsurveillance im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren (NRZI) wurde seit ihrer Etablierung vor 30 Jahren immer wieder erweitert (sowohl in Bezug auf die Probenzahlen als auch auf die untersuchten Erreger) und entspricht den Empfehlungen der internationalen Gesundheitsbehörden wie dem Europäischen Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) und der Weltgesundheitsorganisation (WHO).^{1,2} Sie basiert auf der Untersuchung von Patientenproben aus ausgewählten Praxen und Kliniken und ermöglicht es, respiratorische Erkrankungen ihren Erregern zuzuordnen und deren Zirkulationsmuster zu erkennen.

Respiratorische Viren zirkulieren ganzjährig in der Bevölkerung, wobei es jedoch in Bezug auf Virenspezies und Intensität der Viruszirkulation deutliche Unterschiede gibt. Während Humane Rhinoviren (HRV) ganzjährig zirkulieren, zeigen die meisten anderen respiratorischen Viren eine verstärkte Aktivität vom Herbst bis zum Frühjahr. Die stärkste Viruszirkulation entfalten nach wie vor Influenzaviren mit einem hohen Anteil positiver Proben pro Woche (Positivenrate) während der Influenzasaison, die üblicherweise Mitte des Winters ihren Höhepunkt erreicht. Bei dem Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2) bleibt abzuwarten, ob sich ein bestimmtes Zirkulationsmuster etablieren wird, jedoch entwickelte sich 2024 zum zweiten Mal in Folge eine langgestreckte Herbst-Sommer-Zirkulation mit Positivenraten um 20 %. Bei den Respiratorischen Synzytialviren (RSV) waren die Nachweisraten in der Saison 2024/25 geringer als in den drei vorangegangenen Saisons.

Die Zirkulationsmuster der Viren werden durch die Immunitätslage in der Bevölkerung beeinflusst sowie durch jahreszeitliche Faktoren, die auf die Immunabwehr einwirken. Die Immunitätslage hat auch Einfluss auf die Virusevolution. Da viele respi-

ratorische Viren als Krankheitserreger die Gesundheitslage in der Bevölkerung beeinflussen, hat ihre Überwachung eine große Bedeutung. Dabei ist es wichtig, nicht nur ihre Häufigkeit zu erfassen, sondern auch zu analysieren, wie sich die Viren in Bezug auf ihre genetische Komposition, ihre Antigenität und mögliche Resistenzen verändern, was Schlussfolgerungen zur Immunprophylaxe und antiviralen Therapie erlaubt. Die virologischen Analysen dienen somit der weiteren Charakterisierung der zirkulierenden Viren, wobei in diesem Artikel folgende Schwerpunkte abgehandelt werden: die genetische Analyse, die antigene Analyse und die Resistenzprüfung von Influenzaviren sowie die genetische Analyse von RSV.

Methoden

Probenumfang und Untersuchungen

Die Untersuchungen erfolgten mit Echtzeit-Polymerase-Kettenreaktion (qPCR oder One-step RT-qPCR) auf folgende Erreger: Influenzavirus A [Subtypen A(H1N1)pdm09, A(H3N2), in Auftragsuntersuchungen auch A(H5N1)], Influenzavirus B (Yamagata- und Victoria-Linie), Influenzavirus C, SARS-CoV-2, endemische Coronaviren (HKU1, NL63, OC43, 229E), Parainfluenzaviren (PIV) 1-4, RSV, Humane Metapneumoviren (HMPV), HRV und Adenoviren.³

Ausgewählte Influenza-positive Proben wurden mit Next Generation Sequencing (NGS) sequenziert, bezüglich der Passgenauigkeit der Impfstämme mittels Hämagglutinations-(HA-)Hemmtest charakterisiert und auf ihre Empfindlichkeit gegenüber antiviralen Wirkstoffen untersucht.⁴⁻⁷

Eine Auswahl an RSV-positiven Proben wurden mit der qPCR in die RSV-Gruppen A und B typisiert und mit NGS sequenziert.⁸

Ergebnisse und Diskussion

Zirkulation respiratorischer Viren in der Bevölkerung

Von Kalenderwoche (KW) 36/2024 bis KW 20/2025 wurden insgesamt 7.638 Proben untersucht, davon 5.786 aus dem Sentinel im ambulanten Bereich (ARE-Sentinel, ARE = akute respiratorische Erkrankungen), 1.658 Proben aus dem stationären Bereich (SARI-Sentinel, SARI = schwere akute respiratorische Infektionen) und 156 Proben aus Auftragsuntersuchungen (NRZI-Aufträge zu Typisierungen und der Untersuchung schwerer Fälle) sowie 38 Proben aus der Untersuchung zoonotischer Fragestellungen.

In Bezug auf die kumulativen Nachweisraten von Influenza-A- und -B-Viren war die Grippewelle 2024/25 die zweitstärkste nach 2017/18. Über sieben aufeinanderfolgende Wochen lagen die kumulativen Positivenraten über 50 %.⁹ Die Grippewelle 2024/25 war durch eine weitgehend parallele Zirkulation von A(H1N1)pdm09- und B/Victoria-Viren bei schwacher Zirkulation von A(H3N2)-Viren gekennzeichnet, wobei der Gipfel der A(H1N1)pdm09-Zirkulation dem der B/Victoria-Zirkulation vorausging.¹⁰ Die A(H1N1)pdm09-Positivenraten auf dem Höhepunkt der Viruszirkulation 2024/25 waren in etwa nur halb so hoch wie während des Peaks der vorhergehenden Saison 2023/24, während die B/Victoria-Viren die bisher stärkste B-Welle in der Sentinelüberwachung des NRZI seit der starken B/Yamagata-Welle von 2017/18 verursacht haben. Die Grippewelle dauerte 16 Wochen (KW 51/2024 bis KW 14/2025), die RSV-Welle 13 Wochen (KW 3/2025 bis KW 15/2025).¹⁰

Dieses Zirkulationsmuster lässt sich aus der Immunitätslage der Bevölkerung der vorhergehenden Saisons erklären, die der Coronavirus Disease 2019- (COVID-19-) Pandemie folgten.⁹ Die Saison 2024/25 war die dritte Influenzasaison nach Aufhebung der Maßnahmen zur Reduzierung der Virustransmission während der COVID-19-Pandemie und die erste Saison, in welcher sich das Zirkulationsmuster der sonst für Influenzaviren üblichen Aktivität mit stärkerer Zirkulation Mitte Januar bis Ende März angepasst hatte.

SARS-CoV-2 zeigte wie im Vorjahr eine längere Zirkulation in der zweiten Jahreshälfte 2024 mit Positivenraten von bis zu 20 %, die einen Monat früher begann als im Jahr 2023 und einen Monat früher endete. Bei den endemischen Coronaviren zirkulierten NL63 und OC43 mit niedrigen Positivenraten (um 10 % und darunter) im Herbst und Winter, wobei die NL63-Zirkulation früher endete als die von OC43.⁹ Die RSV-Welle war weniger ausgeprägt als in den Vorjahren. Bei den weiteren respiratorischen Viren waren keine ungewöhnlichen Zirkulationsmuster erkennbar.⁹

Molekulare Analyse von Influenzaviren

Um die genetisch analysierten Influenzaviren besser unterscheiden zu können, werden diese bestimmten Gruppen zugeordnet, die spezifische Mutationen im HA-Gen teilen. Diese werden als Kladen und Subkladen bezeichnet. In der Saison 2024/25 wurden 469 A(H1N1)pdm09-Influenzaviren sequenziert, diese stammten von Patientenproben aus der ARE-Surveillance (80 %), SARI-Surveillance (13 %) und Untersuchungsaufträgen des NRZI (7 %). Die molekulare Analyse aller Viren ergab eine Dominanz der Nextclade-Subklade C.1.9.3 (70 %), weiterhin zirkulierten Viren der Subkladen C.1.9 (11 %), C.1.9.1 (8 %) sowie D.3 (10 %). Zu einem geringen Anteil wurden Viren der Subkladen C.1.9.2, D.1 und D.4 nachgewiesen (s. Tab. 1, Abb. 1A). Bei dem Vergleich des Anteils der Subkladen in den verschiedenen AGI-Großregionen Süden (BW, BY), Mitte/West (HE, NW, RP/SL), Norden/West (NI/HH, SH/HH) und Osten (BB, BE, MV, SN, ST, TH) war die Verteilung der Subkladen ähnlich, in allen Großregionen dominierte die Subklade C.1.9.3 (s. Abb. 1A), welche auch auf globaler Ebene überwog.¹¹ Darüber hinaus wurde der Anteil der Subkladen bei Virusinfektionen verbunden mit Pneumonien/schweren Verläufen (sV) mit dem Anteil der Subkladen bei Virusinfektionen ohne Pneumonien/sV verglichen (s. Abb. 1B).¹² Die Kategorie Pneumonien/sV bezieht sich auf i) Pneumonien in der ARE- und SARI-Surveillance (Aufnahmediagnose) oder ii) schwere Verläufe in Untersuchungsaufträgen des NRZI, die z. B. mit Behandlung auf einer Intensivstation oder einem fatalem Verlauf assoziiert sind. Bei Infektionen mit und ohne Pneumonien/sV dominierten C.1.9.3-Viren. Die Subklade C.1.9.2 wurde hingegen nur einmal im Rahmen der ARE-

Subklade	Mutationen oder Substitutionen	Klade	ARE +/- Pneu (n/n)	SARI +/- Pneu (n/n)	NRZI +/- sV (n/n)	Gesamt +/- Pneu/sV (n/n)
C.1.9	HA1:120A, HA1:169Q, nuc:992G	5a.2a	3/37	2/6	1/1	6/44
C.1.9.1	HA1:137S, nuc:1673T, nuc:959C	5a.2a	0/26	1/4	1/6	2/36
C.1.9.2	HA1:38D, HA2:153R	5a.2a	1/0	0/0	0/0	1/0
C.1.9.3	HA1:83P, HA2:183T	5a.2a	7/259	11/28	3/22	21/309
D.1	HA1:45K, nuc:1688A	5a.2a.1	0/1	0/0	0/0	0/1
D.3	HA1:120A, HA2:45V	5a.2a.1	1/37	3/5	0/1	4/43
D.4	HA1:120A, nuc:344T	5a.2a.1	0/2	0/0	0/0	0/2
Gesamtzahl +/- Pneu/sV			12/362	17/43	5/30	34/435
Gesamtzahl aller sequenzierten Viren dieses Subtyps			374	60	35	469

Tab. 1 | Hämagglutinin-(HA-)Kladen und -Subkladen von A(H1N1)pdm09-Influenzaviren (via Nextclade¹³)

ARE = akute respiratorische Erkrankungen im ambulanten Sentinel; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen im stationären Sentinel; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren (Untersuchungsaufträge); Pneu = Pneumonie; sV = schwerer Verlauf

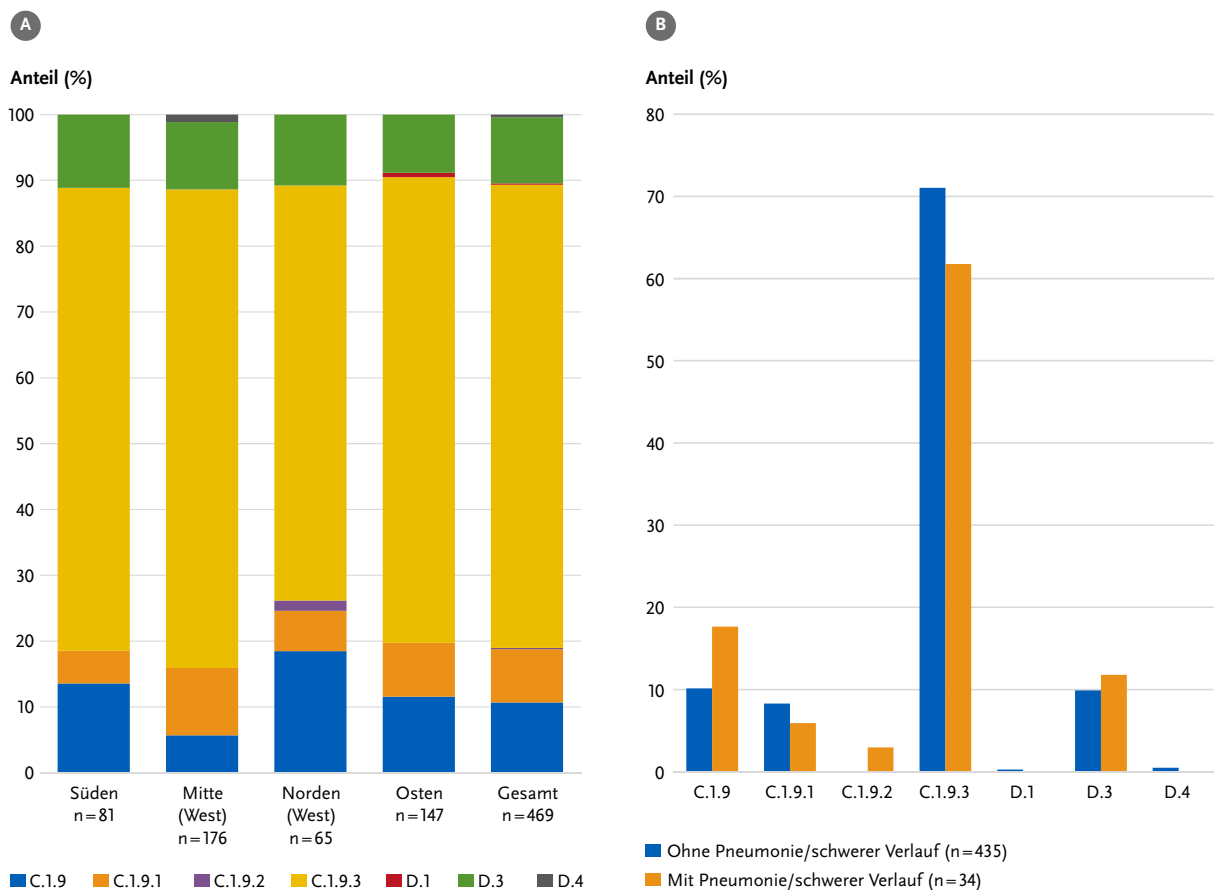


Abb. 1 | Anteil der Nextclade-Subkladen von A(H1N1)pdm09-Influenzaviren in der Saison 2024/25, die aus der ARE-Surveillance, SARI-Surveillance und anderen Untersuchungen (NRZI-Aufträge) stammten:

A) Anteil der Subkladen in den Großregionen Süden: BY, BW; Mitte (West): HE, NW, RP/SL; Norden (West): NI/HB, SH/HH und Osten: BB, BE, MV, SN, ST, TH sowie aus gesamt Deutschland.

B) Anteil der Subkladen bei Virusinfektionen mit (orange) und ohne (blau) Pneumonien oder weiteren schweren Verläufen.

ARE = akute respiratorische Erkrankungen im ambulanten Sentinel; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen im stationären Sentinel; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren

Surveillance bei einem Patienten mit Pneumonie (in der Altersgruppe 35–59 Jahre, ohne Vorerkrankung, ungeimpft) nachgewiesen. Diese Subklade wurde am 18.1.2025 definiert und ist durch die Aminosäuresubstitutionen HA1:38D, HA2:153R charakterisiert.¹³ In Deutschland wurden C.1.9.2-Viren 2023/24 zu 11 % nachgewiesen, die Infektionen waren in neun von 76 Fällen mit Pneumonien assoziiert. Viren dieser Subklade zirkulierten global in der Saison 2023/24 bis zu 15 % und 2024/25 nur noch zu einem geringen Anteil.¹⁴

Weiterhin wurden in der Saison 2024/25 110 A(H3N2)-Influenzaviren im Rahmen der ARE-Surveillance (84 %), SARI-Surveillance (9 %) und Untersuchungsaufträgen des NRZI (7 %) sequenziert. Die molekulare Analyse aller Viren ergab eine Dominanz der Subklade J.2 (65 %), daneben zirkulierten Viren der Subklade J.2.2 (32 %) und zu einem geringen Anteil wurden Viren der Subkladen J.1.1 und J.2.1 nachgewiesen (s. Tab. 2, Abb. 2A). Bei dem Vergleich des Anteils der Subkladen in den verschiedenen Großregionen Süden, Mitte/West, Norden/West und Osten war die Verteilung der Subkladen ähnlich, in allen Großregionen überwog die Subklade J.2 (s. Abb. 2A), welche auch global dominierte.¹¹ Darüber hinaus wurde der Anteil der Subkladen bei Virusinfektionen mit und ohne Pneumonien/sV verglichen (s. Abb. 2B). Bei Infektionen mit und ohne Pneumonien/sV kamen J.2-Viren am häufigsten vor.

Neben Influenza-A-Viren wurden in der Saison 2024/25 569 Influenza-B/Victoria-Viren im Rahmen der ARE-Surveillance (94 %), SARI-Surveil-

lance (5 %) und Untersuchungsaufträgen des NRZI (1 %) sequenziert. Überwiegend zirkulierten Viren, die zur Subklade C.5.1 (57 %) gehörten, daneben zirkulierten Viren der Subklade C.5.6 (29 %) und C.5.7 (13 %) und zu einem geringen Anteil wurden Viren der Subkladen C.3 und C.5 nachgewiesen (s. Tab. 3, Abb. 3A). Eine ähnliche Verteilung der Subkladen wurde auch auf globaler Ebene berichtet.¹¹ Der Vergleich der Subkladen in den verschiedenen Großregionen Deutschlands ergab eine unterschiedliche Verteilung. Während in den Großregionen Mitte/West und Norden/West C.5.1-Viren dominierten und C.5.6-Viren zu einem geringeren Anteil (18 % bzw. 23 %) vertreten waren, war der Anteil der C.5.6-Viren im Süden (36 %) höher und im Osten (41 %) zirkulierten sie fast so häufig wie C.5.1-Viren (s. Abb. 3A). Weiterhin wurde der Anteil der Subkladen bei Virusinfektionen mit und ohne Pneumonien/sV verglichen (s. Abb. 3B). Die Analyse ergab bei Infektionen mit und ohne Pneumonien/sV eine Dominanz der Subklade C.5.1.

Antigene Charakterisierung von Influenzaviren

Es wurden Influenzavirus-Isolate im HA-Hemmtest auf ihre Reaktivität mit Antiseren getestet, die in Frettchen gegen die Impfstämme der Influenzasaison 2024/25 generiert worden waren. Aus dem Vergleich der Reaktivität der Virusisolate zum Titer des Impfstammvirus können Schlussfolgerungen gezogen werden, inwieweit die zirkulierenden Influenzaviren vom Impfstammvirus abweichen. Dies ist allein auf der Basis genetischer Analysen nicht möglich. Die A(H1N1)pdm09-Viren reagierten gut mit dem entsprechenden Referenzserum (Impfstoffvirus A/Victoria/4897/2022), jedoch gab es im

Subklade	Mutationen oder Substitutionen	Klade	ARE +/- Pneu (n/n)	SARI +/- Pneu (n/n)	NRZI +/- sV (n/n)	Gesamt +/- Pneu/sV (n/n)
J.1.1	HA1:145N, HA2:89I	2a.3a.1	0/2	0/0	0/0	0/2
J.2	HA1:276E, HA1:122D	2a.3a.1	4/54	2/5	1/6	7/65
J.2.1	HA1:79L, HA1:239S	2a.3a.1	0/1	0/0	0/0	0/1
J.2.2	HA1:124N	2a.3a.1	0/31	2/1	0/1	2/33
Gesamtzahl +/- Pneu/sV			4/88	4/6	1/7	9/101
Gesamtzahl aller sequenzierten Viren dieses Subtyps			92	10	8	110

Tab. 2 | Hämagglutinin-(HA-)Kladen und Subkladen (via Nextclade¹³) von Influenza-A(H3N2)-Viren

ARE = akute respiratorische Erkrankungen im ambulanten Sentinel; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen im stationären Sentinel; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren (Untersuchungsaufträge); Pneu = Pneumonie; sV = schwerer Verlauf

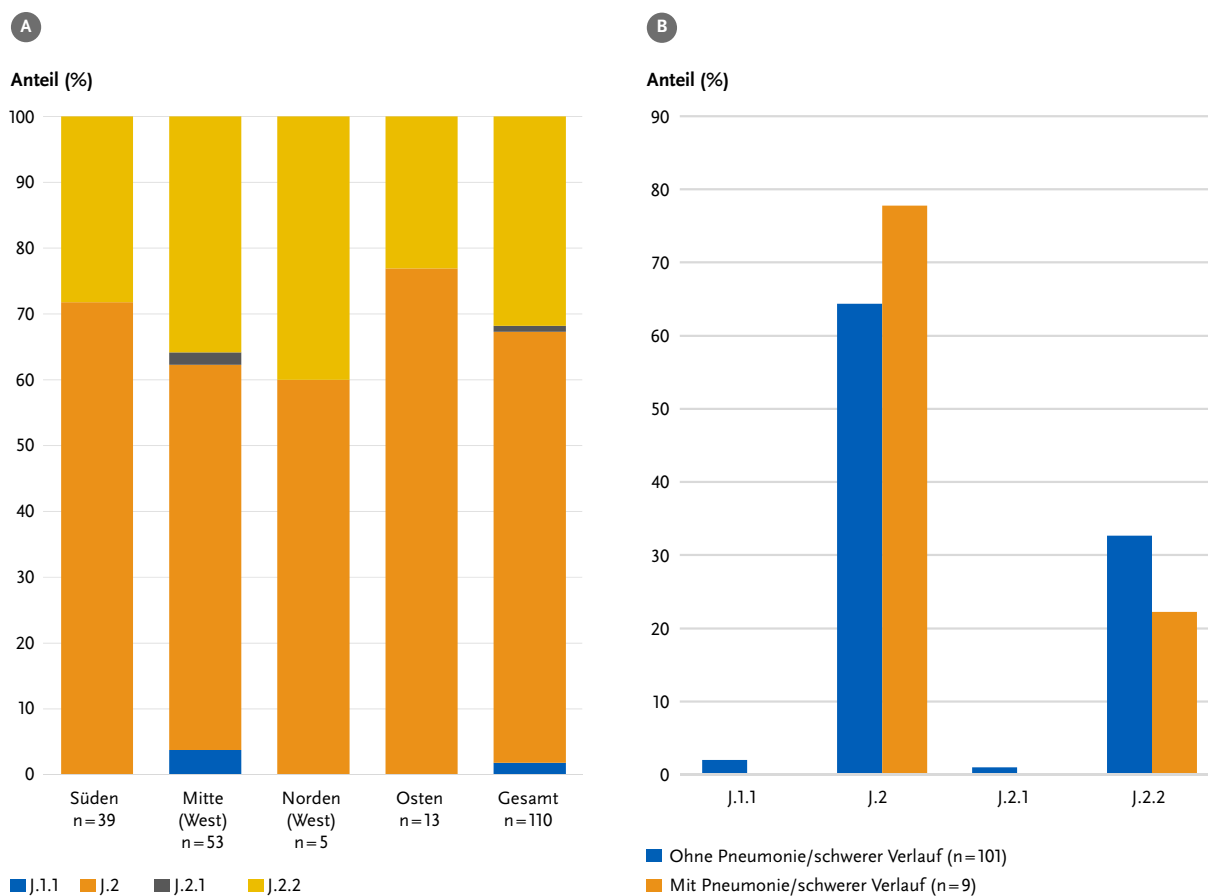


Abb. 2 | Anteil der Nextclade-Subkladen von A(H₃N₂)-Influenzaviren in der Saison 2024/25, die aus der ARE-Surveillance, SARI-Surveillance und anderen Untersuchungen (NRZI-Aufträge) stammten:

A) Anteil der Subkladen in den Großregionen Süden: BY, BW; Mitte (West): HE, NW, RP/SL; Norden (West): NI/HB, SH/HH und Osten: BB, BE, MV, SN, ST, TH sowie aus gesamt Deutschland.

B) Anteil der Subkladen bei Virusinfektionen mit (orange) und ohne (blau) Pneumonien oder weiteren schweren Verläufen.

ARE = akute respiratorische Erkrankungen im ambulanten Sentinel; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen im stationären Sentinel; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren

Subklade	Mutationen oder Substitutionen	Klade	ARE +/- Pneu (n/n)	SARI +/- Pneu (n/n)	NRZI +/- sV (n/n)	Gesamt +/- Pneu/sV (n/n)
C.3	HA1:128K, HA1:154E, nuc:882G	V1A.3a.2	0/1	0/0	0/0	0/1
C.5	HA1:197E, nuc:351G	V1A.3a.2	0/2	0/0	0/0	0/2
C.5.1	HA1:183K, nuc:1377C	V1A.3a.2	8/295	6/15	2/1	16/311
C.5.6	HA1:129N, nuc:555T, nuc:435G	V1A.3a.2	4/154	0/7	0/1	4/162
C.5.7	HA1:128G, HA1:183K, nuc:195C	V1A.3a.2	1/69	1/2	0/0	2/71
Gesamtzahl +/- Pneu/sV			13/521	7/24	2/2	22/547
Gesamtzahl aller sequenzierten Viren dieses Subtyps			534	31	4	569

Tab. 3 | Hämagglutinin-(HA)-Kladen und Subkladen von Influenza-B/Victoria-Viren (via Nextclade¹³)

ARE = akute respiratorische Erkrankungen im ambulanten Sentinel; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen im stationären Sentinel; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren (Untersuchungsaufträge); Pneu = Pneumonie; sV = schwerer Verlauf

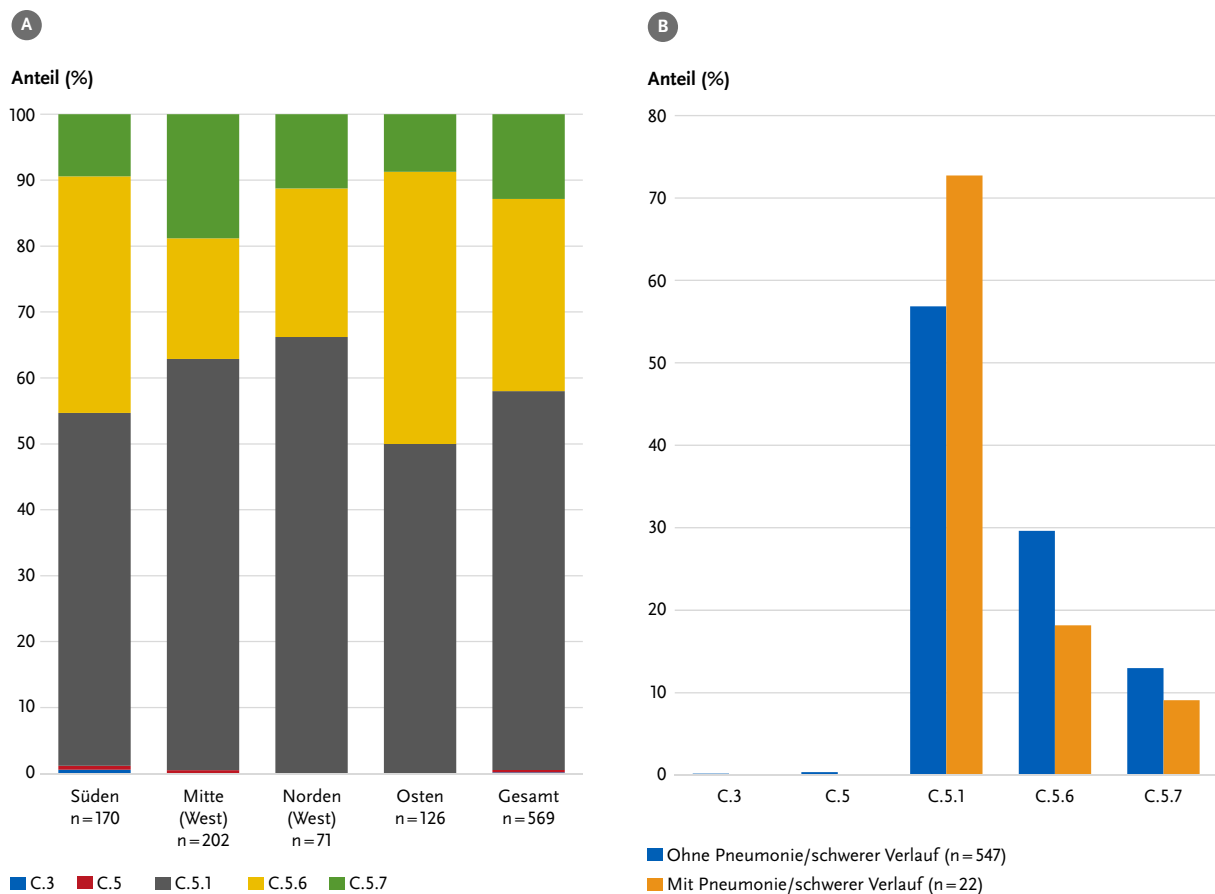


Abb. 3 | Anteil der Nextclade-Subkladen von B/Victoria Influenzaviren in der Saison 2024/25, die aus der ARE-Surveillance, SARI-Surveillance und anderen Untersuchungen (NRZI-Aufträge) stammten:

A) Anteil der Subkladen in den Großregionen Süden: BY, BW; Mitte (West): HE, NW, RP/SL; Norden (West): NI/HB, SH/HH und Osten: BB, BE, MV, SN, ST, TH sowie aus gesamt Deutschland.

B) Anteil der Subkladen bei Virusinfektionen mit (orange) und ohne (blau) Pneumonien oder weiteren schweren Verläufen.

ARE = akute respiratorische Erkrankungen im ambulanten Sentinel; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen im stationären Sentinel; NRZI = Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren

März 2025 häufiger Reagenten außerhalb des Bereiches optimaler Passgenauigkeit.⁹ Alle isolierten A(H3N2)-Viren wurden vom gegen den Impfstamm gerichteten Referenzserum (Impfstoffvirus A/Thailand/8/2022) im HA-Hemmtest sehr gut erkannt. Die B/Victoria-Viren wurden vom Impfstamm-Antiserum (B/Austria/1359417/2021) ebenfalls detektiert, reagierten aber größtenteils schwächer als das Impfstammvirus. Das bedeutet, dass die zirkulierenden B/Victoria-Viren noch gut von gegen den Impfstamm gerichteten Antikörpern erkannt werden, jedoch mit einer kürzeren Dauer der Immunität nach Impfung zu rechnen ist.

Diese Analysen dienen der Untersuchung der Passgenauigkeit der Impfstämme; sie erlauben keine

Aussagen zur Wirksamkeit der Impfstoffe, da hier noch andere Faktoren berücksichtigt werden müssen (Abstand zur letzten Impfung, Zahl vorangegangener Antigenkontakte, Expositionsdosis, Alter u. a.). Dies bedeutet, dass neben der Passgenauigkeit der Impfstämme auch die Anwendung der Impfstoffe von großer Bedeutung für den Schutz der Bevölkerung ist.

Im Zusammenhang mit den Untersuchungen auf respiratorische Viren im NRZI werden auch die Impfungen auf den Probenbegleitscheinen erfasst. Dabei gab es folgende Verteilung für die Impfquoten in Bezug auf die Altersgruppen: 0–4 Jahre: 3,44 %, 5–15 Jahre: 7,21 %, 16–34 Jahre: 5,56 %, 35–60 Jahre: 19,07 %, >60 Jahre: 43,11 %, ohne Altersangabe

im Probenbegleitschein: 8,82 % (repräsentativ für 7.892 Patientinnen und Patienten der Saison 2024/25 einschließlich der Sommersurveillance).

Untersuchungen zur antiviralen Empfindlichkeit von Influenzaviren

Die untersuchten Influenzaviren zeigten sich überwiegend gegen die Neuraminidase-(NA-)Hemmer Oseltamivir und Zanamivir empfindlich: Von 1.170 untersuchten Influenzaviren waren 528 A(H1N1)pdm09-, 119 A(H3N2)- und 521 Influenza-B-Victoria-Viren sensitiv. Eine hohe Oseltamivir-Resistenz, aufgrund der N1-H275Y-Substitution wurde in zwei A(H1N1)pdm09-Isolaten nachgewiesen. In der vorhergehenden Saison 2023/24 zirkulierten vermehrt A(H1N1)pdm09-Viren, die eine NA-Substitution an Position 247 trugen (NA-S247N, 1,5 %).⁶ Diese ist bekannt dafür, die Empfindlichkeit der Viren gegenüber NA-Hemmern leicht zu reduzieren und die Resistenzeigenschaften der N1-H275Y Substitution zu verstärken.⁶ Auch in der Saison 2024/25 wurde eine verstärkte Zirkulation von A(H1N1)pdm09-Viren beobachtet, die diese Mutation trugen (NA-S247N, 1,8 %). Obwohl die Prävalenz von Substitutionen, die mit einer verminderten Empfindlichkeit gegen NA-Hemmer assoziiert sind, im Vergleich zu den vorherigen Saisons abermals gestiegen ist, blieb die Resistenzlage von Influenzaviren klinisch ohne Bedeutung.

Molekulare Resistenzmarker für den Polymerasehemmer Baloxavir marboxil wurden in den 862 mit NGS untersuchten Influenzaviren nicht detektiert.

Alle 576 untersuchten Influenza-A-Viren trugen eine Substitution M2-S31N im Ionenkanal M2. Aufgrund dieser Substitution besteht bei Influenza-A-Viren eine Amantadin-Resistenz, weshalb dieses Medikament seit 2006 nicht mehr eingesetzt wird.

Molekulare Charakterisierung von RSV

Untersuchungen des Konsiliarlabors für RSV, PIV und HMPV zeigen, dass RSV-Infektionen in der Saison 2024/25 vorrangig durch RSV-B (71 % bei 0–4-Jährigen) hervorgerufen wurden.

Aus Proben des ARE-Sentinels (n=158) sowie des SARI-Sentinels (n=68) wurden 226 RSV sequenziert und auf Basis der Vollgenomconsensus-

Linie	ARE (%)	SARI (%)	ARE + SARI (%)
RSV-A			
A.D.1	39	25	34
A.D.1.4	7	0	4
A.D.1.5	19	13	16
A.D.1.6	5	9	7
A.D.3	17	25	20
A.D.3.1	2	6	3
A.D.3.2	2	6	3
A.D.3.3	2	3	2
A.D.5.1	2	3	2
A.D.5.2	2	9	7
A.D.5.3	2	0	1
RSV-B			
B.D.4.1.1	21	31	24
B.D.4.1.3	0	6	1
B.D.E.1	61	50	58
B.D.E.1.1	11	11	11
B.D.E.1.2	7	3	6

Tab. 4 | Prozentualer Nachweis von RSV-Linien getrennt nach RSV-Gruppe A und B innerhalb der ARE- und SARI-Sentinels

ARE = akute respiratorische Erkrankungen im ambulanten Sentinel; SARI = schwere akute respiratorische Infektionen im stationären Sentinel; RSV = Respiratorische Synzytialviren

Sequenzen mit Nextclade genetisch analysiert. Davon gehörten 91 Viren zur RSV-Gruppe A, die sich vorrangig in den Linien A.D.1 (34 %), A.D.3 (20 %) und A.D.1.5 (16 %) einordnen lassen (s. Tab. 4). RSV-Gruppe-B-Viren (n=135) gehörten primär den Linien B.D.E.1 (58 %) und B.D.4.1.1 (24 %) an. Die in Deutschland nachgewiesenen Linien konnten auch in anderen Weltregionen nachgewiesen werden, aus denen RSV-Ganzgenomsequenzen publiziert sind (USA, Irland, Frankreich).

Fazit und Ausblick

Die virologischen Analysen reflektieren, dass das Infektionsgeschehen im Untersuchungszeitraum von bestimmten genetischen Kladen der jeweiligen Viren dominiert wurde, die sich sowohl im ambulanten und stationären Bereich als auch regional nur geringfügig unterschieden. Die Impfstämme der Influenzaimpfstoffe deckten die in der Saison 2024/25 zirkulierenden Viren ab. Die Impfwirksamkeit in während der Saison durchgeführten Schätzungen (Vaccine Effectiveness, VE) lag bei 31 % im ambulanten Bereich und 69 % im stationären Be-

reich, wobei die VE gegenüber Influenza B höher war als gegenüber Influenza A.¹⁵ Die VE bemisst den Anwendungserfolg der Impfungen. Zwar ist die Wirksamkeit des Impfstoffs Teil der Anwendung, aber weil der Anwendungserfolg durch zahlreiche andere Einflussfaktoren (Impfquoten, Nähe der Impfung zur Infektion, Stärke der initialen Virusexposition, Schweregrad der Erkrankung) beeinflusst wird, lässt die VE keine direkten Schlussfolgerungen auf die Wirksamkeit des Impfstoffs selbst zu. Die Impfquoten waren gering, insbesondere bei den jüngeren Altersgruppen, was die niedrige VE trotz hoher Passgenauigkeit der Impfstoffe erklärt. Die Resistenzlage gegenüber Influenzaviren ist überschaubar.

Die restriktiven Maßnahmen während der COVID-19-Pandemie hatten einen großen Einfluss auf die Zirkulation respiratorischer Viren, die dadurch größtenteils unterbrochen wurde. Daraus resultierte eine geringere Immunitätslage in der Bevölkerung und dies vor allem bei Kindern, die wiederum mit einer veränderten Zirkulation einzelner Viren nach der Aufhebung der restriktiven Maßnahmen assoziiert war. Dies zeigte sich besonders bei RSV und den

Influenzaviren. Es gab hier nach Lockerung der Restriktionen Anfang 2022 sehr starke Infektionsschübe bei Kindern und eine zeitliche Verlagerung der Infektionswellen in den Jahren 2022 und 2023/24, die zum Teil zu Überschneidungen und durch die damit verbundenen hohen Erkrankungsraten aufgrund stärkerer Exposition zu einer Überlastung der Kinderarztpraxen und -stationen führten.^{16,17} Mit der Einführung neuer Prophylaxeoptionen für RSV ergeben sich neue Möglichkeiten, die Schwere solcher Wellen zu beeinflussen. Bei den Influenzaviren zeigte sich, dass die Viren bei geringer Basisimmunität von Kindern früher und schneller die jüngeren Altersgruppen infizieren und durch die daraus entstehende Immunität die Infektionsketten durchbrechen können.¹⁸ Erst mit der Saison 2024/25 wurde wieder das übliche Übertragungsmuster erreicht und alle Altersgruppen waren in starkem Maße betroffen. Aus den Zirkulationsmustern der Influenzaviren lässt sich auf die große Rolle der Immunität in der Bevölkerung schließen, insbesondere auch auf das Potenzial einer umfassenden Immunprophylaxe bei den jüngeren Bevölkerungsgruppen.¹⁸

Literatur

- 1 Copenhagen: WHO and Stockholm: ECDC. Operational considerations for respiratory virus surveillance in Europe. Public Health Guidance 2022; <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/operational-considerations-respiratory-virus-surveillance-europe>. Accessed August, 07, 2025.
- 2 WHO. Implementing the integrated sentinel surveillance of influenza and other respiratory viruses of epidemic and pandemic potential by the Global Influenza Surveillance and Response System: standards and operational guidance. 2024; <https://www.who.int/publications/i/item/9789240101432>. Accessed August, 07, 2025.
- 3 Oh DY, Buda S, Biere B, et al. Trends in respiratory virus circulation following COVID-19-targeted non-pharmaceutical interventions in Germany, January – September 2020: Analysis of national surveillance data. *Lancet Reg Health Eur*. 2021;6:100112.
- 4 Fu Y, Wedde M, Smola S, et al. Different populations of A(H1N1)pdm09 viruses in a patient with hemolytic-uremic syndrome. *Int J Med Microbiol*. 2024;314:151598.
- 5 Dürrwald R, Wedde M, Biere B, et al. Zoonotic infection with swine A/H1(av)N1 influenza virus in

- a child, Germany, June 2020. *Euro Surveill.* 2020;25(42).
- 6 Duwe SC, Milde J, Heider A, Wedde M, Schweiger B, Dürrwald R. Increase of Synergistic Secondary Antiviral Mutations in the Evolution of A(H1N1)pdm09 Influenza Virus Neuraminidases. *Viruses.* 2024;16(7).
 - 7 Oh DY, Milde J, Ham Y, et al. Preparing for the Next Influenza Season: Monitoring the Emergence and Spread of Antiviral Resistance. *Infect Drug Resist.* 2023;16:949–959.
 - 8 Köndgen S, Oh DY, Thurmer A, et al. A robust, scalable, and cost-efficient approach to whole genome sequencing of RSV directly from clinical samples. *J Clin Microbiol.* 2024;62(3):e0111123.
 - 9 RKI. Virologische Analysen im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren Saison 2024/25. 2025; https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Nationale-Referenzzentren-und-Konsiliarlabore/Influenza/zirkulierende/VirolAnalysen_2024_25.html?nn=16891928. Accessed August, 07, 2025.
 - 10 Tolksdorf K. KS, Prahm K., Preuß U., Dürrwald R. et al. ARE-Wochenberichte. 2025; <https://influenza.rki.de/Wochenberichte.aspx>. Accessed August, 07, 2025.
 - 11 Lewis N., Harvey R., Galiano M., Byrne A., Zheng Xiang M, al. e. Report prepared for the WHO Consultation on the Composition of Influenza Virus Vaccines for the Northern Hemisphere 2025-26. 2025. https://www.crick.ac.uk/sites/default/files/2025-03/WHOCC_London_Seasonal_VCM_NH2024-25.pdf. Accessed August, 07, 2025
 - 12 Efsa Panel on Animal Health, Animal Welfare, ECDC, et al. Preparedness, prevention and control related to zoonotic avian influenza. *EFSA J.* 2025;23(1):e9191.
 - 13 Aksamentov I, Roemer C., Hodcroft, E. B., & Neher, R. A., . Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. 2021; <https://clades.nextstrain.org>. Accessed 07, August, 2025.
 - 14 Jennifer Chang JL, John Huddleston, Richard Neher and Trevor Bedford. Real-time tracking of influenza A/H1N1pdm evolution. 2024–2025; <https://nextstrain.org/seasonal-flu/h1n1pdm/ha/2y>. Accessed 07, August, 2025.
 - 15 Erdwiens A, Hackmann C, Wedde M, et al. Interim Estimates of 2024-2025 Seasonal Influenza Vaccine Effectiveness in Germany-Data From Primary Care and Hospital Sentinel Surveillance. *Influenza Other Respir Viruses.* 2025;19(5):e70115.
 - 16 Cai W, Köndgen S, Tolksdorf K, et al. Authors' response: Atypical age distribution and high disease severity in children with RSV infections during two irregular epidemic seasons throughout the COVID-19 pandemic. *Euro Surveill.* 2024;29(20).
 - 17 Cai W, Köndgen S, Tolksdorf K, et al. Atypical age distribution and high disease severity in children with RSV infections during two irregular epidemic seasons throughout the COVID-19 pandemic, Germany, 2021 to 2023. *Euro Surveill.* 2024;29(13).
 - 18 Duwe S, Oh DY, Wedde M, et al. Atypical Influenza A(H3N2) Activity Patterns in Germany, 2021–2023, and Characterization of Newly Emerged Virus Clades. *Journal of Medical Virology*, 2025; 97:e70530 <https://doi.org/10.1002/jmv.70530>.
-
- ### Autorinnen und Autoren
- ^{a)} Dr. Marianne Wedde | ^{a)} Dr. Susanne Duwe |
^{a)} Dr. Janine Reiche | ^{a)} Dr. Barbara Biere |
^{a)} Dr. Sophie Köndgen | ^{b)} Marie Lataretu |
^{b)} Dr. Sofia Paraskevopoulou | ^{c)} Dr. Silke Buda |
^{a)} Dr. Djin-Ye Oh | ^{a)} PD Dr. Thorsten Wolff |
^{a)} Dr. Ralf Dürrwald
- ^{a)} Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten, FG 17 Influenzaviren und weitere Viren des Respirationstraktes, Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren und Konsiliarlabor für RSV, PIV und HMPV
^{b)} Robert Koch-Institut, Abt. MFI, Methodenentwicklung, Forschungsinfrastruktur und Informationstechnologie, MFI Bioinformatik und Systembiologie
^{c)} Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie
- Korrespondenz:** DuerrwaldR@rki.de
-
- ### Interessenkonflikt
- Die Autorinnen und Autoren erklären, dass kein Interessenkonflikt besteht.
-
- ### Vorgeschlagene Zitierweise
- Wedde M, Duwe S, Reiche J, Biere B, Köndgen S, Lataretu M, Paraskevopoulou S, Buda S, Oh DY, Wolff T, Dürrwald R: Virologische Analysen im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren während der Influenzasaison 2024/2025
Epid Bull 2025;35:4-13 | 10.25646/13365

Danksagung

Wir bedanken uns bei allen teilnehmenden Arztpraxen und Kliniken, beim Thüringer LLV, Bad Langensalza, beim LUA für das Gesundheits- und Veterinärwesen, Dresden, beim Institut für Mikrobiologie und Hygiene, Universitätsklinikum Freiburg, beim NLGA Hannover und beim Landesamt für Verbraucherschutz, Magdeburg für die Einsendung von Proben und Virusisolaten.

Unser besonderer Dank gilt dem Team des NRZI, Robert Koch-Institut (RKI), für die Assistenz bei den Laboruntersuchungen sowie den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern des Fachgebiets 36 des RKI für die sehr gute Zusammenarbeit. Wir danken der Sequencing Core Facility und dem Viroinformatik-Team des Genomkompetenzzentrums (MFI) des RKI für den Librarypräparations- und Sequenzierservice und die bioinformatischen Analysen.

Prof. Dr. Timm Harder, Friedrich-Loeffler-Institut, Insel Riems, danken wir für die Etablierung von Frettchenantiseren.

Weiterhin möchten wir den Autorinnen und Autoren von GISAID danken wir für die Sequenzen, die für vergleichende Analysen genutzt wurden.

Finanzielle Unterstützung

Die Untersuchungen wurden durch die vom RKI und BMG geförderten Projekte IMS-NRZ/KL (D81959) und IMS-RKI (D82015, Teilprojekt C1.1, 9PP M2b TP27 Virologische SARI – 911227) sowie durch die vom ECDC geförderten Projekte VEBISLOT5SC5, VEBISLOT5SC6, VEBISLOT1SC8 unterstützt.

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](#)

Symptomprofile, Erkrankungsraten und Sequenzierung der häufigsten Atemwegserreger auf Bevölkerungsebene

Ergebnisse aus der virologisch-mikrobiologischen Surveillance GrippeWeb-Plus 2023 – 2025

Einleitung

GrippeWeb ist ein webbasiertes, partizipatives Surveillance-System, bei dem wöchentlich mehr als 12.000 Meldungen zum Auftreten akuter Atemwegserkrankungen erfasst werden (Stand August 2025). Eltern können auch für ihre Kinder melden, so dass alle Altersgruppen abgedeckt werden. Mithilfe der erhobenen Symptome werden „akute respiratorische Erkrankungen“ (ARE) von grippeähnlichen Erkrankungen (Influenza-like Illness; ILI) unterschieden. ARE liegen vor bei Atemwegserkrankungen mit Fieber, Husten oder Halsschmerzen. Bei ILI ist Fieber erforderlich und zusätzlich müssen Husten oder Halsschmerzen angegeben sein (<https://www.rki.de/DE/Themen/Forschung-und-Forschungsdaten/Sentinels-Surveillance-Panel/GrippeWeb/grippeweb-node.html>).

Die Aussagekraft syndromischer Surveillance-Systeme kann durch die parallele Durchführung einer spezifisch auf die relevanten Erreger ausgerichteten virologisch-mikrobiologischen Surveillance gesteigert werden. Am Robert Koch-Institut (RKI) ist auf ambulanter Ebene seit über 20 Jahren im Rahmen des ARE-Praxis-Sentinels die syndromische mit der virologischen Surveillance verzahnt.^{1,2} Seit der Saison 2019/2020 wurde ergänzend zur ICD-10-Code-basierten Surveillance in Krankenhäusern ebenfalls eine virologische Surveillance von stationär behandelten ARE (Severe Acute Respiratory Illnesses; SARI) aufgebaut.³ Seit 2020 gibt es als Ergänzung zu GrippeWeb mit GrippeWeb-Plus eine vergleichbare virologisch-mikrobiologische Surveillance von Atemwegserkrankungen auf Bevölkerungsebene.^{2,4} Diese wurde ab dem Jahr 2023 weiter ausgebaut und ab 2024 mit einer Ganzgenomsequenzierung von Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2) und Influenzaviren ergänzt.

Mit Hilfe der GrippeWeb-Plus-Daten werden folgende Ziele angestrebt:

1. Beschreibung erregerspezifischer Symptom-spektren inklusive Erkrankungen, die keinen Arztbesuch erfordern
2. Berechnung sekundärer Erkrankungsraten im Haushaltssetting
3. Analyse der genetischen Nähe von Influenza- bzw. SARS-CoV-2-Stämmen unter Haushalts-angehörigen mithilfe der Gesamtgenomsequenzierung
4. Häufigkeit bestimmter Influenzaviruskladen auf Bevölkerungsebene im Vergleich zum ambulanten und stationären Bereich
5. Schätzung wöchentlicher erregerspezifischer ARE-Inzidenzen auf Bevölkerungsebene

Methoden

Beschreibung von GrippeWeb-Plus

Eine randomisierte Gruppe regelmäßig an GrippeWeb teilnehmender Personen wurde eingeladen, auch bei GrippeWeb-Plus teilzunehmen. Die Teilnehmenden wurden detailliert über den Ablauf sowie Maßnahmen zum Datenschutz aufgeklärt. Bei Interesse unterschrieben sie eine Einwilligungserklärung. Kinder wurden über ein teilnehmendes Elternteil eingeschlossen. Nach der Einwilligung erhielten Teilnehmende ein Starter-Kit mit einem Hinweisblatt zur Probeentnahme, Abstrichtupfer, Überbröhrchen (zum Schutz der Abstriche beim Versand) sowie Symptomfragebögen, die jedem Nasenabstrich beigelegt werden sollen, und vorfrankierte Versandkartons. Eine „Nullprobe“ zu Beginn diente der Testung des generellen Ablaufs. Die Ergebnisse der Nullproben – sofern diese ohne Vorliegen von Symptomen abgenommen wurden – werden nicht betrachtet. Die Auswertung erfolgt aus den Daten von Oktober 2023 bis April 2025. In diesem Zeit-

raum wurde die Anzahl der GrippeWeb-Plus-Teilnehmenden von etwa 550 auf 800 (480 Erwachsene, 320 Kinder) aus 480 Haushalten gesteigert.

Bei Auftreten jeglicher Art akuter Atemwegserkrankungen soll ein Abstrich aus dem vorderen Nasenbereich abgenommen und an das RKI geschickt werden. Im Labor für Hochpathogene Viren innerhalb des Zentrums für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene (ZBS1) wurden die Proben auf das Vorhandensein menschlicher Zellen (c-myc-Gen) und mittels eines Multiplex-Polymerasekettenreaktion-(PCR)-Tools auf 24 bakterielle bzw. virale Erreger getestet. Proben, die im Multiplex-PCR-Tool positiv für Influenza-A-Viren, aber gleichzeitig negativ für Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren sind, werden als Influenza-A(H3N2)-Virus-positiv gewertet. Influenzavirus- bzw. SARS-CoV-2-positive Proben wurden über eine erregerspezifische in-house one-step Reverse Transkriptase-PCR (RT-PCR) analysiert. Uneindeutige Ergebnisse aus dem Multiplex-PCR-Tool wurden mittels erregerspezifischer PCR überprüft. Proben mit einer hohen SARS-CoV-2- oder Influenzaviruslast (cycle threshold-[Ct] Wert unter 30) wurden zudem seit 2024 vom Genomkompetenzzentrum am RKI (Organisationseinheit Methodenentwicklung, Forschungsinfrastruktur und Informationstechnologie; MF1) ganzgenomsequenziert und damit typisiert. Die bioinformatische Analyse erfolgte für SARS-CoV-2 mittels poreCov (MF1⁵) und für Influenza mittels Flupipe (MF1⁶) und mit Unterstützung des Nationalen Referenzzentrums für Influenzaviren (NRZI).

Für die Analyse wurden folgende Erregergruppen gebildet: humane Coronaviren (hCoV 229E, NL63, HKU1 und OC43), Parainfluenzaviren (PIV, Typ 1–4), Respiratorische Synzytialviren (RSV; A und B) sowie Influenzaviren (A(H1N1)pdm09, A(H3N2) und B). Zudem ist zu beachten, dass die Gruppe „Rhino-/Enteroviren“ mehr als 100 unterschiedliche Viren aus der Familie der Picornaviren umfasst.

Analysen

1) Erregerspezifische Symptomatik

Es wurden elf Symptome erfasst. Zu den respiratorischen Symptomen zählen Schnupfen, Husten und Halsschmerzen. Zu den systemischen Symptomen zählen Krankheitsgefühl, Müdigkeit, Kopf-

schmerzen, Fieber (allgemein bzw. Fieber $\geq 38^{\circ}\text{C}$) und Gliederschmerzen. Ausgeschlossen wurden seltene Symptome (Minderung des Geruchs-/Geschmackssinns) sowie Symptome, die erst später in den Fragebogen aufgenommen wurden (Atemnot, Schüttelfrost). Erkrankte mit einer Mehrfachinfektion wurden aus der Symptomauswertung ebenfalls ausgeschlossen. Anhand dieser Angaben berechneten wir dann die durchschnittliche Symptomanzahl und wie häufig welche Symptome bei Erkrankten mit bestimmten Erregern vorkamen.

2) Sekundäre Erkrankungsrate im Haushaltssetting (SER_{HH})

Da bei GrippeWeb-Plus auch mehrere Personen aus einem Haushalt teilnehmen (z. B. Elternteil mit Kind), kann eine SER_{HH} berechnet werden. Weitere Personen im Haushalt, die nicht an GrippeWeb-Plus teilnehmen, werden hier nicht einbezogen. Die SER_{HH} wird berechnet als Anzahl der Haushaltskontaktpersonen mit einem bestimmten Erreger geteilt durch die Anzahl der Haushaltskontaktpersonen „at risk“. Wir bezogen in der Auswertung die Inkubationszeiten der einzelnen Erreger ein (s. Tab. 1). Wir nahmen an, dass keine präsymptomatischen Übertragungen stattfanden. Für die Dauer der Infektiosität nahmen wir fünf Tage für alle Erreger an. Unter Hinzuziehung der maximalen, erregerspezifischen Inkubationszeit akzeptierten wir für einen Folgefall einen spätesten Symptombeginn bis Tag fünf nach der maximalen Inkubationszeit (s. Tab. 1, Abb. 1). Zudem durfte die gleiche Person erst nach einer Sperrfrist von 28 Tagen wieder aufgrund der Infektion mit demselben viralen Erreger erkranken. Bei Infektionen mit bakteriellen Erregern konnten zu einer Sperrfrist keine klaren Angaben in der Literatur identifiziert werden, wurde aber bei *Mycoplasma pneumoniae* und *Chlamydophila pneumoniae* als eher kurzzeitig und bei *Bordetella pertussis* und *Legionella pneumophila* als eher längerfristig angesehen. Wir nahmen daher für *M. pneumoniae* und *C. pneumoniae* eine Sperrfrist von 60 Tagen an und für *B. pertussis* und *L. pneumophila* 180 Tage. Die SER_{HH} steht stellvertretend für die (Gesamt-)Haushaltserkrankungsrate nach Auftreten eines Primärfalles. Die SER_{HH} wurde für alle Erreger separat berechnet und anschließend für die Erregergruppe aufsummiert.

Erregergruppe	Minimale Inkubationszeit	Maximale Inkubationszeit	Dauer der Infektiosität	Spätester akzeptierter Symptombeginn für Folgefall im Haushalt
Bocaviren	NA	NA	NA	NA
Influenza-A/B-Virus ⁷	1	2	5	7
Rhino-/Enterovirus ⁸	2	3	5	8
hCoV ⁸	2	5	5	10
PIV ⁸	2	6	5	11
RSV ⁷	2	8	5	13
hMPV ⁸	3	9	5	14
<i>Legionella pneumophila</i> ⁷	2	10	5	15
SARS-CoV-2 ⁷	1	12	5	17
Adenovirus ⁸	2	14	5	19
MERS-CoV ⁹	2	14	5	19
<i>Bordetella pertussis</i> ⁷	6	20	5	25
<i>Mycoplasma pneumoniae</i> ⁸	7	28	5	33
<i>Chlamydomphila pneumoniae</i> ⁷	7	28	5	33

Tab. 1 | Minimale und maximale Inkubationszeit, Dauer der Infektiosität und spätester akzeptierter Symptombeginn für Folgefall nach Auftreten von erstem Fall im Haushalt. Angaben zur Inkubationszeit stammen aus dem jeweiligen RKI-Ratgeber⁷ aus dem „Red Book“⁸ bzw. den „Informationen des RKI zu MERS-Coronavirus“⁹.

NA = Für Bocaviren sind die jeweiligen Zeiten nicht bekannt; hCoV = humane Coronaviren; PIV = Parainfluenzaviren; RSV = Respiratorische Synzytialviren; hMPV = humane Metapneumoviren; SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; MERS-CoV = Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus

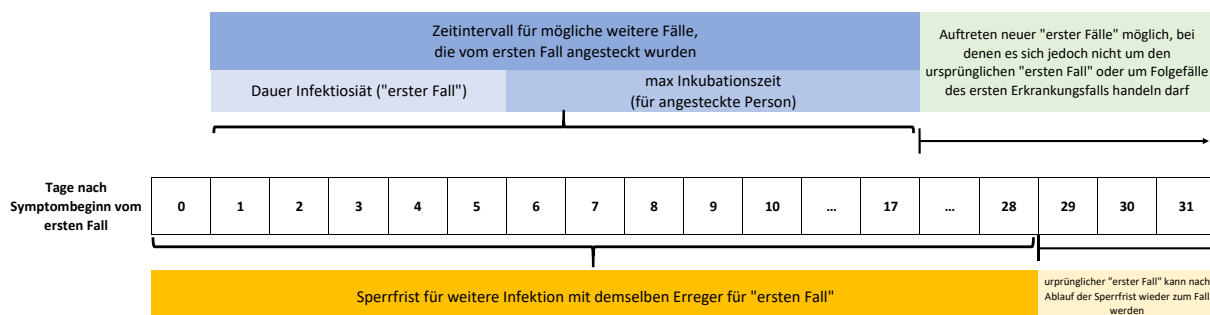


Abb. 1 | Schema zum akzeptierten Zeitintervall einer häuslichen Folgeerkrankung nach Erkrankung vom ersten in GrippeWeb-Plus registrierten Fall in einem Haushalt am Beispiel einer SARS-CoV-2-Infektion mit minimaler Inkubationszeit von einem Tag, angenommener Dauer der Infektiosität von fünf Tagen und maximaler Inkubationszeit von 12 Tagen (blauer Bereich). In diesem Beispiel können ab Tag 18 neue Erstfälle auftreten, die nicht der ursprüngliche Erstfall und nicht Folgefälle des ersten Erkrankungsfalles sind (grüner Bereich). Für den ersten Fall im Haushalt gilt die Sperrfrist von 28 Tagen bis zu einer labordiagnostisch bestätigten Neuerkrankung (gelber Bereich).

3) Ansteckung im Haushaltssetting

Mit Hilfe der Ganzgenomsequenzierung untersuchten wir, ob Influenzavirus- bzw. SARS-CoV-2-Infektionen innerhalb weniger Tage bei mehreren Haushaltsmitgliedern mit einer gegenseitigen Ansteckung vereinbar sind. Zudem verglichen wir die Stämme aus Proben von derselben Person, um mögliche Reinfektionen zu identifizieren.

4) Häufigkeit bestimmter Influenzazukladen

Wir verglichen die Häufigkeit der Influenzazukladen (Stämme) in der Bevölkerung (d. h. bei GrippeWeb-Plus) mit derjenigen aus Arztpraxen und Krankenhäusern. Letztere Informationen stammen aus der virologischen Surveillance des NRZI.^{2,10}

5) Erregerspezifische Inzidenz auf Bevölkerungsebene

Die Berechnung erfolgte in Anlehnung an die Methode von Goldstein¹¹ und wird wie im *Journal of Health Monitoring* beschrieben berechnet.¹² Da manche Teilnehmende dem gleichen Haushalt angehören und sich im Haushalt angesteckt haben könnten (siehe Abschnitt „Ansteckung im Haushaltssetting“), berechneten wir zuerst eine „haushaltsbereinigte“ Positivenrate für die Erreger: Nach jeder Erkrankung in einem Haushalt mit einem bestimmten Erreger „sperrten“ wir diesen Erreger für den Haushalt bis zum spätesten akzeptierten Symptombeginn für den Folgefall im Haushalt (d. h. individuell nach Erreger; s. Tab. 1). Wenn z. B. ein Haushaltsmitglied an Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) erkrankte und innerhalb des Intervalls bis zum akzeptierten Symptombeginn für einen Folgefall ein weiteres Haushaltsmitglied COVID-19 haben sollte, so geht der SARS-CoV-2-Befund bei dem weiteren Haushaltsmitglied NICHT in die Positivenrate und Inzidenz für SARS-CoV-2 ein. Diese Berechnung wurde für alle Erreger angewendet. Wie auch bei der Berechnung der SER_{HH} , wurde eine Sperrfrist für den nochmaligen Nachweis eines gleichen Erregers bei einer Person verwendet. Anschließend unterteilten wir – stratifiziert für Kinder und Erwachsene – die bereinigten Positivenraten in ILI- und non-ILI-spezifische Positivenraten ($ILI + non-ILI = ARE$) und multiplizierten diese jeweils mit der ILI- bzw. non-ILI-Inzidenz aus GrippeWeb. Danach addierten wir die ILI- und non-ILI-Werte zu einer Erreger-ARE-Inzidenz. Mittels dieser können u. a. zeitliche Verläufe von Inzidenzen durch Influenzaviren, SARS-CoV-2, RSV und Rhino-/Enteroviren beschrieben werden.

Die Unsicherheit der erzielten Schätzwerte bestimmten wir unter der Annahme, dass die Positivenraten aus der GrippeWeb-Plus-Erhebung das Risiko einer Infektion mit diesem Erreger innerhalb der entsprechenden Subgruppe (definiert durch die ILI-/non-ILI-Symptomatik und für Kinder/Erwachsene) der GrippeWeb-Population beschreiben. Technisch verwendeten wir ein Binomialmodell für die Wahrscheinlichkeit, dass die beobachtete Symptomatik als Folge einer Infektion mit einem bestimmten Erreger auftrat. Die Beobachtung von positiven (p) und negativen (n) Proben für diesen

Erreger führt dann zu einer Beta-verteilten Schätzung $Beta(p,n)$ dieses Risikos. Im ersten Schritt zogen wir daher jeweils 1.000 Realisierungen dieser Beta-Verteilung. Die Konfidenzintervalle wurden dann nach Summenbildung ($ARE = ILI + non-ILI$, Gesamtbevölkerung = Kinder + Erwachsene) als 2,5- und 97,5-Perzentile der entstandenen Verteilung gebildet. Schließlich wurden die Anzahlen mit Hilfe der inversen GrippeWeb-Gewichte (Anzahl Personen in der GrippeWeb-Stichprobe pro Größe der jeweiligen Bevölkerungsgruppe insgesamt in Deutschland) auf die deutsche Bevölkerung hochgerechnet.

Ergebnisse

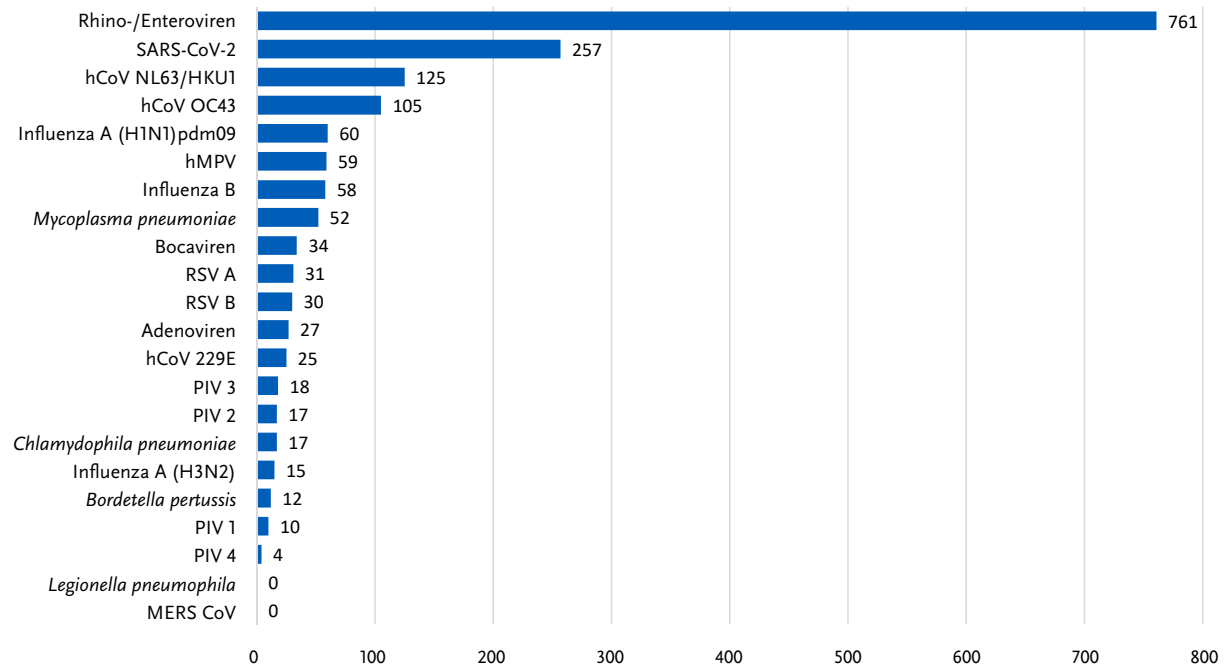
Von Oktober 2023 bis April 2025 sandten 608 GrippeWeb-Plus-Teilnehmende 2.082 Proben ein, davon waren 2.061 (99 %) auswertbar. 1.135 (55 %) Proben stammten von Erwachsenen (≥ 15 Jahre) und 926 (45 %) von Kindern (≤ 14 Jahre). Pro Monat wurden so etwa 60 Proben von Erwachsenen und rund 50 Proben von Kindern eingesandt. Im Durchschnitt wurden die Proben 1,8 Tage nach Symptombeginn abgenommen (Median: 1 Tag).

Wir konnten 22 der 24 getesteten Erreger nachweisen, am häufigsten Rhino-/Enteroviren gefolgt von SARS-CoV-2, hCoV NL63/HKU1 und hCoV OC43. MERS-CoV und *L. pneumophila* konnten nicht nachgewiesen werden (s. Abb. 2A). 95 % der Erregernachweise betrafen virale Atemwegserreger. Der Anteil der Proben mit Erregernachweis (Gesamtpositivenrate) lag zwischen 60 % und 90 % und war bei Kindern etwas höher (s. Abb. 2B). Während Rhino-/Enteroviren häufiger bei Kindern (46 %) als bei Erwachsenen (30 %) nachgewiesen wurden, wurde SARS-CoV-2 häufiger bei Erwachsenen detektiert (17 % vs. 7 %). Bei den restlichen Erregern unterschieden sich die Anteile bei beiden Altersgruppen nicht mehr als drei Prozentpunkte. Es gab 1.346 Einfach-, 163 Doppel- und 15 Dreifachinfektionen.

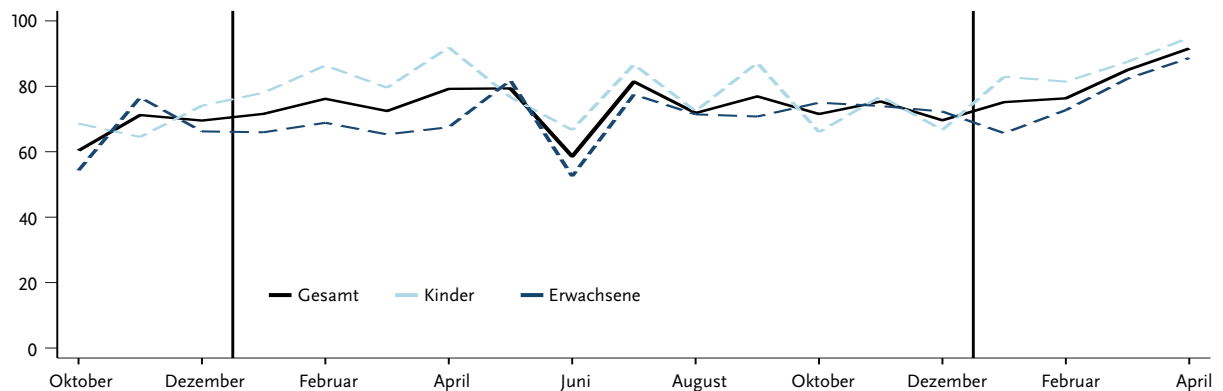
1) Erregerspezifische Symptomatik

In Abbildung 3 ist die Häufigkeit der Symptome für Erkrankungen mit Rhino-/Enteroviren, hCoV, SARS-CoV-2 und Influenzaviren dargestellt. Erkrankte mit **Influenza** haben mehr Symptome als Erkrankte mit den anderen untersuchten Atemwegserregern (5,2

Anzahl Erregernachweise



Positivenrate (%)



2023 bis 2025

Abb. 2 | (A) Anzahl Erregernachweise bei erkrankten GrippeWeb-Plus-Teilnehmenden in den Saisons 2023/24 und 2024/25 (Oktober 2023 bis April 2025). **(B)** Anteil der Erkrankten mit mindestens einem nachgewiesenen Erreger „Gesamt“ (Gesamt-positivenrate) und stratifiziert nach Kindern und Erwachsenen. Der senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel.

SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; hCoV = humane Coronaviren; hMPV = humane Metapneumoviren; RSV = Respiratorische Synzytialviren; PIV = Parainfluenzaviren; MERS-CoV = Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus

vs. 3,2–4,0). Häufiger sind vor allem systemische Symptome. Fieber ist bei an Influenza erkrankten Kindern (96 %) und Erwachsenen (82 %) deutlich häufiger als bei Erkrankten mit COVID-19 (Kinder 32 %, Erwachsene 43 %), Rhino-/Enterovirus- bzw. hCoV-Infektionen (jeweils etwa 15–30 %). Bei den respiratorischen Symptomen einer Influenza ist

Schnupfen (etwa 90 %) ähnlich häufig, Husten (etwa 80 %) deutlich häufiger und Halsschmerzen (etwa 50 %) nicht so häufig wie bei den anderen Erregern. Die Kombination „Husten ohne Halsschmerzen“ ist bei Influenza-A- (43 %) im Vergleich zu Influenza-B-Erkrankungen (23 %) und den ande-

		Gesamt				Erwachsene				Kinder			
		Influenza (n=105)	SARS-CoV-2 (n=220)	hCoV (n=203)	Rhino-/ Enteroviren (n=637)	Influenza (n=51)	SARS-CoV-2 (n=172)	hCoV (n=138)	Rhino-/ Enteroviren (n=303)	Influenza (n=54)	SARS-CoV-2 (n=48)	hCoV (n=65)	Rhino-/ Enteroviren (n=334)
respiratorisch	Schnupfen	89%	91%	94%	94%	94%	93%	92%	95%	83%	83%	97%	93%
	Husten	83%	68%	57%	57%	84%	68%	49%	51%	81%	69%	74%	63%
	Halsschmerzen	53%	66%	62%	67%	55%	67%	66%	82%	52%	65%	54%	53%
systemisch	Krankheitsgefühl	98%	81%	70%	59%	98%	86%	74%	71%	98%	65%	62%	49%
	Müdigkeit	83%	56%	39%	35%	86%	60%	38%	40%	79%	44%	42%	30%
	Kopfschmerzen	89%	58%	53%	43%	82%	62%	55%	52%	94%	46%	50%	34%
	Fieber (unabhängig von Temperatur)	90%	41%	18%	22%	82%	43%	14%	20%	96%	32%	26%	24%
	Fieber ≥ 38 Grad	70%	28%	9%	10%	61%	28%	4%	8%	80%	26%	20%	13%
	Gliederschmerzen	59%	44%	26%	16%	69%	51%	30%	23%	50%	19%	17%	11%
	ARE	99%	94%	82%	87%	98%	95%	79%	92%	100%	92%	89%	83%
ILI		78%	36%	17%	20%	71%	38%	14%	19%	85%	27%	23%	21%
Ø respiratorische Symptome		2,2	2,2	2,1	2,2	2,3	2,3	2,0	2,3	2,1	2,2	2,2	2,1
Ø systemische Symptome		4,1	2,8	2,0	1,7	4,1	3,0	2,1	2,0	4,1	2,0	2,0	1,5
Ø Symptome, Gesamt		5,2	4,0	3,4	3,2	5,3	4,2	3,4	3,5	5,1	3,3	3,4	3,0

Abb. 3 | Häufigkeit der Angabe von Symptomen bei ausgewählten Erregern, die bei Erkrankten im Rahmen von GrippeWeb-Plus in den Saisons 2023/24 und 2024/25 (Oktober 2023 bis April 2025) angegeben wurden. Ausgeschlossen wurden Mehrfachinfektionen.

SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; hCoV = humane Coronaviren; ARE = akute respiratorische Erkrankungen; ILI = Influenza-like Illness (grippeähnliche Erkrankungen)

Sekundäre Erkrankungsrate im Haushaltssetting

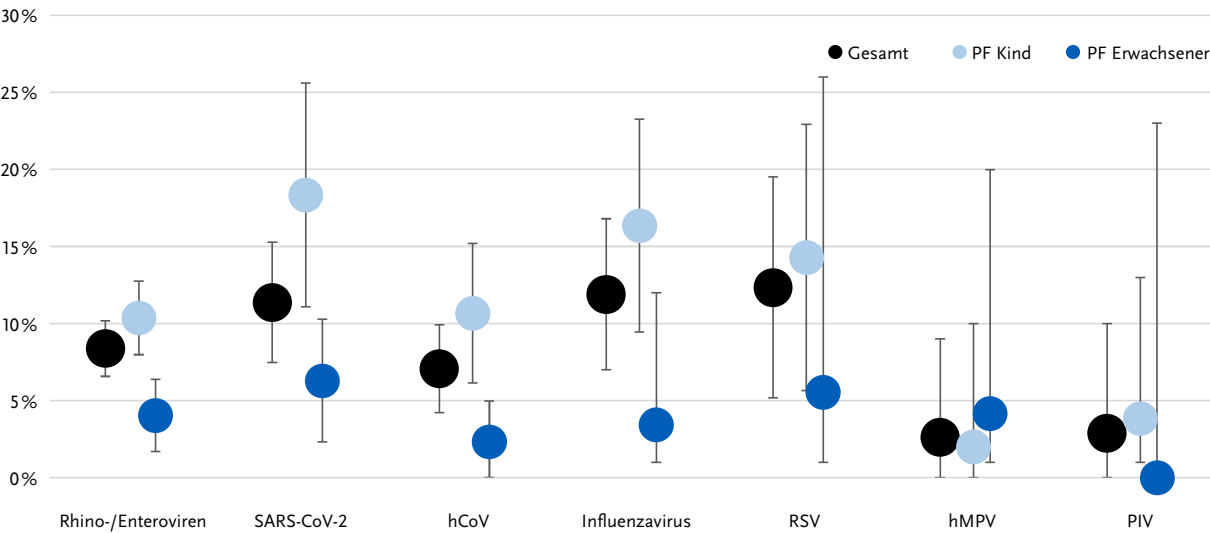


Abb. 4 | Sekundäre Erkrankungsrate im Haushaltssetting (SER_{HH}) bei den an GrippeWeb-Plus teilnehmenden Haushalten (mit mindestens zwei Teilnehmenden pro Haushalt; $N = 189$) für ausgewählte Erreger, zum einen für die Haushalte gesamt sowie zum anderen stratifiziert nach Haushalten, bei denen ein Kind der Primärfall (PF) war und Haushalten, bei denen ein Erwachsener der PF war für die Saison 2023/24 und 2024/25 (Oktober 2023 bis April 2025). Eingezeichnet ist das 95%-Konfidenzintervall.

SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; hCoV = humane Coronaviren; RSV = Respiratorische Synzytialviren; hMPV = humane Metapneumoviren; PIV = Parainfluenzaviren

ren hier genannten Erregern (18–26 %) häufiger zu beobachten.

SARS-CoV-2 führt bei Erwachsenen und Kindern etwa gleich häufig zu respiratorischen Symptomen, jedoch sind alle systemischen Symptome bei Erwachsenen häufiger. Im Vergleich zu den anderen Erregern haben Erwachsene nur bei COVID-19 häufiger Fieber als Kinder. Ansonsten nimmt COVID-19 bei Erwachsenen bezüglich der Symptommhäufigkeit, insbesondere bezüglich fieberhafter Erkrankungen und somit auch der ILI, eine Mittelstellung zwischen Influenza auf der einen und Infektionen mit hCoV und Rhino-/Enteroviren auf der anderen Seite ein. Bei Kindern ist die Schwere der COVID-19-Symptome mit der von hCoV- und Rhino-/Enterovirusinfektionen vergleichbar.

Die durch **hCoV** und **Rhino-/Enteroviren** verursachten Erkrankungen repräsentieren die klassischen „Erkältungskrankheiten“ mit Schnupfen an erster Stelle, aber ggf. auch anderen Symptomen einschließlich Fieber.

Von den **Symptomen** ausgehend kommt **Schnupfen** bei allen vier Erregern bzw. Erregergruppen mit 89–94 % etwa ähnlich häufig vor. **Halsschmerzen** sind bei durch Rhino-/Enteroviren, hCoV und SARS-CoV-2 verursachten Erkrankungen mit 62–67 % etwas häufiger als bei Influenza. Bei **Husten** ist es umgekehrt, er tritt bei Influenza mit 83 % häufiger auf als bei den drei anderen Erregern (57–68 %). **Systemische Symptome** sind vor allem bei Influenza, aber auch bei Erwachsenen mit COVID-19 häufig.

2) Sekundäre Erkrankungsrate im Haushaltssetting

Die SER_{HH} lag für die dargestellten Erreger zwischen 3 % und 12 % (s. Abb. 4). Bei Influenzaviren, RSV und SARS-CoV-2 (11–12 %) war der Punktschätzer etwas höher als bei Rhino-/Enteroviren und hCoV (7–8 %), jedoch nicht signifikant unterschiedlich. Humane Metapneumoviren (hMPV) und PIV hatten mit 3 % die niedrigsten Punktschätzer. Die SER_{HH} war – bis auf hMPV – immer höher, wenn ein Kind der Primärfall war. Wenn der Primärfall ein Kind war, war die SER_{HH} für SARS-CoV-2 mit etwa 18 % am höchsten und für hMPV mit etwa 2 % am niedrigsten.

3) Ansteckung im Haushaltssetting

Aus elf Haushalten konnten mindestens zwei **Influenza**-positive Proben analysiert werden:

- ▶ Bei vier Haushalten wurde dieselbe Subklade nachgewiesen und auch das Auftreten erster Symptome lag im Zeitfenster für potenzielle Folgefälle. Beides würde für eine Übertragung im Haushalt sprechen.
- ▶ Bei vier Haushalten stimmte die Subklade überein, der jeweilige Erkrankungsbeginn lag 8, 11, 13 bzw. 78 Tage auseinander und damit außerhalb des Zeitfensters für potenzielle Folgefälle (s. Tab. 1; 1–7 Tage bei Influenza), so dass sowohl eine Haushaltsübertragung über einen dazwischen liegenden, nicht dokumentierten weiteren Fall als auch eine unabhängige Infektion außerhalb des Haushalts möglich ist.
- ▶ Drei Haushalte hatten unterschiedliche Subkladen und zu große Zeitabstände zwischen den Erkrankungen, was gegen eine Haushaltsübertragung sprach.

Zudem wurden bei einer Person im Abstand von einem Jahr in einer Probe Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren und in einer anderen Influenza-B-Viren nachgewiesen.

Weiterhin gab es 21 Haushalte, bei denen von mindestens zwei Personen **SARS-CoV-2**-positive Proben sequenziert werden konnten.

- ▶ Bei neun Haushalten wurde dieselbe Sublinie nachgewiesen und der jeweilige Erkrankungsbeginn der Personen lag im Zeitfenster für potenzielle Folgefälle. Beides würde für eine Übertragung im Haushalt sprechen.
- ▶ Bei vier Haushalten wurde dieselbe Sublinie nachgewiesen, jedoch betrug das Intervall vom Symptombeginn des ersten Falls zum zweiten bei drei Haushalten 0 Tage und bei einem Haushalt deutlich mehr als 17 Tage. Somit befanden sich die Intervalle nicht innerhalb des Zeitfensters für potenzielle Folgefälle (s. Tab. 1; 1–17 Tage bei SARS-CoV-2). Bei drei der vier Haushalte gab es weitere Haushaltsmitglieder, die nicht an GrippeWeb-Plus teilnehmen. Somit könnten sich die Personen an einer dritten Person außerhalb oder innerhalb des Haushalts angesteckt haben.

- Bei acht weiteren Haushalten wurden unterschiedliche Sublinien detektiert und auch die Zeitpunkte der jeweiligen Erkrankungsbeginne lagen zu weit auseinander, als dass hier eine Haushaltsübertragung in Frage kam.

Darüber hinaus gab es acht Personen mit je zwei sequenzierten SARS-CoV-2-positiven Proben, bei denen jeweils eine andere Sublinie detektiert wurde. Die Proben wurden bei den meisten im Abstand von etwa 7–12 Monaten genommen, bei einer Person betrug das Intervall 26 Tage. Bei dieser Person wurde bei der ersten Probe die Sublinie MC.4 und bei der zweiten Probe die Sublinie KP.3.1.1 nachgewiesen. Da diese sich zwar im Spikeprotein nur um eine Aminosäure unterscheiden, jedoch MC.4 normalerweise als Sublinie von KP.3.1.1 gilt und zusätzlich in beiden Proben eine hohe Viruslast (niedriger Ct-Wert) festgestellt wurde, spricht dies dafür, dass sich die Person nach etwa einem Monat ein weiteres Mal ansteckte. Die unterschiedlichen Sublinien deuten somit in allen acht Fällen auf eine Reinfektion hin.

4) Häufigkeit bestimmter Influenzazukladen

In der **Influenzasaison 2023/24** wurden bei GrippeWeb-Plus wie auch im ARE-Praxis-Sentinel vor

allem **Influenza-A(H1N1)pdm09**-Viren nachgewiesen. Die Verteilung der Subkladen (C.1, C.1.8 und C.1.9) entsprach in etwa derjenigen aus dem ARE-Praxis-Sentinel und dem SARI-Krankenhaus-Sentinel,¹³ auch wenn die Subklade C.1.8 von GrippeWeb-Plus (Bevölkerung) über das ARE-Praxis-Sentinel (ambulant) zum SARI-Krankenhaus-Sentinel leicht zunehmend, aber nicht statistisch signifikant häufiger nachgewiesen wurde (p-Wert für Trend = 0,07; s. Abb. 5).

In der **Influenzasaison 2024/25** wurden bei GrippeWeb-Plus häufiger **Influenza-B-Viren** als Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren nachgewiesen (61 % vs. 24 %). Im ambulanten Bereich kamen beide Subtypen ähnlich häufig vor (49 % vs. 40 %), im stationären Bereich kehrte sich das Verhältnis sogar um (26 % vs. 62 %).¹⁴ Die Verteilung der Subkladen war für die Subtypen Influenza-A(H1N1)pdm09 und B ähnlich zu dem aus dem ARE-Praxis- und dem SARI-Krankenhaus-Sentinel.

Eine ähnliche Auswertung zur Verteilung der SARS-CoV-2-Sulinien auf Bevölkerungsebene im Vergleich zum ambulanten und stationären Bereich ist zurzeit in Arbeit.

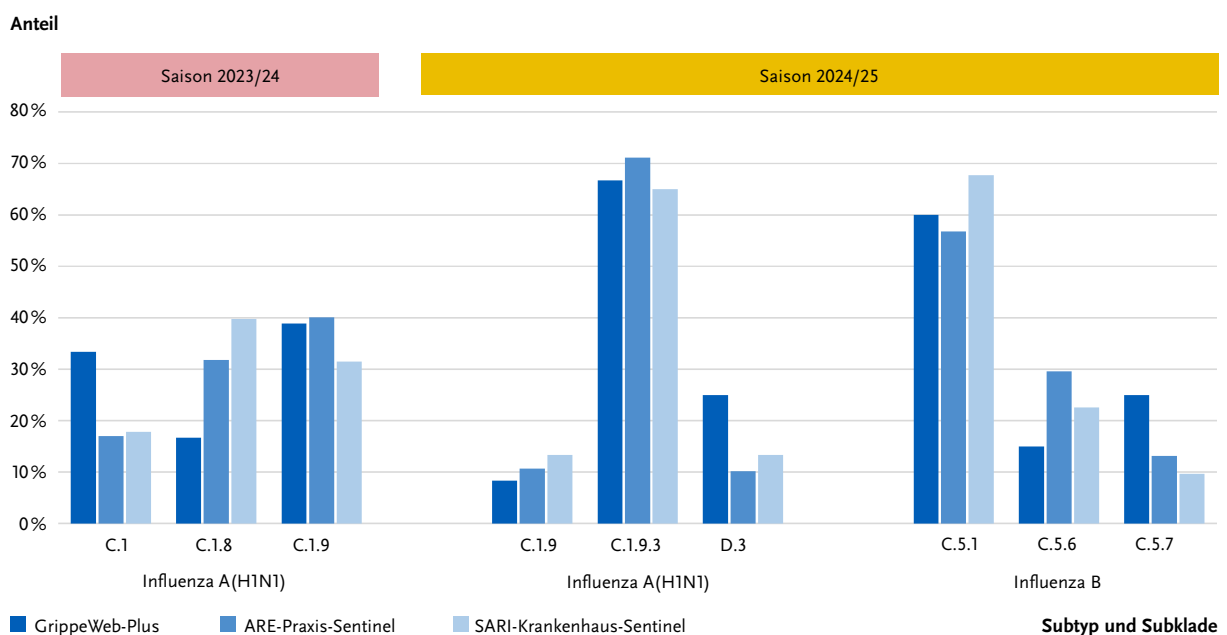


Abb. 5 | Anteil der am häufigsten sequenzierten Subkladen (Auswahl) an Proben mit Influenza-A(H1N1)pdm09- und -B-Viren bei GrippeWeb-Plus (für die Haushalte bereinigt), dem virologischen ARE-Praxis-Sentinel und dem SARI-Krankenhaus-Sentinel in der Saison 2023/24¹³ und 2024/25 (Oktober 2023 bis April 2025).

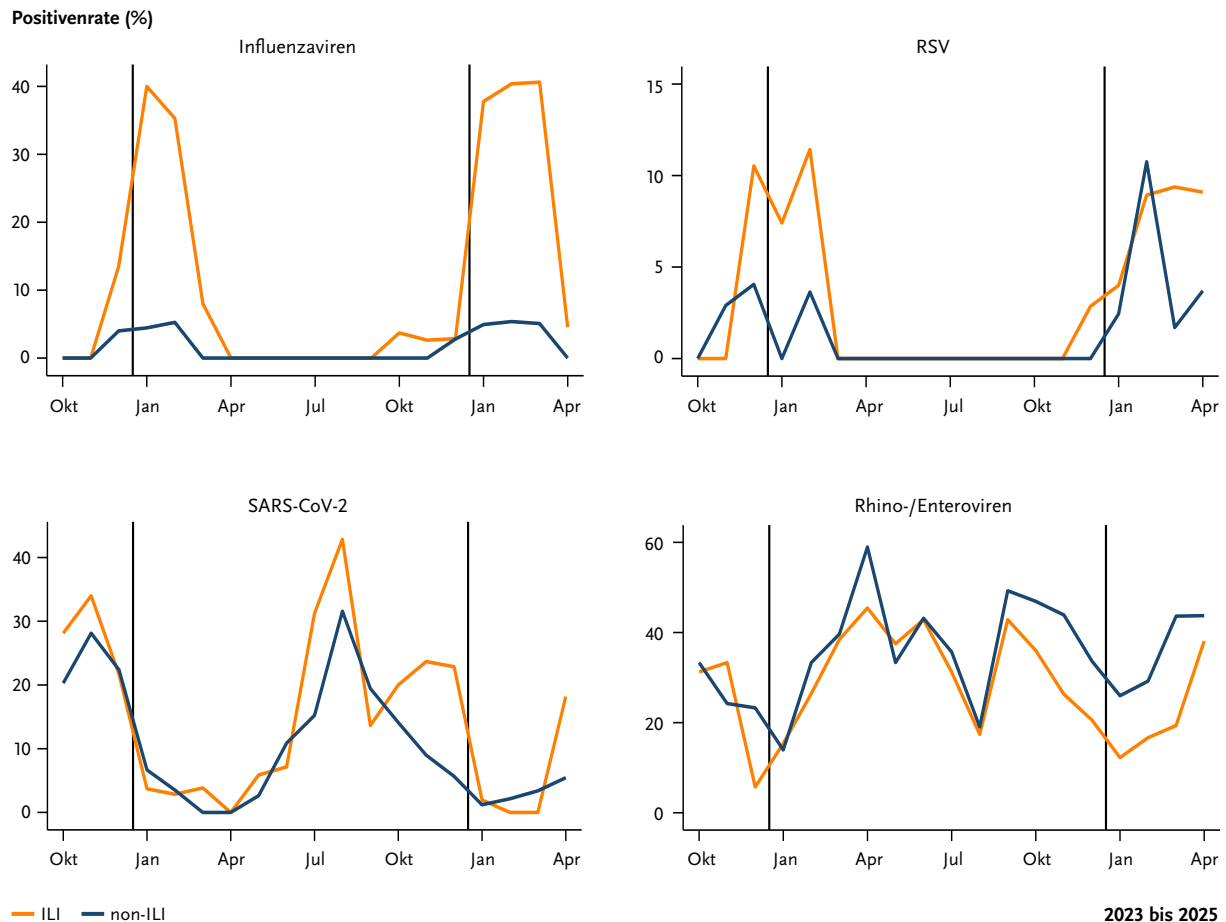


Abb. 6 | Positivenraten für Influenzaviren, RSV, SARS-CoV-2 und Rhino-/Enteroviren stratifiziert nach ILI- und non-ILI-Erkrankungen in der Saison 2023/24 und 2024/25 (Oktober 2023 bis April 2025). Der senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; RSV = Respiratorische Synzytialviren

5) Erregerspezifische Inzidenz auf Bevölkerungsebene

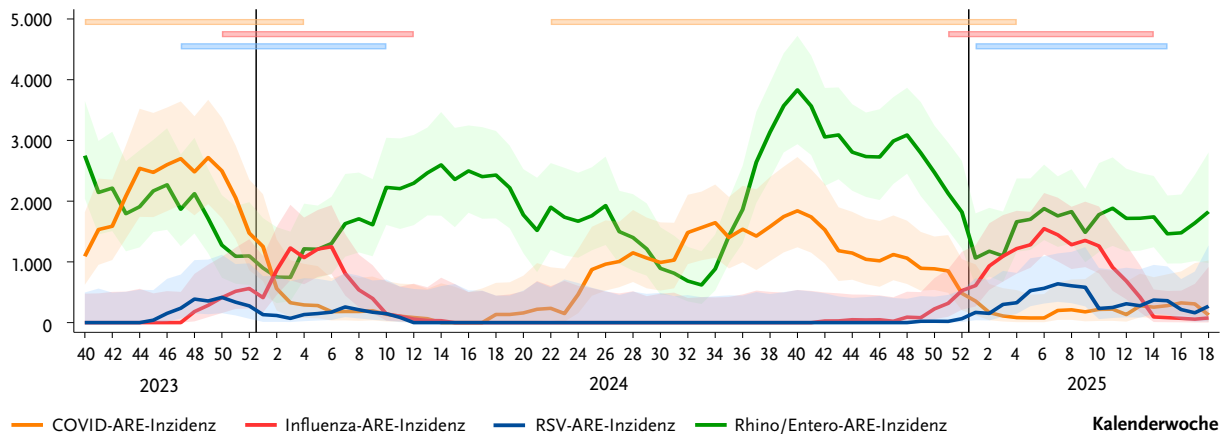
Die Positivenraten für ILI und non-ILI differieren stärker bei Nachweisen mit Influenzaviren und RSV als bei Nachweisen mit SARS-CoV-2 und Rhino-/Enteroviren (s. Abb. 6). Daher ist es sinnvoll, die erregerspezifische Inzidenz zunächst stratifiziert für ILI und non-ILI-Erkrankungen separat zu berechnen und diese dann zu addieren.

Die geschätzten bevölkerungsbezogenen Erregereinzenzen zeigen, dass sich vor dem Jahreswechsel 2023/24 eine starke COVID-19-Welle aufbaute, die gegen Ende des Jahres 2023 mit der RSV- und beginnenden Influenzawelle überlappte (s. Abb. 7A/B). Insgesamt fielen die Influenza- und RSV-Wellen geringer aus als die COVID-19-Welle. Ab Mitte des Jahres 2024 baute sich eine weitere COVID-19-Welle

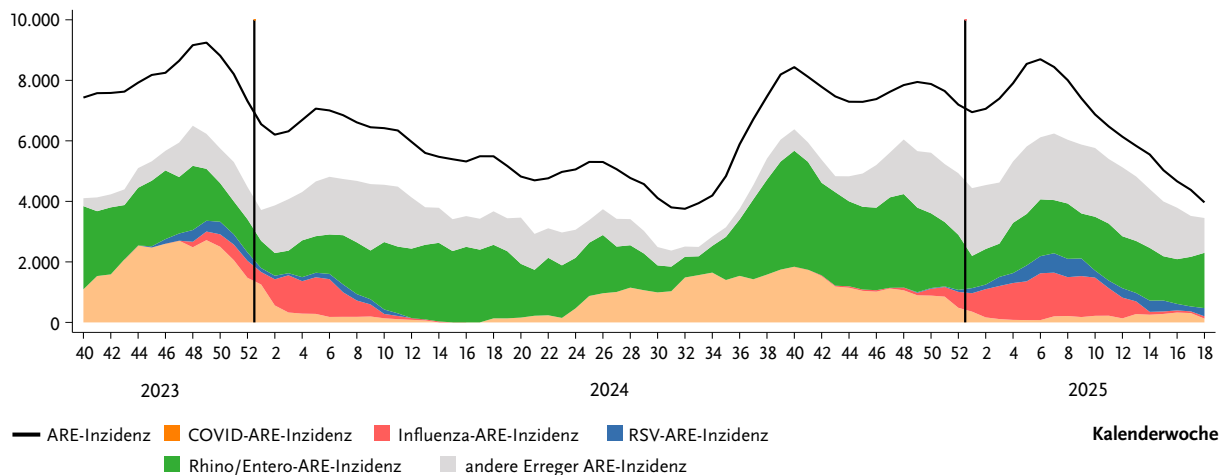
auf, die sich bis zum Jahresende 2024 erstreckte. Zum Jahreswechsel 2024/25 konnten wieder eine RSV- und Influenzawelle beobachtet werden, bei gleichzeitig geringer COVID-19-Aktivität. Mit Blick auf alle akuten Atemwegserkrankungen nahmen Rhino-/Enteroviren überwiegend den größten Anteil ein.

In Abbildung 7C ist die geschätzte kumulative erregerspezifische Inzidenz für die einzelnen Erregernwellen dargestellt. Kinder wiesen deutlich höhere Inzidenzen bei beiden Influenza- und RSV-Wellen auf, während Erwachsene bei COVID-19 ähnlich hohe oder sogar höhere Inzidenzen hatten. Die über den gesamten Zeitraum berechnete kumulative Rhino-/Enterovirusinzidenz betrug bei Kindern rund 367.000 und bei Erwachsenen rund 124.000, entsprechend ca. 2,3 Rhino-/Enterovirusinfektionen

Fälle pro 100.000 Einw.



Fälle pro 100.000 Einw.



Geschätzte kumulative Inzidenz

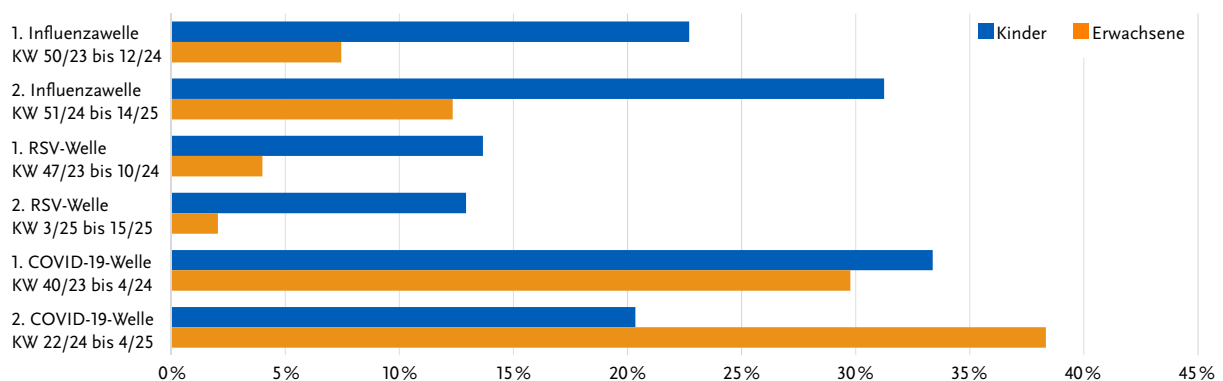


Abb. 7 | (A) Geschätzte erregerspezifische Inzidenz von Erkrankten mit Coronavirus Disease 2019 (COVID-19), Influenza, Respiratorische Synzytialviren (RSV), Rhino-/Enteroviren auf Bevölkerungsebene, d. h. unabhängig von einem Arztbesuch. Eingezeichnet ist zudem das 95%-Konfidenzintervall. Die waagerechten Balken am oberen Bildrand markieren den Zeitraum der Erkrankungswellen des jeweiligen Erregers (orange: COVID-19, rot: Influenza, blau: RSV). Für Influenza und RSV-Erkrankungen wurde die Wellendefinition des RKI verwendet. (B) Geschätzte Inzidenz akuter Atemwegserkrankungen (ARE) sowie der jeweilige Anteil der verschiedenen Erreger (Auswahl), der den ARE zuzuschreiben ist (Flächen). (A) und (B) Dargestellt ist ein über fünf Wochen geglätteter Wert. Der senkrechte Strich markiert den jeweiligen Jahreswechsel. (C) Geschätzte kumulative Erreger-ARE-Inzidenz für die einzelnen Erregerwellen stratifiziert nach Kindern und Erwachsenen.

bei Kindern und 0,8 bei Erwachsenen pro Jahr. Die Influenzawelle 2024/25 verlief sowohl bei Kindern als auch bei Erwachsenen stärker als die Welle 2023/24, während die RSV-Wellen etwa gleich stark waren.

Diskussion

Das virologisch-mikrobiologische System Grippe-Web-Plus ermöglicht eine Reihe zusätzlicher Auswertungen, insbesondere auch im Verbund mit den GrippeWeb-Daten. Dazu gehören die Beschreibung der erregerspezifischen Symptomatik, die Schätzung der sekundären Erkrankungsrate im Haushaltssetting, die genetische Nähe von Erregerstämmen unter Haushaltsangehörigen, die Häufigkeitsverteilung von Sublinien bzw. Subkladen im Vergleich zu derjenigen im ambulanten bzw. stationären Bereich und die Schätzung der erregerspezifischen Inzidenz auf Bevölkerungsebene.

Die Gesamtpositivenrate ist unter Nutzung des Multiplex-PCR-Tools mit 60 % bis 90 % hoch. Die verbliebenen Erkrankungen ohne Erregernachweis können durch nicht getestete Erreger (z. B. Streptokokken der Gruppe A oder *M. catharralis*) oder durch die Verwendung einer Probe aus dem vorderen Nasenbereich bedingt sein. Es gibt Hinweise, dass verschiedene Erreger, wie z. B. SARS-CoV-2, Rhinoviren, RSV und hMPV, häufiger in Sputum als in den oberen Atemwegen identifiziert werden können.^{15–18} Generell ist jedoch nicht jeder Erregernachweis zwangsläufig ursächlich für die Erkrankung.^{19,20}

Rhino-/Enteroviren waren die mit Abstand am häufigsten nachgewiesenen Erreger und waren – ähnlich wie bei hCoV – eher mit leichteren Atemwegserkrankungen assoziiert (s. Abb. 3). An Influenza Erkrankte zeigten häufiger systemische Symptome, insbesondere Fieber. Dagegen kamen Halsschmerzen seltener vor, aber immer noch bei der Hälfte der Fälle. Ähnliche Beobachtungen wurden von Geismar et al. beschrieben.²¹ COVID-19 nahm bei Erwachsenen bezüglich der Häufigkeit systemischer Symptome eine Mittelstellung zwischen Influenza und Erkrankungen durch hCoV bzw. Rhino-/Enteroviren ein. Bei Kindern verlief COVID-19 in unserer Auswertung ähnlich wie die durch hCoV oder Rhino-/Enteroviren hervorgerufenen (leichteren) Erkältungskrankheiten. Seit 2020

nahmen sowohl Schnupfen als auch Halsschmerzen bei COVID-19 zu,^{22,23} waren aber noch nicht so häufig wie zum Zeitpunkt dieser Studie. Fieber trat während der COVID-19-Pandemie bei Kindern mit COVID-19 häufiger oder ähnlich häufig auf wie bei Erwachsenen, aktuell ist dies aber seltener der Fall. Daher wirken sich höhere COVID-19-Inzidenzen bei Erwachsenen auch stärker auf die ILI-Raten in GrippeWeb aus als z. B. höhere Rhino-/Enterovirus-Inzidenzen, da Fieber Voraussetzung für die Erfüllung der ILI-Falldefinition ist. Hohe ILI-Inzidenzen bedeuten daher nicht zwangsläufig viele Influenzafälle. Darüber hinaus darf auf individueller Ebene – trotz der gezeigten Unterschiede – nicht allein aufgrund bestimmter Symptomkonstellationen auf einen ursächlichen Erreger geschlossen werden.

Der Vergleich der Symptommhäufigkeit aus Grippe-Web-Plus mit anderen Studien ist schwierig, da häufig Erreger oder Symptome variieren und viele Publikationen Meldedaten nutzen bzw. im klinischen Setting entstanden sind. Diese methodischen Unterschiede erlauben keine direkten Vergleiche. Am geeignetsten ist eine Veröffentlichung von Geismar et al.,²¹ in der Symptommhäufigkeiten aus Haushaltsstudien berechnet wurden (COVID-19: Daten aus 2020–2022; Influenza/Rhinoviren/hCoV: Daten aus 2006–2011). Insgesamt ist eine ähnliche Symptommhäufigkeit vor allem bei Influenza (Ausnahme: Halsschmerzen) gegeben. Bei den durch hCoV bzw. Rhinoviren hervorgerufenen Erkrankungen berichtet Geismar tendenziell über höhere Symptommhäufigkeiten.²¹ Die bei COVID-19 höhere Fieberrate von 41 % in unserer Studie nähert sich den von Geismar berichteten 19 % an, wenn wir dieselbe Fieberdefinition verwenden (gemessene $\geq 38^{\circ}\text{C}$; 28 %). Es gibt eine Übereinstimmung in der Beurteilung, dass sich aktuellere SARS-CoV-2-Varianten zunehmend wie typische „Erkältungsviren“ manifestieren.

Der Vorteil der Beschreibung der Symptommhäufigkeit in GrippeWeb-Plus im Vergleich zu den Meldedaten ist, dass die Symptomangaben vor der Labor Diagnostik erfolgen und damit weniger durch Vorurteilen (Halo-Effekt-Bias) beeinflusst sind. Zudem werden auch Personen einbezogen, die keine ärztliche Praxis aufsuchen, deren Symptommhäufigkeit sich von ambulanten Patientinnen und

Patienten unterscheiden kann. Ein weiterer Vorteil von GrippeWeb-Plus ist die stetig wachsende Datengrundlage, die künftig eine immer genauere, auch nach Alter oder Geschlecht differenzierte Beschreibung erregerspezifischer Erkrankungen ermöglicht.

Erkrankungsraten unter Haushaltskontakten haben die Einschränkung, dass häufig nicht alle Haushaltsmitglieder über GrippeWeb-Plus erfasst werden. Das muss *per se* die Ergebnisse nicht verzerren. Zwar könnten zusätzliche Familienmitglieder weitere Infektionsquellen darstellen, Erfahrungen aus der COVID-19-Pandemie zeigen jedoch, dass der Infektionsdruck durch den Primärfall im Haushalt so hoch ist, dass dies vermutlich wenig Einfluss hat.²⁴ Unabhängig davon ist es natürlich möglich, dass nicht alle Erkrankungen aufgrund fehlender Probeneinsendungen bei GrippeWeb-Plus erfasst sind. Daher sind die ermittelten Werte als Mindestschätzung zu verstehen, die eine grobe Einschätzung zur Übertragbarkeit des Erregers liefern. Bei den hier gezeigten Ergebnissen ist zum einen auffällig, dass die SER_{HH} von COVID-19 deutlich niedriger ist als in den ersten pandemischen Jahren (2020–2022) geschätzt wurde. Die SER_{HH} betrug in Metaanalysen 15,5 % (Wildtyp), 36,4 % (Alpha-Variante), 29,7 % (Delta-Variante) und 42,7 % (frühe Omikron-Varianten).²⁵ Studien mit Daten ab 2023 sind rar²⁶ und wir konnten keine identifizieren, die im Jahr 2024 durchgeführt wurde. Möglicherweise hat die Übertragbarkeit bzw. Suszeptibilität (Empfänglichkeit) infolge der häufigen Antigenkontakte ([wiederholte] Impfungen und Infektionen) inzwischen stark abgenommen. Die Analysen zeigen ebenfalls, dass die SER_{HH} bei quasi allen bei GrippeWeb-Plus untersuchten Erregern höher ist, wenn ein Kind der Primärfall ist. Die höhere Infektiosität von Kindern gegenüber Erwachsenen wurde für Influenza auch von anderen Autorinnen und Autoren gefunden.^{27–29} Für Influenza wurde gezeigt, dass die höhere Infektiosität von Kindern vor allem dann gegeben ist, wenn der Primärfall auch Fieber hat, während eine höhere Sheddingrate (d. h. Ausmaß der Virusausscheidung) von geringerer Bedeutung ist.²⁹ Im Pandemiefall wäre die Rekrutierung ganzer Haushalte für Haushaltsstudien vorzuziehen. Dennoch könnten auch GrippeWeb-Plus-Teilnehmende als zusätzliche Evidenz dienen, um die SER_{HH} zu bestimmen.

Als „Proof of Concept“ haben wir zudem gezeigt, dass Sequenzierungsergebnisse bei Influenzaviren und SARS-CoV-2 herangezogen werden können, um Haushaltsübertragungen zu überprüfen, auch wenn sie keinen Beweis erbringen. Bei vier von elf Mehrfacherkrankungen durch Influenzaviren und bei neun von 21 COVID-19-Mehrfacherkrankungen in Haushaltssettings spricht der Nachweis derselben Subklade bzw. Sublinie sowie die zeitliche Nähe der Erkrankungen für eine Haushaltsübertragung. Bei drei weiteren Haushalten mit identischem Erkrankungsbeginn könnte es ebenfalls zu einer Übertragung von SARS-CoV-2 im Haushalt gekommen sein, da bei SARS-CoV-2 präsymptomatisches Shedding nicht selten vorkommt und in Einzelfällen sogar eine Übertragung trotz gleichem Erkrankungsbeginn belegt werden konnte.³⁰ Interessant war auch die Auswertung der Sequenzierungsergebnisse bei acht Personen mit je zwei sequenzierten SARS-CoV-2-positiven Proben. Bei allen gab es Hinweise auf eine Reinfektion. Während sieben der acht Reinfektionen 7–12 Monate nach der früheren Infektion auftraten, war das Zeitintervall bei dem achten Fall mit 26 Tagen sehr kurz, in der Literatur als so genannte „Early Reinfektion“ bezeichnet. Die erste Infektion mit der Sublinie MC.4 konnte die zweite Infektion mit der eng verwandten Sublinie KP.3.1.1 nach nur vier Wochen offenbar nicht verhindern. Solche frühen Reinfektionen können zwischen prä-Omikron- und Omikron-Stämmen oder zwischen einer Omikron BA.1- und BA.2-Infektion auftreten.^{31,32} Es wurde aber auch über frühe Reinfektionen zwischen zwei Omikron-Sublinien oder gar zwischen zwei Stämmen derselben Sublinie berichtet, unabhängig vom Impfstatus oder der medizinischen Vorgeschichte.³³

Die Gesamtgenomsequenzierung erlaubt den Vergleich der Subkladen- bzw. Sublinienverteilung innerhalb der Bevölkerung sowie in der ambulanten bzw. stationären Versorgung und kann insbesondere im Pandemiefall helfen, neue Erreger hinsichtlich ihrer Schwere einzuschätzen.³⁴ Es könnte z. B. sein, dass eine bestimmte Influenzasubklade unter Erkrankten auf Intensivstation viel häufiger anzutreffen ist als unter Erkrankten in der Bevölkerung oder unter Nachweisen von Influenzaviren aus dem Abwasser. Für die Berechnung der Anteile in der Bevölkerung haben wir nun für SARS-CoV-2 und

Influenzaviren die Prozesswege für die Sequenzierung etabliert. Die bisherigen Ergebnisse zeigen zwar für die Subklade C.1.8 (Influenza A(H1N1)pdm09 in Saison 2023/2024 einen Trend, dieser ist jedoch nicht statistisch signifikant, d.h. es sind keine wesentlichen Unterschiede in der Häufigkeitsverteilung der Subkladen auf Bevölkerungsebene im Vergleich zum ambulanten und stationären Bereich zu erkennen. Darüber hinaus ist zu berücksichtigen, dass es auch zu regionalen bzw. zeitlichen Unterschieden kommen kann, die aber nur mit einer größeren Fallzahl genauer analysiert werden könnten.

Zuletzt haben wir die Möglichkeit der Schätzung der erregerspezifischen bevölkerungsbezogenen Inzidenz von Atemwegserkrankungen aufgezeigt. Während und nach der COVID-19-Pandemie wurde versucht, die tatsächliche Anzahl von SARS-CoV-2-Infektionen oder -Erkrankungen mit Hilfe von Modellierungen,^{35–37} der Infektionssterblichkeit^{35,36} oder aus Abwasserdaten^{36,38} zu schätzen. Vorteile unserer Methode sind, dass sie leicht auf andere Erreger anpassbar ist, mehrere Erreger gleichzeitig ausgewertet werden können und differenziertere Auswertungen, z. B. nach Alter, möglich sind. Über die kumulative Inzidenz lassen sich verschiedene Wellen (auch altersstratifiziert) miteinander vergleichen. In der Ergebnisbewertung war auffällig, dass Erwachsene nur bei COVID-19 ähnlich hohe oder sogar höhere kumulative Inzidenzen hatten als Kinder. Während der Influenzawellen waren Erwachsene weniger stark betroffen (s. Abb. 7C). Die RSV-Welle 2023/24 betraf vor allem Säuglinge und Kleinkinder bis vier Jahre³⁹ und hatte nur einen relativ geringen Einfluss auf die Gesamt-ARE-Inzidenz.

Die erregerspezifische Inzidenz erlaubt zudem die Berechnung der Letalität, definiert als Anteil der Verstorbenen unter allen Erkrankten. Dieser Parameter ist wichtig für die Einstufung der „Gefährlichkeit“ (Virulenz) eines Erregers und unterscheidet sich von der Fall-Verstorbenen-Rate (welche sich nur auf die Zahl der gemeldeten Personen bezieht) und der Infektions-Verstorbenen-Rate (welche sich auf die Zahl aller Infizierten bezieht). Abhängig von der Immunität in der Bevölkerung können sich beide Größen über die Zeit ändern. Somit hat die

Schätzung der Letalität auch für eine zukünftige Pandemie eine große Bedeutung.

Zu den Limitationen von GrippeWeb-Plus gehört, dass die Ergebnisse bezüglich der Präzision (erkennbar am breiten Konfidenzintervall der erregerspezifischen Inzidenzen) nur orientierende Aussagekraft haben. Zudem gehen bei der Berechnung der SER_{HH} verschiedene Annahmen ein, die nicht notwendigerweise zutreffen müssen, wie z. B. dass der erste uns bekannte Fall (Indexfall) auch der tatsächlich erste Fall (Primärfall) ist. Stattdessen könnte auch ein nicht an GrippeWeb-Plus teilnehmendes Haushaltsmitglied die Erkrankung in den Haushalt eingeführt haben. Zudem nehmen wir an, dass die Erkrankungsrate bei den bei GrippeWeb-Plus teilnehmenden Haushaltsmitgliedern derjenigen im Gesamthaushalt entsprechen. Weiterhin könnte die Symptommhäufigkeit etwas unterschätzt sein. Da die Symptomerhebung sehr zeitnah nach dem Erkrankungsbeginn erfolgt (Median von Erkrankungsbeginn bis Probenahme = 1 Tag) könnten Symptome, die sich erst im Laufe der Erkrankung entwickeln, möglicherweise nicht erfasst sein.

Schlussfolgerungen

GrippeWeb-Plus ist eine vielseitige und leistungsstarke Ergänzung von GrippeWeb und kann auch in zukünftigen Pandemien zeitnah wichtige Daten beitragen. Dazu gehören vor allem die erregerspezifische Häufigkeit von Symptomen, die Häufigkeitsverteilung bestimmter Stämme, Varianten oder (Sub-)Kladen im Vergleich zu ambulanten oder stationären Patientinnen und Patienten sowie die Schätzung der tatsächlichen momentanen Krankheitslast auf Bevölkerungsebene. Entscheidend ist hier vor allem die Vergleichsmöglichkeit mit üblichen saisonalen ARE-Geschehen im gleichen Setting, um die pandemische Situation dann besser einordnen zu können. Für präzisere, etwa altersspezifische Aussagen müsste die Anzahl der beitragenden Personen bei GrippeWeb-Plus deutlich erhöht werden.

Literatur

- 1 Manuguerra JC, Mosnier A, Paget WJ, Eiss. Monitoring of influenza in the EISS European network member countries from October 2000 to April 2001. *Euro Surveill.* 2001;6(9):127–35.
- 2 Goerlitz L, Tolksdorf K, Buchholz U, Prahm K, Preuss U, An der Heiden M, et al. [Monitoring of COVID-19 by extending existing surveillance for acute respiratory infections]. *Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz.* 2021;64(4):395–402.
- 3 Erdwiens A, Hackmann C, Tolksdorf K, Stroetmann I, Reiche J, Schmidt L, et al. Virologische SARI-Surveillance – epidemiologische Auswertungen der Saison 2023/24. *Epid Bull* 2024;38:8-15.
- 4 Haussig JM, Targosz A, Engelhart S, Herzhoff M, Prahm K, Buda S, et al. Feasibility study for the use of self-collected nasal swabs to identify pathogens among participants of a population-based surveillance system for acute respiratory infections (GrippeWeb-Plus)-Germany, 2016. *Influenza Other Respir Viruses.* 2019;13(4):319–30.
- 5 Brandt C, Krautwurst S, Spott R, Lohde M, Jundzill M, Marquet M, et al. poreCov-An Easy to Use, Fast, and Robust Workflow for SARS-CoV-2 Genome Reconstruction via Nanopore Sequencing. *Frontiers in Genetics.* 2021;Volume 12 - 2021.
- 6 Viroinformatics, Genome Competence Centre (MF1), Robert Koch Institute, Winter K, Fuchs S, Lataretu M, et al. (2024). FluPipe (v1.0.2). Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.13684955>.
- 7 Robert Koch Institut. RKI-Ratgeber; available at: <https://www.rki.de/DE/Aktuelles/Publikationen/RKI-Ratgeber/rki-ratgeber-node.html>; accessed on: 17.01.2025.
- 8 Kimberlin DW, Banerjee R, Barnett E, Lynfield R, Sawyer MH. Red Book 2024 : Report of the Committee on Infectious Diseases: American Academy of Pediatrics; 2024.
- 9 Robert Koch-Institut. Informationen des RKI zu MERS-Coronavirus. Verfügbar unter: <https://www.rki.de/DE/Themen/Infektionskrankheiten/Infektionskrankheiten-A-Z/M/MERS/MERS-CoV.html> (abgerufen am: 16.08.2025).
- 10 Wedde M, Reiche J, Duwe S, Biere B, Köndgen S, Paraskevopoulou S, et al. Virologische Analysen im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren während der Influenzasaison. *Epid Bull* 2024;24:16-38.
- 11 Goldstein E, Viboud C, Charu V, Lipsitch M. Improving the estimation of influenza-related mortality over a seasonal baseline. *Epidemiology.* 2012;23(6):829–38.
- 12 Buchholz U, Lehfeld AS, Tolksdorf K, Cai W, Reiche J, Biere B, et al. Respiratory infections in children and adolescents in Germany during the COVID-19 pandemic. *J Health Monit.* 2023;8(2):20–38.
- 13 Wedde M, Reiche J, Duwe S, Biere B, Köndgen S, Paraskevopoulou S, et al. Virologische Analysen im Nationalen Referenzzentrum für Influenzaviren während der Influenzasaison 2023/24. *Epid Bull* 2024;38:16-21; DOI 10.25646/12793.
- 14 Erdwiens A, Hackmann C, Preuß U, Reiche J, Biere B, Duwe S, et al. Virologische ARE- und SARI-Surveillance – Zirkulation von Atemwegsviren in der Saison 2024/25. *Epid Bull* 2025;35:29-40.
- 15 Mohammadi A, Esmaeilzadeh E, Li Y, Bosch RJ, Li JZ. SARS-CoV-2 detection in different respiratory sites: A systematic review and meta-analysis. *EBioMedicine.* 2020;59:102903.
- 16 Kim KJ, Yun SG, Cho Y, Nam MH, Lee CK. Usefulness of Combining Sputum and Nasopharyngeal Samples for Viral Detection by Reverse Transcriptase PCR in Adults Hospitalized with Acute Respiratory Illness. *Microbiol Spectr.* 2022;10(6):e0277522.
- 17 Onwuchekwa C, Moreo LM, Menon S, Machado B, Curcio D, Kalina W, et al. Underascertainment of Respiratory Syncytial Virus Infection in Adults Due to Diagnostic Testing Limitations: A Systematic Literature Review and Meta-analysis. *J Infect Dis.* 2023;228(2):173–84.
- 18 Yajima T, Takahashi H, Kimura N, Sato K, Jingu D, Ubukata S, et al. Comparison of sputum specimens and nasopharyngeal swab specimens for diagnosis of acute human metapneumovirus-related lower respiratory tract infections in adults. *J Clin Virol.* 2022;154:105238.
- 19 van Gageldonk-Lafeber AB, Heijnen ML, Bartelds AI, Peters MF, van der Plas SM, Wilbrink B. A case-control study of acute respiratory tract infection in general practice patients in The Netherlands. *Clin Infect Dis.* 2005;41(4):490–7.
- 20 Spuesens EB, Fraaij PL, Visser EG, Hoogenboezem T, Hop WC, van Adrichem LN, et al. Carriage of *Mycoplasma pneumoniae* in the upper respiratory tract of symptomatic and asymptomatic children:

- an observational study. *PLoS Med.* 2013;10(5):e1001444.
- 21 Geismar C, Nguyen V, Fragaszy E, Shrotri M, Navaratnam AMD, Beale S, et al. Symptom profiles of community cases infected by influenza, RSV, rhinovirus, seasonal coronavirus, and SARS-CoV-2 variants of concern. *Sci Rep.* 2023;13(1):12511.
- 22 Lehfeld A-S, Buda S, Haas W, Hauer B, Schulze-Wundling K, Buchholz U. Änderung des COVID-Symptomprofils während der Coronapandemie – Analyse der deutschen Meldedaten. *Deutsches Ärzteblatt.* 2023;120(24):420–1.
- 23 Vihta KD, Pouwels KB, Peto TE, Pritchard E, House T, Studley R, et al. Omicron-associated changes in SARS-CoV-2 symptoms in the United Kingdom. *Clin Infect Dis.* 2022;76(3):e133–41.
- 24 Buchholz U, Schulze K, An der Heiden M. Household clusters reveal household- and variant-specific properties of SARS-CoV-2. *Epidemiology and infection.* 2022:1–9.
- 25 Madewell ZJ, Yang Y, Longini IM, Jr., Halloran ME, Dean NE. Household Secondary Attack Rates of SARS-CoV-2 by Variant and Vaccination Status: An Updated Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA Netw Open.* 2022;5(4):e229317.
- 26 Godoy P, Martinez-Baz I, Parron I, Garcia-Cenoz M, Ferras J, Carol M, et al. Vaccinated COVID-19 Index Cases Are Less Likely to Transmit SARS-CoV-2 to Their Household Contacts: A Cohort Study. *Vaccines (Basel).* 2024;12(3).
- 27 Viboud C, Boelle PY, Cauchemez S, Lavenu A, Valleron AJ, Flahault A, et al. Risk factors of influenza transmission in households. *Br J Gen Pract.* 2004;54(506):684–9.
- 28 Nishiura H, Oshitani H. Household transmission of influenza (H1N1-2009) in Japan: age-specificity and reduction of household transmission risk by zanamivir treatment. *J Int Med Res.* 2011;39(2):619–28.
- 29 Zhang C, Fang VJ, Chan KH, Leung GM, Ip DKM, Peiris JSM, et al. Interplay Between Viral Shedding, Age, and Symptoms in Individual Infectiousness of Influenza Cases in Households. *J Infect Dis.* 2025;231(2):462–70.
- 30 Bohmer MM, Buchholz U, Corman VM, Hoch M, Katz K, Marosevic DV, et al. Investigation of a COVID-19 outbreak in Germany resulting from a single travel-associated primary case: a case series. *Lancet Infect Dis.* 2020;20(8):920–8.
- 31 Seid AG, Yirko T, Sayeed S, Plipat N. Infection with SARS-CoV-2 Omicron Variant 24 Days after Non-Omicron Infection, Pennsylvania, USA. *Emerg Infect Dis.* 2022;28(9):1911–3.
- 32 Nevejan L, Cuypers L, Laenen L, Van Loo L, Vermeulen F, Wollants E, et al. Early SARS-CoV-2 Reinfections within 60 Days and Implications for Retesting Policies. *Emerg Infect Dis.* 2022;28(8):1729–31.
- 33 Rodriguez-Grande C, Estevez A, Palomino-Cabrera R, Molero-Salinas A, Penas-Utrilla D, Herranz M, et al. Early SARS-CoV-2 Reinfections Involving the Same or Different Genomic Lineages, Spain. *Emerg Infect Dis.* 2023;29(6):1154–61.
- 34 Sievers C, Zacher B, Ullrich A, Huska M, Fuchs S, Buda S, et al. SARS-CoV-2 Omicron variants BA.1 and BA.2 both show similarly reduced disease severity of COVID-19 compared to Delta, Germany, 2021 to 2022. *Euro Surveill.* 2022;27(22).
- 35 Giattino C. How epidemiological models of COVID-19 help us estimate the true number of infections. Zugegriffen am: 28.07.2024. Verfügbar unter: <https://ourworldindata.org/covid-models>. 2020.
- 36 Rauch W, Schenk H, Rauch N, Harders M, Oberacher H, Insam H, et al. Estimating actual SARS-CoV-2 infections from secondary data. *Sci Rep.* 2024;14(1):6732.
- 37 Reese H, Iuliano AD, Patel NN, Garg S, Kim L, Silk BJ, et al. Estimated Incidence of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Illness and Hospitalization-United States, February-September 2020. *Clin Infect Dis.* 2021;72(12):e1010–e7.
- 38 McManus O, Christiansen LE, Nauta M, Krogsgaard LW, Bahrenscheer NS, von Kappelgaard L, et al. Predicting COVID-19 Incidence Using Wastewater Surveillance Data, Denmark, October 2021-June 2022. *Emerg Infect Dis.* 2023;29(8):1589–97.
- 39 Cai W, Tolksdorf K, Reiche J, Haas W, Diercke M, Buda S. Epidemiologische Situation der RSV-Infektionen auf Basis der Meldedaten für die erste Saison 2023/24 nach Einführung der RSV-Meldepflicht in Deutschland. *Epid Bull* 2023;37:3-14.

Autorinnen und Autoren

- ^{a)} Ann-Sophie Lehfeld | ^{a)} Dr. Udo Buchholz |
^{a)} Kerstin Prahm | ^{a)} Ute Preuß | ^{a)} Dr. Romy Kerber |
^{a)} Dr. Silke Buda | ^{a)} Prof. Walter Haas | ^{b)} Melanie Hoffmeister | ^{b)} Caroline Eberle | ^{b)} Prof. Andreas Nitsche | ^{c)} Dr. Marianne Wedde | ^{c)} Dr. Ralf Dürrwald |
^{d)} Dr. Inga Eichhorn | ^{d)} Dr. Thomas Krannich |
^{d)} Dimitri Ternovoj | ^{d)} Dr. Sofia Paraskevopoulou |
^{d)} Dr. Somayyeh Sedaghatjoo | ^{d)} Marie Lataretu |
^{d)} Dr. Stephan Fuchs | ^{e)} Dr. Matthias an der Heiden |
^{a)} Lilian Ellerich | ^{b)} Dr. Janine Michel
- ^{a)} Robert Koch-Institut, Abteilung für Infektions-epidemiologie, FG36 Respiratorisch übertragbare Erkrankungen
- ^{b)} Robert Koch-Institut, Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene, ZBS1 Hoch-pathogene Viren
- ^{c)} Robert Koch-Institut, Abteilung für Infektionskrankheiten, FG 17 Influenzaviren und weitere Viren des Respirationstraktes
- ^{d)} Robert Koch-Institut, Methodenentwicklung, Forschungsinfrastruktur und Informationstechnologie, MF1 Genom-Kompetenzzentrum
- ^{d)} Robert Koch-Institut, Abteilung für Infektions-epidemiologie, FG 34 HIV/AIDS und andere sexuell oder durch Blut übertragbare Infektionen

Korrespondenz: lehfelda@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autorinnen und Autoren erklären, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Vorgeschlagene Zitierweise

Lehfeld AS, Buchholz U, Prahm K, Preuß U, Kerber R, Buda S, Haas W, Hoffmeister M, Eberle C, Nitsche A, Wedde M, Dürrwald R, Eichhorn I, Krannich T, Ternovoj D, Paraskevopoulou S, Sedaghatjoo S, Lataretu M, Fuchs S, an der Heiden M, Ellerich L, Michel J: Symptomprofile, Erkrankungsraten und Sequenzierung der häufigsten Atemwegserreger auf Bevölkerungsebene

Epid Bull 2025;35:14-29 | 10.25646/13390

Danksagung

Wir bedanken uns bei allen Teilnehmenden bei GrippeWeb und GrippeWeb-Plus für ihre Unterstützung sowie bei Frau Enge für die Beratung im Datenschutz und bei Frau Heldt für die Unterstützung bei der Literatursuche (beide RKI). Wir bedanken uns zudem beim technischen Personal, das an der gene-

tischen Charakterisierung von Influenzaviren beteiligt war, insbesondere Heike Fischer und Maria Smallfield sowie Katja Ranke, Niels Henschel und Carolin Auerswald für die Durchführung der Vollgenomsequenzierungen. Schließlich möchten wir uns auch bei dem ZBS1 Diagnostikteam für die technische Assistenz bedanken.

Finanzierung

GrippeWeb-Plus wurde für die Jahre 2024 und 2025 im Rahmen der Durchführung von Sonderforschungsprojekten vom RKI finanziell unterstützt.

Open access



Creative Commons Namensnennung 4.0 International

Virologische ARE- und SARI-Surveillance – Zirkulation von Atemwegsviren in der Saison 2024/25

Einleitung

Eine kontinuierliche Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) und schwerer akuter respiratorischer Infektionen (SARI) wird seit Langem von internationalen Gesundheitsbehörden empfohlen.¹

Im ambulanten Bereich erfolgt eine virologische Sentinelsurveillance (ARE-Surveillance) seit der Saison 1997/98 durch das Nationale Referenzzentrum für Influenzaviren (NRZI) und dient der Erfassung der aktuell bundesweit zirkulierenden Atemwegsviren.² Ergänzend wurde am Robert Koch-Institut (RKI) in Zusammenarbeit mit dem HELIOS-Klinikverbund seit der Saison 2019/20 eine virologische SARI-Surveillance im stationären Bereich als Pilotprojekt etabliert.³ Ziel ist es, Informationen darüber zu gewinnen, welche viralen Erreger und deren Varianten schwere Atemwegsinfektionen verursachen. Die gewonnenen Erkenntnisse ergänzen die Ergebnisse der virologischen ARE-Surveillance und ermöglichen eine umfassendere Bewertung des Infektionsgeschehens.

Für die Saison 2024/25 (Kalenderwoche [KW] 40/2024 bis KW 20/2025) wurden die Ergebnisse der virologischen ARE- und SARI-Surveillance in Ergänzung zu den ARE-Wochenberichten zusammenfassend ausgewertet.⁴ Besonderes Augenmerk lag dabei auf der Anzahl der eingesandten Proben, der Positivenrate (PR) der im NRZI identifizierten Atemwegsviren sowie auf der Verteilung der Influenza-subtypen während der Grippewelle.

Methoden

Virologische ARE-Surveillance

An der virologischen ARE-Surveillance beteiligen sich derzeit 125 ambulante ärztliche Praxen, von denen etwa die Hälfte pädiatrische und die übrigen allgemeinmedizinische, internistische oder gemischte Praxen sind. In den beteiligten Sentinelpra-

xen wurden Kinder und Erwachsene jeglichen Alters mit ARE-Symptomatik rekrutiert. Eine ARE wurde definiert als das Vorliegen von mindestens einem der vier folgenden Symptome: Husten, Schnupfen, Halsschmerzen oder Fieber. Nach schriftlicher Einwilligung zur Studienteilnahme wurden Nasen- und/oder Rachenabstriche entnommen. Zusätzlich wurden demografische und klinische Daten papierbasiert erfasst. Die Proben wurden im NRZI mittels real-time Polymerase-Kettenreaktion (PCR) auf Influenza-A- und -B-Viren, Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Rhinoviren, Parainfluenzaviren (PIV), Adenoviren, humane Coronaviren (hCoV) und Influenza-C-Viren untersucht.

Virologische SARI-Surveillance

Die virologische SARI-Surveillance umfasst aktuell 15 Krankenhäuser, von denen sieben Krankenhäuser ausschließlich SARI-Patientinnen und -Patienten im Erwachsenenalter, ein Krankenhaus ausschließlich SARI-Patientinnen und -Patienten im Kindesalter und sieben Krankenhäuser sowohl Erwachsene als auch Kinder in die Untersuchungen einbeziehen. In den teilnehmenden Sentinelkrankenhäusern wurden Kinder und Erwachsene jeglichen Alters beprobt, die mit einer akuten Atemwegserkrankung stationär aufgenommen wurden und bei denen eine Einwilligung zur Studienteilnahme und Probenentnahme innerhalb der ersten 48 Stunden nach Aufnahme möglich war. Probenentnahme und Datenerhebung erfolgten analog zur ARE-Surveillance. Die Proben wurden im NRZI mittels PCR auf die oben genannten Erreger(gruppen) untersucht.

Datenanalyse

Für die vorliegenden Analysen wurden Daten aus der virologischen ARE- und SARI-Surveillance der Saison 2024/25 im Zeitraum von KW 40/2024 bis KW 20/2025 mit Datenstand vom 20.6.2025 genutzt.

Für alle ausgewählten Erreger(gruppen) wurde die PR pro KW berechnet. Die PR gibt den Anteil der jeweils positiven Virusnachweise an allen eingesandten Proben mit Entnahmedatum in der entsprechenden KW an. Zusätzlich wurde die kumulierte PR für den gesamten Betrachtungszeitraum getrennt nach den Altersgruppen 0 bis 1 Jahr, 2 bis 4 Jahre, 5 bis 14 Jahre, 15 bis 34 Jahre, 35 bis 59 Jahre und ab 60 Jahre berechnet. Im Rahmen der virologischen SARI-Surveillance erfolgte darüber hinaus eine differenziertere Auswertung für die Altersgruppen 60 bis 79 Jahre sowie ab 80 Jahre. Alle statistischen Analysen wurden in Stata 17 durchgeführt. Die Ergebnisse werden getrennt für den ambulanten (ARE) und stationären Bereich (SARI) vorgestellt und anschließend gemeinsam diskutiert.

Ergebnisse

Anzahl der eingeschlossenen Patientinnen und Patienten

ARE

Im Untersuchungszeitraum von KW 40/2024 bis KW 20/2025 wurden im Rahmen der virologischen ARE-Surveillance insgesamt 5.344 Patientinnen und Patienten in 125 Sentinelpraxen rekrutiert. Die Anzahl eingesandter Proben pro KW variierte zwischen 32 Proben in KW 52/2024 und 334 Proben in KW 5/2025 während der Grippewelle. Im Durchschnitt wurden wöchentlich 162 Proben entnommen (s. Abb. 1A).

Im Verlauf der Saison 2024/25 wurden Proben aus allen sechs Altersgruppen eingesandt. Die Mehrzahl der Proben stammte von Schulkindern im Alter von 5 bis 14 Jahren ($n=1.297$) sowie von Erwachsenen zwischen 35 und 59 Jahren ($n=1.135$). Aus den übrigen Altersgruppen wurden weniger Proben eingesandt, am wenigsten von Personen ab 60 Jahren ($n=572$). Der Altersdurchschnitt der ARE-Patientinnen und -Patienten lag insgesamt bei 24 Jahren (Spanne 0–101 Jahre) (s. Tab. 1A).

SARI

In die virologische SARI-Surveillance wurden von KW 40/2024 bis KW 20/2025 insgesamt 1.498 Patientinnen und Patienten aus 12 einsendenden Sentinelkrankenhäusern einbezogen. Die wöchent-

liche Probenanzahl variierte zwischen 15 Proben in KW 16/2025 und 81 Proben in KW 5/2025 während der Grippewelle. Im Durchschnitt wurden 45 Proben pro KW entnommen (s. Abb. 1B).

Aus allen sieben Altersgruppen wurden in der Saison 2024/25 Proben eingesandt. Der Großteil der Proben stammte von Erwachsenen ab 60 Jahren ($n=434$ für 60- bis 79-Jährige sowie $n=255$ für ab 80-Jährige) und Kindern unter zwei Jahren ($n=275$). Die Anzahl der eingesandten Proben aus den übrigen Altersgruppen war deutlich geringer, am niedrigsten für die 15- bis 34-Jährigen ($n=83$). Der Altersdurchschnitt der SARI-Patientinnen und -Patienten lag insgesamt bei 43 Jahren (Spanne: 0–104 Jahre) (s. Tab. 1B).

Nachweis viraler Atemwegserreger

ARE

In der Saison 2024/25 wurden in insgesamt 3.662 der 5.344 eingesandten Proben (69 %) respiratorische Viren identifiziert. Es gab 447 Doppel-, 43 Dreifach- und 12 Vierfachinfektionen (12 %, 1 % sowie 0,3 % aller Proben mit Erregernachweisen), an denen zumeist Rhinoviren bzw. Adenoviren in Kombination mit anderen Viren des untersuchten Erregerpanels beteiligt waren. Die meisten Mehrfachinfektionen wurden mit 127 Doppel-, 15 Dreifach- und zwei Vierfachinfektionen bei den 0- bis 1-Jährigen nachgewiesen.

Bei Kindern wurden insgesamt deutlich häufiger virale Atemwegserreger nachgewiesen als bei Erwachsenen. In den Altersgruppen der 0- bis 4-Jährigen konnten in mehr als 80 % aller untersuchten Proben Atemwegsviren nachgewiesen werden. Bei Personen ab 15 Jahren lag der Anteil positiver Virusnachweise zwischen 59 % und 65 %.

Bei Säuglingen (0 bis 1 Jahr) dominierten Rhinoviren und RSV. In der Altersgruppe der 2- bis 4-Jährigen wurden neben Rhinoviren und Influenza-B-Viren auch häufig RSV und Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren detektiert. Bei Schulkindern zwischen 5 und 14 Jahren wurden am häufigsten Influenza-B-Viren nachgewiesen, gefolgt von Rhinoviren und Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren. Bei den jungen Erwachsenen im Alter von 15 bis 34 Jahren wur-

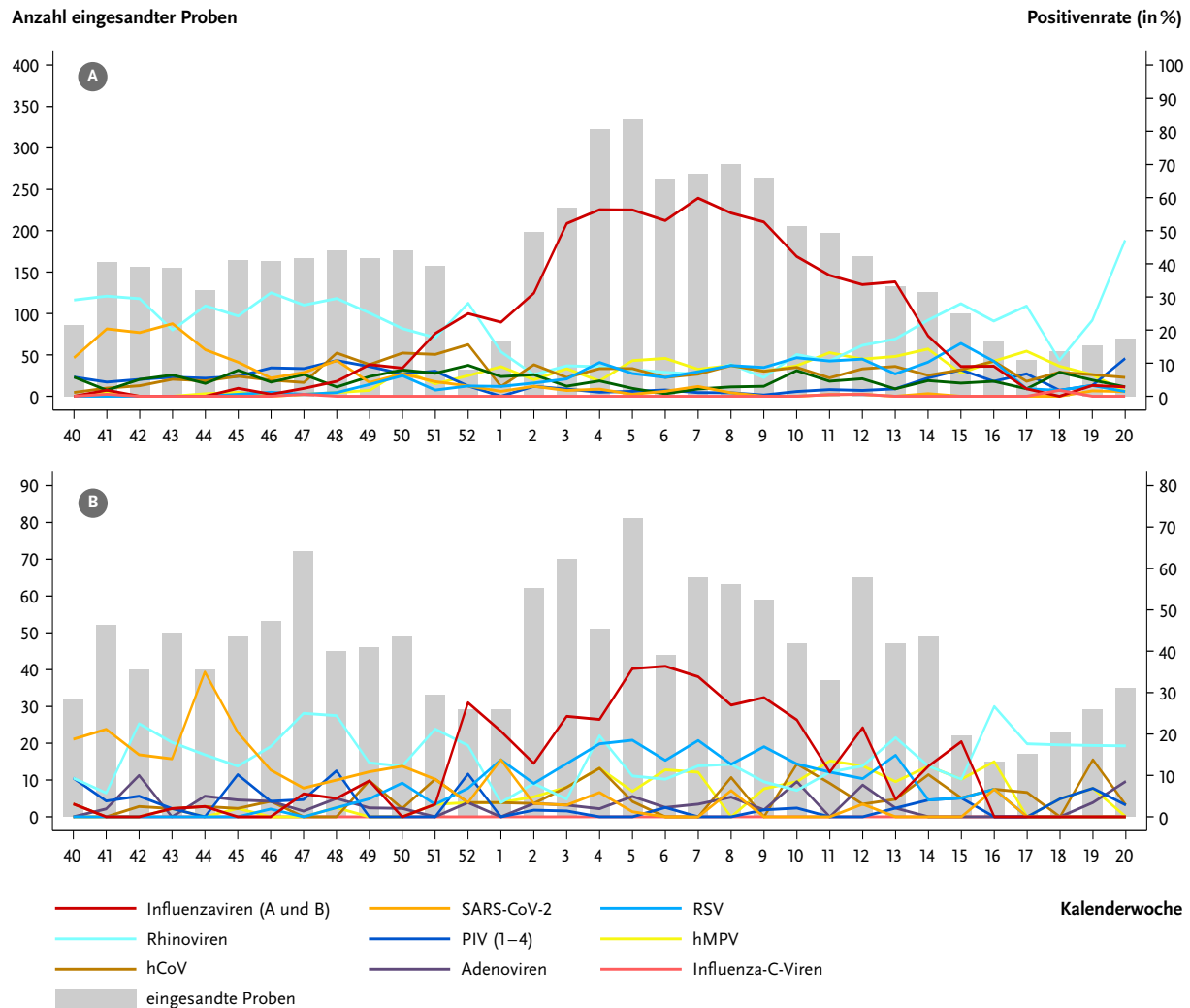


Abb. 1 | Anteil der Nachweise für Influenza-A- und -B-Viren, humane Coronaviren (hCoV), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2 (SARS-CoV-2), Respiratorische Synzytialviren (RSV), humane Metapneumoviren (hMPV), Parainfluenzaviren (PIV), Adeno- und Rhinoviren sowie Influenza-C-Viren (Positivenrate; rechte y-Achse) an allen im Rahmen der virologischen ARE-Surveillance (A) und der virologischen SARI-Surveillance (B) eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) von Kalenderwoche (KW) 40/2024 bis KW 20/2025.

den vorrangig Influenza-B-Viren und Rhinoviren detektiert. In der Altersgruppe der 35- bis 59-Jährigen dominierten Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren, gefolgt von Influenza-B-Viren und Rhinoviren. Bei Erwachsenen ab 60 Jahren wurden Rhinoviren und Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren am häufigsten detektiert (s. Tab. 1A).

SARI

In insgesamt 767 der 1.498 eingesandten Proben (51 %) wurden respiratorische Viren identifiziert. Es lagen 75 Doppel- und neun Dreifachinfektionen vor (10 % sowie 1 % aller Proben mit Erregernachwei-

sen), an denen in den meisten Fällen Rhinoviren bzw. RSV in Kombination mit anderen Viren des untersuchten Erregerpanels beteiligt waren. Die meisten Doppel- und Dreifachinfektionen wurden mit 41 Doppel- und fünf Dreifachinfektionen bei den 0- bis 1-Jährigen nachgewiesen.

Bei Kindern wurden insgesamt deutlich häufiger virale Atemwegserreger nachgewiesen als bei Erwachsenen. Bei unter 2-Jährigen waren in rund drei Viertel aller untersuchter Proben Atemwegsviren nachweisbar, bei Personen ab 15 Jahren in weniger als der Hälfte (s. Tab. 1B).

A

Altersgruppe (Jahre)	0–1	2–4	5–14	15–34	35–59	60+	Gesamt
Anzahl eingesandter Proben	702	696	1.297	893	1.135	572	5.344*
Probenanzahl mit Virusnachweis (Positivenrate in %)							
Gesamt	573 (82 %)	564 (81 %)	872 (67 %)	547 (61 %)	733 (65 %)	340 (59 %)	3.662 (69 %)
Influenzaviren							
A (nicht subtypisiert)	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	0 (0 %)	4 (0,5 %)	5 (0,4 %)	2 (0,4 %)	13 (0,2 %)
A (H3N2)	9 (1 %)	29 (4 %)	41 (3 %)	31 (3 %)	35 (3 %)	11 (2 %)	156 (3 %)
A (H1N1)pdm09	54 (8 %)	89 (13 %)	145 (11 %)	84 (9 %)	187 (16 %)	73 (13 %)	638 (12 %)
B	38 (5 %)	102 (15 %)	333 (26 %)	148 (17 %)	135 (12 %)	12 (2 %)	771 (14 %)
SARS-CoV-2	27 (4 %)	10 (1 %)	25 (2 %)	46 (5 %)	89 (8 %)	50 (9 %)	249 (5 %)
RSV	100 (14 %)	87 (13 %)	36 (3 %)	15 (2 %)	31 (3 %)	31 (5 %)	303 (6 %)
hMPV	74 (11 %)	64 (9 %)	74 (6 %)	34 (4 %)	57 (5 %)	34 (6 %)	345 (6 %)
PIV (1-4)	59 (8 %)	55 (8 %)	57 (4 %)	5 (0,6 %)	18 (2 %)	15 (3 %)	210 (4 %)
Rhinoviren	217 (31 %)	150 (22 %)	169 (13 %)	144 (16 %)	122 (11 %)	86 (15 %)	901 (17 %)
hCoV	64 (9 %)	56 (8 %)	76 (6 %)	54 (6 %)	101 (9 %)	39 (7 %)	396 (7 %)
Adenoviren	87 (12 %)	67 (10 %)	50 (4 %)	19 (2 %)	5 (0,4 %)	4 (0,7 %)	236 (4 %)
Influenza-C-Viren	4 (0,6 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	1 (0,1 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	5 (0,1 %)

B

Altersgruppe (Jahre)	0–1	2–4	5–14	15–34	35–59	60–79	80+	Gesamt
Anzahl eingesandter Proben	275	132	135	83	173	434	255	1.498**
Probenanzahl mit Virusnachweis (Positivenrate in %)								
Gesamt	218 (79 %)	94 (71 %)	71 (53 %)	35 (42 %)	64 (37 %)	162 (37 %)	118 (46 %)	762 (51 %)
Influenzaviren								
A (nicht subtypisiert)	1 (0,4 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	1 (0,6 %)	1 (0,2 %)	1 (0,4 %)	4 (0,3 %)
A (H3N2)	2 (0,7 %)	3 (2 %)	2 (2 %)	3 (4 %)	2 (1 %)	6 (1 %)	2 (0,8 %)	20 (1 %)
A (H1N1)pdm09	20 (7 %)	9 (7 %)	7 (5 %)	4 (5 %)	23 (13 %)	39 (9 %)	28 (11 %)	130 (9 %)
B	17 (6 %)	5 (4 %)	16 (12 %)	8 (10 %)	3 (2 %)	1 (0,2 %)	5 (2 %)	55 (4 %)
SARS-CoV-2	12 (4 %)	1 (0,7 %)	1 (0,7 %)	2 (2 %)	8 (5 %)	37 (9 %)	41 (16 %)	102 (7 %)
RSV	62 (23 %)	17 (13 %)	5 (4 %)	2 (2 %)	3 (2 %)	14 (3 %)	13 (5 %)	116 (8 %)
hMPV	21 (8 %)	15 (11 %)	4 (3 %)	4 (5 %)	6 (3 %)	12 (3 %)	12 (5 %)	74 (5 %)
PIV (1-4)	17 (6 %)	7 (5 %)	3 (2 %)	1 (1 %)	0 (0 %)	9 (2 %)	2 (0,8 %)	39 (3 %)
Rhinoviren	69 (25 %)	38 (29 %)	37 (27 %)	10 (12 %)	11 (6 %)	24 (6 %)	12 (5 %)	201 (14 %)
hCoV	21 (8 %)	5 (4 %)	1 (0,7 %)	1 (1 %)	7 (4 %)	23 (5 %)	7 (3 %)	65 (4 %)
Adenoviren	26 (9 %)	10 (8 %)	2 (1 %)	1 (1 %)	3 (2 %)	3 (0,7 %)	2 (0,8 %)	47 (3 %)
Influenza-C-Viren	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)	0 (0 %)

Tab. 1 | Anzahl eingesandter Proben und Positivenraten der untersuchten viralen Atemwegserreger in der virologischen ARE-Surveillance (A) und in der virologischen SARI-Surveillance (B) gesamt und pro Altersgruppe für den Zeitraum von KW 40/2024 bis KW 20/2025.

* n = 49 ohne Altersangabe; ** n = 11 ohne Altersangabe; SARS-CoV-2 = Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Type 2; RSV = Respiratorische Synzytialviren, hMPV = humane Metapneumoviren; PIV = Parainfluenzaviren; hCoV = humane Coronaviren

Bei Säuglingen (0–1 Jahr) dominierten RSV und Rhinoviren. In der Altersgruppe der 2- bis 4-Jährigen wurden neben RSV und Rhinoviren auch hMPV häufiger detektiert. Bei SARI-Patientinnen und -Patienten im Alter von 5 bis 34 Jahren wurden am häufigsten Rhinoviren nachgewiesen, gefolgt von Influenza-B-Viren. In der Altersgruppe der 35- bis 59-Jährigen dominierten Influenza-A(H1N1)

pdm09-Viren, gefolgt von SARS-CoV-2 und Rhinoviren. Bei Erwachsenen zwischen 60 und 79 Jahren wurden Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren und SARS-CoV-2 ähnlich häufig detektiert. In der Altersgruppe ab 80 Jahren war SARS-CoV-2 der am häufigsten nachgewiesene Erreger, gefolgt von Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren (s. Tab. 1B).

Häufigkeit und saisonales Auftreten verschiedener Atemwegsviren

ARE

In der Saison 2024/25 wurden in 1.554 eingesandten Proben (29 %) Influenzaviren detektiert. Die ersten Nachweise traten in KW 41/2024 auf, der Höhepunkt lag in KW 7/2025 mit einer PR von 60 %. Bei Schulkindern fiel der Anteil in dieser KW mit 76 % deutlich höher aus. Der letzte Influenzavirusnachweis im Beobachtungszeitraum wurde in KW 20/2025 verzeichnet (s. [Abb. 1A](#)).

249 Proben (5 %) wurden im Untersuchungszeitraum (KW 40/2024 bis KW 20/2025) positiv auf SARS-CoV-2 getestet. Die höchste Nachweisrate gab es in KW 43/2024 (22 %) (s. [Abb. 1A](#)). Am häufigsten wurde SARS-CoV-2 bei Personen ab 60 Jahren festgestellt (9 %) (s. [Tab. 1A](#)).

RSV wurde in 6 % aller untersuchten Proben (n=303) nachgewiesen. Die ersten RSV-Nachweise erfolgten in KW 45/2024. Die PR für RSV erreichte in KW 15/2025 ihren höchsten Wert mit 16 %. Der letzte RSV-Nachweis im Beobachtungszeitraum wurde in KW 20/2025 verzeichnet (s. [Abb. 1A](#)). Besonders betroffen waren die jüngste Altersgruppe (0–1 Jahre, 14 %), aber auch die 2- bis 4-Jährigen (13 %) (s. [Tab. 1A](#)).

HMPV konnte in 345 Proben (6 %) festgestellt werden, mit einem Maximum der PR in KW 14/2025 (14 %) (s. [Abb. 1A](#)). Am häufigsten traten hMPV-Infektionen bei Kindern unter 5 Jahren auf (11 % bei den 0- bis 1-Jährigen, 9 % bei den 2- bis 4-Jährigen) (s. [Tab. 1A](#)).

210 Proben (4 %) waren positiv für PIV. Der Höhepunkt der PIV-PR im Beobachtungszeitraum wurde in KW 20/2025 beobachtet (11 %) (s. [Abb. 1A](#)). Bei den beiden jüngsten Altersgruppen (0 bis 1 Jahre, 2 bis 4 Jahre) wurde PIV am häufigsten detektiert (jeweils 8 %) (s. [Tab. 1A](#)).

Rhinoviren waren mit 17 % PR (n=901) die zweithäufigsten nachgewiesenen respiratorischen Viren. Die höchsten Werte der Rhinovirus-PR wurden zum Anfang bzw. Ende der Wintersaison in KW 41/2024 und KW 20/2025 erreicht (30 % und 41 %) (s.

[Abb. 1A](#)). Rhinoviren wurden in allen Altersgruppen detektiert, besonders bei Kindern unter zwei Jahren (31 %) (s. [Tab. 1A](#)).

396 der 5.344 untersuchten Proben (7 %) wurden positiv auf hCoV getestet. Die hCoV-PR war in KW 52/2024 am höchsten (16 %) (s. [Abb. 1A](#)). Vorwiegend wurden hCoV bei Kindern im Alter von 0 bis 1 Jahre sowie bei Erwachsenen zwischen 35 und 59 Jahren detektiert (jeweils 9 %) (s. [Tab. 1A](#)).

Adenoviren wurden in 236 Proben (4 %) nachgewiesen, mit einem Höhepunkt der Adenoviren-PR in KW 52/2024 (9 %) (s. [Abb. 1A](#)). Die Nachweisrate war bei den 0- bis 1-Jährigen am höchsten (12 %) (s. [Tab. 1A](#)).

Influenza-C-Virusnachweise gab es kaum (0,1 %, n=5), vorrangig in der jüngsten Altersgruppe (0 bis 1 Jahr) (s. [Tab. 1A](#)).

SARI

In 207 der 1.498 eingesandten Proben (14 %) wurden Influenzaviren nachgewiesen. In KW 40/2024 gab es die ersten Influenzavirusnachweise. Der Höhepunkt der Influenzavirus-PR wurde in KW 5/2025 mit 36 % erreicht. Der letzte Influenzavirusnachweis wurde in KW 15/2025 verzeichnet (s. [Abb. 1B](#)).

SARS-CoV-2 wurden mit einer PR von 7 % (n=103) seltener als Influenzaviren detektiert. Das saisonale Maximum der PR von SARS-CoV-2 lag in KW 44/2024 bei 35 % (s. [Abb. 1B](#)). Am stärksten betroffen war die Altersgruppe der ab 80-jährigen (s. [Tab. 1B](#)).

116 der 1.498 untersuchten Proben (8 %) waren positiv für RSV. Die PR für RSV hatte ihren Gipfel in KW 9/2025 mit 17 %. Der letzte RSV-Nachweis im Beobachtungszeitraum erfolgte in KW 16/2025 (s. [Abb. 1B](#)). RSV war in der jüngsten Altersgruppe (0 bis 1 Jahr) am häufigsten (s. [Tab. 1B](#)).

HMPV wurden in 74 Proben (5 %) identifiziert, mit der höchsten PR in KW 11/2025 (14 %, s. [Abb. 1B](#)). Die hMPV-Nachweise konzentrierten sich auf Kinder unter 5 Jahre (8 % bei den 0- bis 1-Jährigen, 11 % bei den 2- bis 4-Jährigen) (s. [Tab. 1B](#)).

Rhinoviren waren mit einer PR von 14 % ($n=204$) ähnlich häufig wie Influenzaviren. Ihre PR war jeweils zum Saisonanfang und -ende in KW 47/2024 (25 %) und KW 16/2025 (27 %) am höchsten (s. Abb. 1A). Rhinovirusnachweise verteilten sich auf alle Altersgruppen, waren jedoch am häufigsten bei Kindern unter 5 Jahren (29 %) (s. Tab. 1B).

HCoV wurde in 65 der 1.498 Proben (4 %) festgestellt. Die höchste hCoV-PR lag in KW 19/2025 bei 14 % (s. Abb. 1B). Vorwiegend betroffen waren Kinder im Alter von 0 bis 1 Jahren (8 %, s. Tab. 1B).

Adenoviren wurden mit einer PR von 3 % ($n=47$) seltener nachgewiesen. Der Höhepunkt der Adenoviren-PR trat in KW 42/2024 mit 10 % auf (s. Abb. 1B). Die Altersgruppe der unter 5-Jährigen wurde am häufigsten positiv auf Adenoviren getestet (9 % bei den 0- bis 1-Jährigen, 8 % bei den 2- bis 4-Jährigen) (s. Tab. 1B).

39 der 1.498 Proben (3 %) waren positiv für PIV. Die PIV-PR erreichte ihr Maximum in KW 40/2024 (9 %) (s. Abb. 1B). Am häufigsten traten PIV in der Altersgruppe der unter 2-Jährigen auf (6 %) (s. Tab. 1A).

Influenza-C-Viren wurden in der virologischen SARI-Sentinelveillance nicht nachgewiesen.

Charakteristika der zirkulierenden Influenza-subtypen

ARE

Von den insgesamt 1.578 nachgewiesenen Influenzaviren waren 638 (40 %) Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren, 156 (10 %) Influenza-A(H3N2)-, 13 nicht subtypisierte Influenza-A- (1 %) und 771 (49 %) Influenza-B-Viren (s. Tab. 1A). Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren wurden erstmals in KW 41/2024 nachgewiesen. Nach zunächst sporadischem Auftreten stieg die PR ab KW 48 deutlich an und erreichte mit 29 % in KW 4/2025 ihren Höhepunkt, gefolgt von einem allmählichen Rückgang.

Influenza-B-Viren wurden etwas später, ab KW 45/2024 detektiert und zirkulierten dann gleichzeitig mit Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren. Ab KW 51 zeigte sich eine kontinuierliche Zunahme der Nachwei-

se von Influenza-B-Viren. Ab KW 6/2025 dominierten Influenza-B-Viren das virologische Geschehen mit einem Höhepunkt von 36 % in KW 7/2025.

Influenza-A(H3N2)-Viren wurden lediglich vereinzelt zwischen KW 41/2024 und KW 16/2025 nachgewiesen (s. Abb. 2A).

Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren wurden vor allem in der jüngsten Altersgruppe (0 bis 1 Jahr; 54 % der Influenzanachweise) sowie bei Personen ab 35 Jahren (53 bis 75 % der Influenzanachweise) nachgewiesen. Influenza-B-Viren dominierten dagegen bei Schulkindern (5 bis 14 Jahre; 65 % der Influenzanachweise) und jungen Erwachsenen (15 bis 34 Jahre; 56 % der Influenzanachweise). Influenza-A(H3N2)-Viren traten nur vereinzelt auf und waren über alle Altersgruppen verteilt (s. Abb. 3A).

SARI

Unter den insgesamt 210 nachgewiesenen Influenzaviren bei 207 Patientinnen und Patienten waren 131 (62 %) Influenza-A(H1N1)pdm09-, 20 (10 %) -A(H3N2)- und 55 (26 %) Influenza-B-Viren (s. Tab. 1B). In vier Fällen konnte kein Influenza-A-Subtyp bestimmt werden. Es lagen drei Doppelinfectionen mit Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren und Influenza-B-Viren vor. Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren wurden schon zu Beginn des Beobachtungszeitraums in KW 40/2024 nachgewiesen. Nach zunächst sporadischem Auftreten stieg die PR ab KW 51 deutlich an und erreichte mit 26 % in KW 5/2025 ihren Höhepunkt, gefolgt von einem allmählichen Rückgang bis KW 16/2025.

Influenza-B-Viren wurden ab KW 44/2024 detektiert. Ab KW 3/2025 zeigte sich ein Anstieg der PR, die in KW 7/2025 mit 17 % ihren Höhepunkt erreichte. Der letzte Nachweis erfolgte in KW 15/2025. Insgesamt lag die PR von Influenza-B-Viren dauerhaft unter der von Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren.

Influenza-A(H3N2)-Viren wurden deutlich seltener zwischen KW 48/2024 und KW 15/2025 nachgewiesen (s. Abb. 2B).

In den Altersgruppen bis einschließlich 4 Jahre entfielen etwa 50 % der Influenzanachweise auf Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren und 29 % bis 44 % auf

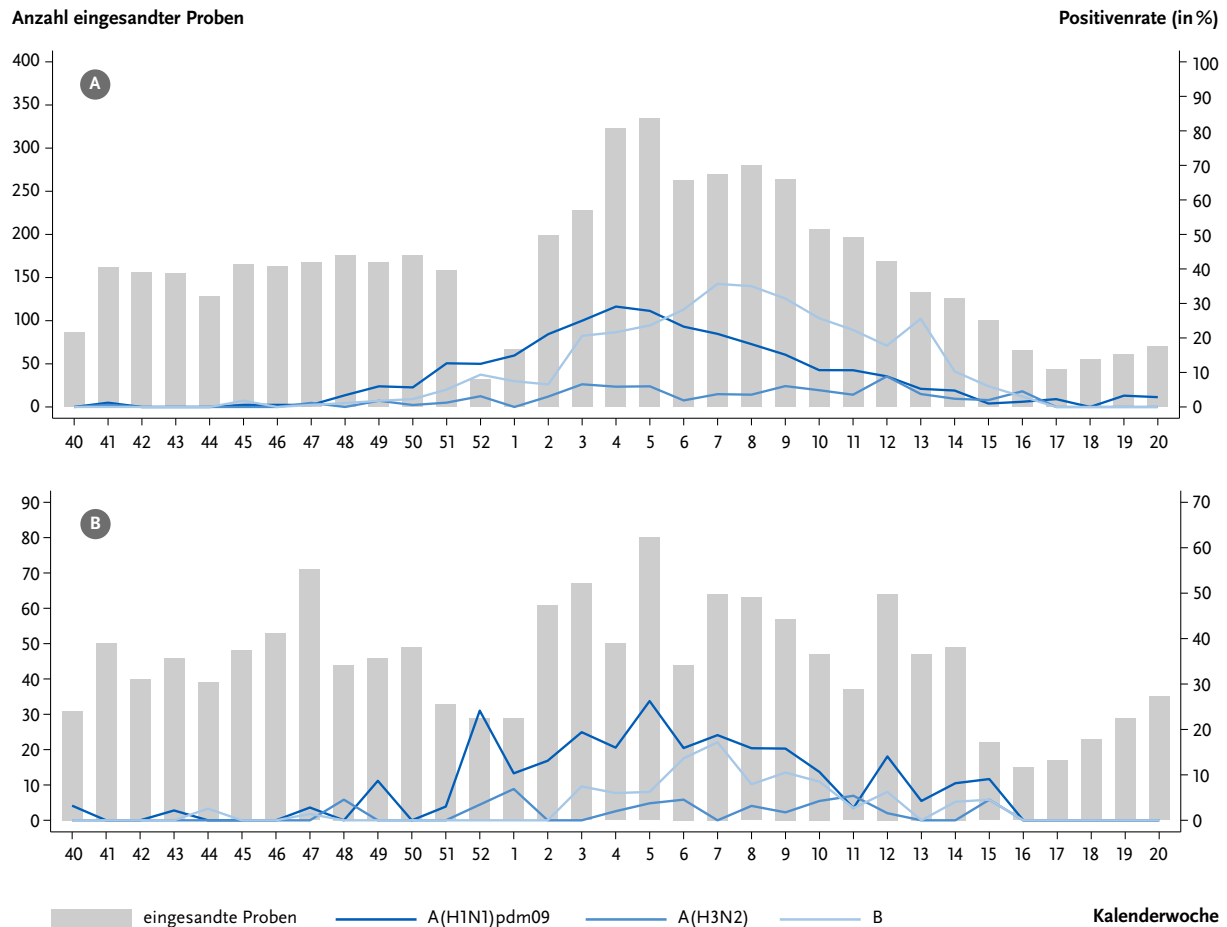


Abb. 2 | Anzahl eingesandter Proben und Anteile der Nachweise von Influenza-A(H1N1)pdm09-, -A(H3N2)- und -B-Viren an allen im Rahmen der virologischen ARE-Surveillance (A) und der virologischen SARI-Surveillance (B) eingesandten Proben (linke y-Achse, graue Balken) von Kalenderwoche (KW) 40/2024 bis KW 20/2025. .

Influenza-B-Viren. In den mittleren Altersgruppen von 5 bis 34 Jahren wurden vermehrt Influenza-B-Viren nachgewiesen (53 % bis 67 % der Influenzanachweise). In den höheren Altersgruppen ab 35 Jahren dominierten Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren mit etwa 80 % der Influenzanachweise. Influenza-A(H3N2)-Viren machten in allen Altersgruppen den geringsten Anteil der nachgewiesenen Influenzaviren aus. Die häufigsten Nachweise dieses Subtyps lagen mit 20 % in der Altersgruppe der 15- bis 34-Jährigen vor (s. Abb. 3B).

Diskussion

Auch in der Saison 2024/25 lieferten sowohl die virologische ARE- als auch die SARI-Surveillance erneut umfassende Daten zum Erregerspektrum akuter Atemwegserkrankungen im ambulanten und

stationären Bereich. Analog zu den Vorjahren wurden im Rahmen der ARE-Surveillance vorrangig Proben von Kindern unter fünf Jahren, Schulkindern (5 bis 14 Jahre) und Erwachsenen im Alter von 35 bis 59 Jahren eingesandt. In der SARI-Surveillance waren hingegen insbesondere Kinder unter zwei Jahren sowie ältere Erwachsene (ab 60 Jahre) vertreten. Der Altersdurchschnitt der ARE-Patientinnen und -Patienten lag mit 24 Jahren deutlich unter dem der SARI-Patientinnen und -Patienten (43 Jahre), was dem generellen Trend der Altersverteilung von ambulant behandelten bzw. hospitalisierten Personen entspricht.⁵

In der virologischen ARE-Surveillance wurden insgesamt häufiger respiratorische Erreger nachgewiesen als in der SARI-Surveillance (69 % vs. 51 %). Unabhängig vom Surveillancesystem war die Nach-

Prozentualer Anteil der Influenza-Subtypen (in %)

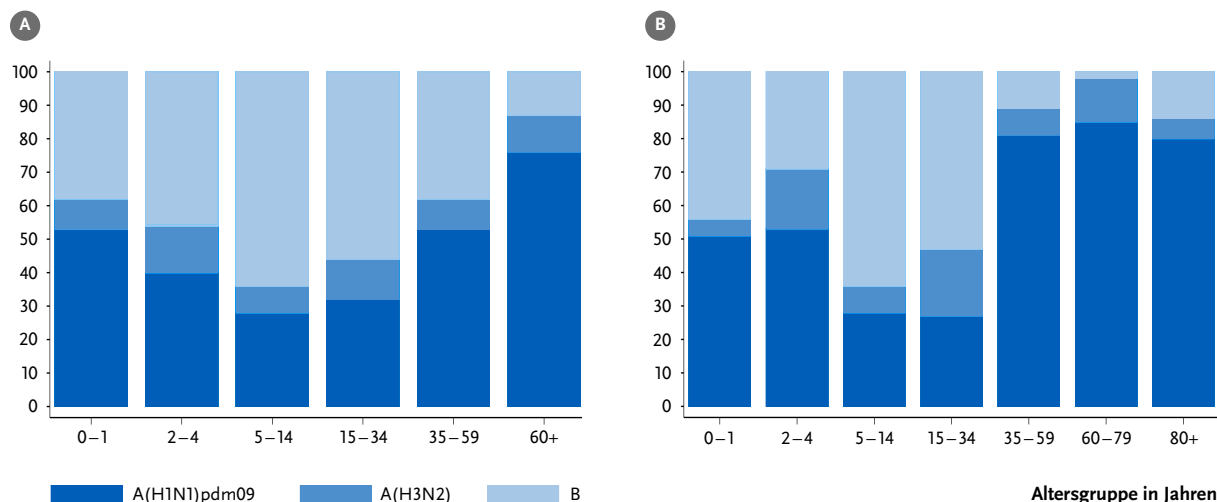


Abb. 3 | Prozentuale Verteilung der Nachweise von Influenza-A(H1N1)pdm09-, -A(H3N2)- und -B-Viren an allen Influenzavirus-nachweisen aus der virologischen ARE-Surveillance (A) und der virologischen SARI-Surveillance (B) nach Altersgruppen von Kalenderwoche (KW) 40/2024 bis KW 20/2025.

weisrate viraler Atemwegserreger bei Kindern deutlich höher als bei Erwachsenen, was mit den Ergebnissen von GrippeWeb-Plus übereinstimmt (s. Artikel zu Ergebnissen aus GrippeWeb-Plus in dieser Ausgabe). Die Erregerspektren der einzelnen Altersgruppen ähnelten sich jedoch weitgehend im ambulanten und stationären Bereich. Auch beim saisonalen Verlauf der Erregerwellen zeigte sich eine weitgehende Übereinstimmung zwischen den beiden Surveillance-Systemen.

Die Grippewelle erstreckte sich über insgesamt 16 Wochen und war damit ähnlich lang wie in der Vorsaison (15 Wochen).⁶ Insgesamt war die Influenzasaison von einer hohen Krankheitslast geprägt,⁷⁻⁹ so wurden in der Saison 2024/25 im ambulanten Bereich – insbesondere bei Schulkindern mit einer Influenzavirus-PR von 40 % – Influenzaviren sehr häufig bei ARE-Patientinnen und -Patienten nachgewiesen (s. Tab. 1A/B). Auch in der syndromischen ARE- und SARI-Surveillance, die ICD-10-Diagnosecodes nutzen, wurden in der Saison 2024/25 überdurchschnittlich viele ARE- und SARI-Fälle mit Influenzadiagnose bei Schulkindern erfasst.^{8,9} In der syndromischen SARI-Surveillance erhielten in der Saison 2024/25 40 % der SARI-Fälle im Alter von 5 bis 14 Jahren eine Influenzadiagnose (J10: Grippe durch saisonale nachgewiesene Influenzaviren). Dagegen lag in der virologischen SARI-Sur-

veillance die Influenzavirus-PR unter Schulkindern bei nur 19 % und war damit deutlich niedriger als sowohl in der syndromischen SARI-Surveillance als auch in der virologischen ARE-Surveillance. Anders als in den ärztlichen Praxen ist im Krankenhaus der Abstand zwischen Symptombeginn und Probenentnahme meist länger, sodass zum Zeitpunkt der Probenentnahme möglicherweise keine Influenzaviren mehr nachweisbar waren. Dies könnte eine mögliche Erklärung für die niedrigere Influenzavirus-PR im stationären Bereich im Vergleich zum ambulanten Bereich sein. Sowohl im ambulanten als auch im stationären Bereich dominierten Influenza-B-Viren in den Altersgruppen der Schulkinder (5 bis 14 Jahre) und jungen Erwachsenen (15 bis 34 Jahre), dagegen wurden Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren insbesondere bei den ab 60-Jährigen detektiert. Während im ambulanten Bereich nach anfänglicher Dominanz von Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren im weiteren Verlauf zunehmend Influenza-B-Viren nachgewiesen wurden, blieben im stationären Bereich Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren während des gesamten Zeitraums dominant. Im Gegensatz dazu zeigten die Daten aus GrippeWeb-Plus einen deutlich höheren Anteil von Influenza-A(H1N1)pdm09- gegenüber Influenza-B-Viren (s. Artikel zu Ergebnissen aus GrippeWeb-Plus in dieser Ausgabe). Dieser Unterschied lässt sich zum Teil mit dem höheren Anteil älterer Personen (ab 60 Jahre)

im stationären Bereich erklären, die in beiden Systemen hauptsächlich mit Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren infiziert waren. Allerdings zeigte sich auch in den jüngeren Altersgruppen, insbesondere bei den 2- bis 4-Jährigen sowie den 35- bis 59-Jährigen, im stationären Bereich ein höherer Anteil von Influenza-A(H1N1)pdm09-Erkrankungen an allen Influenzaerkrankungen. Dies könnte darauf hindeuten, dass Infektionen mit Influenza-A(H1N1)pdm09-Viren insgesamt häufiger mit schweren Verläufen assoziiert sind als solche mit Influenza-B-Viren, wie bereits in einem Artikel von Caini et al. diskutiert wurde.¹⁰

Beide Surveillancesysteme zeigten, dass SARS-CoV-2 vor allem zu Beginn der Saison zirkulierte und insbesondere in den beiden ältesten Altersgruppen (60 bis 70 Jahre, ≥ 80 Jahre) detektiert wurde. Auffällig war, dass die PR in diesen Altersgruppen im stationären Bereich deutlich höher lag als im ambulanten Bereich, was auf eine höhere klinische Relevanz und damit auf ein erhöhtes Hospitalisierungsrisiko hinweist. Besonders deutlich wurde dies zu Saisonbeginn bei Personen ab 80 Jahren, die verstärkt stationär behandelt wurden. In den anderen Altersgruppen wurden SARS-CoV-2-Nachweise hingegen nur vereinzelt festgestellt. Diese Beobachtungen stimmen mit dem bekannten Altersmuster überein: Kinder zeigen meist milde oder asymptomatische Krankheitsverläufe, während ältere Menschen aufgrund altersbedingter Veränderungen des Immunsystems und häufigerer Vorerkrankungen ein deutlich höheres Risiko für schwere Verläufe haben.^{11,12} Seit der Zirkulation der Omikron-Variante werden jedoch auch Kinder häufiger hospitalisiert, insbesondere Säuglinge sowie Kinder mit Komorbiditäten.^{13,14}

Die RSV-Welle setzte kurz nach dem Beginn der Grippewelle ein und dauerte 13 Wochen. Während die Länge der RSV-Saison 2024/25 dem für Deutschland ermittelten Median (15 Wochen, Spanne: 13–18) entsprach,¹⁵ scheint die in der Saison 2024/25 erstmalig eingeführte RSV-Prophylaxe bei Kindern unter einem Jahr im Vergleich zur Vorsaison zu einer Reduktion der RSV-PR im stationären Bereich geführt zu haben (Saison 2024/25: 23 %, Saison 2023/24: 31 %). Ein vergleichbarer Rückgang zeigte sich auch in der syndromischen SARI-Surveillance, in

der ein deutlich geringerer Anteil vergebener RSV-Diagnosen unter den SARI-Fällen beobachtet wurde.⁹ RSV wurden vorrangig bei Kindern unter 5 Jahren nachgewiesen. Allerdings lag im stationären Bereich die PR von RSV bei den 0- bis 1-Jährigen deutlich höher als im ambulanten Bereich. Dies weist auf eine größere klinische Relevanz für schwerere Krankheitsverläufe und damit auf ein erhöhtes Hospitalisierungsrisiko in der jüngsten Altersgruppe hin.

Beide Surveillancesysteme zeigten, dass Rhinoviren vor allem zu Beginn der Saison zirkulierten und auch nach dem Abklingen der RSV- und Grippewelle vermehrt nachgewiesen wurden. Rhinoviren traten in allen Altersgruppen auf. Im stationären Bereich stellten sie bei den 0- bis 14-Jährigen insgesamt die am häufigsten identifizierten Erreger dar. Ihr häufiges Vorkommen auch im ambulanten Bereich über alle Altersgruppen hinweg, besonders bei Kindern unter zwei Jahren, verdeutlicht die weite Verbreitung in der Bevölkerung. Dies wird durch die Ergebnisse von GrippeWeb-Plus bestätigt (s. Artikel zu Ergebnissen aus GrippeWeb-Plus in dieser Ausgabe). Obwohl Rhinoviren oft mit eher milden Verläufen assoziiert werden, können sie auch tiefe Atemwegsinfektionen verursachen und somit bei Kindern und Erwachsenen schwere Krankheitsverläufe auslösen.^{16,17}

Neben diesen Beobachtungen zum saisonalen Auftreten der Erreger sowie zur Verteilung der Erregerspektren in den Altersgruppen im ambulanten und stationären Bereich traten auch systembedingte Unterschiede zwischen den beiden Surveillancesystemen zutage. Aufgrund der deutlich geringeren Probenzahl in der virologischen SARI-Surveillance im Vergleich zum ambulanten Bereich ist allerdings auch von einer größeren Schwankungsbreite der PR auszugehen. Diese zeigte sich insbesondere durch größere Schwankungen pro Woche während der Grippewelle, wohingegen die Influenzavirus-PR der virologischen ARE-Surveillance im Zeitraum zwischen KW 51/2024 und KW 14/2025 relativ stabil blieben. Trotzdem stellt die virologische SARI-Surveillance eine bedeutende Ergänzung der ARE-Surveillance dar, da sie insbesondere während ferienbedingter Schließungen vieler ärztlicher Praxen eine stabilere Zahl von Einsendungen aufweist und

damit ein kontinuierliches Abbild der Zirkulation respiratorischer Viren ermöglicht. Dabei ist jedoch zu berücksichtigen, dass in beiden Surveillancesystemen ausschließlich auf virale Erreger getestet wurde, bakterielle Infektionserreger konnten daher nicht erfasst werden. Zudem erfolgte die Probenentnahme ausschließlich aus den oberen Atemwegen, wodurch primär in den unteren Atemwegen vorkommende Erreger möglicherweise unentdeckt blieben.

Auch auf europäischer Ebene war ein vergleichbares Muster zu beobachten, mit einer insgesamt stärkeren Grippewelle als im Vorjahr. Wie in Deutschland dominierten Influenza-A(H1N1)pdm09- und Influenza-B-Viren, wobei regional unterschiedliche Subtypverteilungen auffielen. So wurde in einigen Ländern, insbesondere in Teilen Südeuropas, eine höhere Aktivität von Influenza-A(H3N2)-Viren registriert.¹⁸ Wie in Deutschland wurde auch in anderen europäischen Ländern eine im Vergleich zu den Vorsaisons weniger ausgeprägte und teils kürzere RSV-Welle beobachtet.¹⁸ Im Sommer 2024 und zu Beginn der Saison ab KW 40/2024 zirkulierten noch vermehrt SARS-CoV-2, insbesondere in den älteren Bevölkerungsgruppen. In den meisten Ländern blieb die SARS-CoV-2-Aktivität jedoch insgesamt auf niedrigem Niveau.¹⁸ Diese Beobachtungen

unterstreichen die Bedeutung einer ganzjährigen nationalen virologischen Surveillance, um saisonale und regionale Unterschiede im zirkulierenden Erregerspektrum frühzeitig auch außerhalb der Herbst- und Winterzeit zu erkennen und ggf. entsprechende gesundheitspolitische Maßnahmen ableiten zu können.

Fazit und Ausblick

Eine ganzjährige virologische ARE- und SARI-Surveillance ist entscheidend, um die saisonale Dynamik respiratorischer Erreger frühzeitig zu erfassen und gezielt Präventionsmaßnahmen einzuleiten. Die Daten beider Surveillancesysteme liefern wertvolle Einblicke in Altersverteilungen und Erregerspektren, die für die klinische Versorgung und Public-Health-Strategien von großer Bedeutung sind. Darüber hinaus ermöglichen sie eine weitere Surveillance-begleitende Forschung, wie beispielsweise die Berechnung der klinischen Wirksamkeit von Influenza- und COVID-19-Impfungen,^{19,20} Untersuchungen von Erregerisolaten in Bezug auf ihre Impfstoffpassgenauigkeit, ihre Empfindlichkeit gegenüber antiviralen Substanzen oder der genetischen Analyse zirkulierender Sublinien und besonderer Varianten im Rahmen der integrierten genomischen Surveillance (IGS).

Literatur

- 1 WHO Global Influenza Programme (GIP). End-to-end integration of SARS-CoV-2 and influenza sentinel surveillance 2022. Available from: https://www.who.int/publications/i/item/WHO-2019-nCoV-Integrated_sentinel_surveillance-2022.1.
- 2 Arbeitsgemeinschaft Influenza. Influenza-Saisonbericht 1997/1998. Robert Koch-Institut; 1998.
- 3 Reiche J, Bauer T, Krieger D, Günther A, Tolksdorf K, Buda S, et al. Die virologische SARI-Surveillance – ein wichtiger Meilenstein im Gesamtkonzept der Surveillancesysteme zur Erfassung von akuten Atemwegsinfektionen. *Epid Bull* 2024;38:3-7.
- 4 Robert Koch-Institut. ARE-Wochenbericht. 40. Kalenderwoche 2024.
- 5 Rattay P, Butschalowsky H, Rommel A, Prütz F, Jordan S, Nowossadeck E, et al. Inanspruchnahme der ambulanten und stationären medizinischen Versorgung in Deutschland. *Bundesgesundheitsbl Gesundheitsforsch Gesundheitsschutz*. 2013;56(5/6):832–44.
- 6 Robert Koch-Institut. ARE-Wochenbericht. 20. Kalenderwoche 2024.
- 7 Robert Koch-Institut. ARE-Wochenbericht. 20. Kalenderwoche 2025.
- 8 Krupka S, Wunderlich J, Tolksdorf K. Krankheitslast akuter Atemwegserkrankungen im ambulanten Bereich nach dem Ende der COVID-19-Pandemie. *Epid Bull* 2025;31:3-13.

- 9 Staat D, Schuler E, Tolksdorf K. Krankheitslast von schweren akuten Atemwegserkrankungen (SARI) in der Saison 2024/25 im stationären Bereich. *Epid Bull* 2025;31:14-23.
- 10 Caini S, Kroneman M, Wiegers T, El Guerche-Seblain C, Paget J. Clinical characteristics and severity of influenza infections by virus type, subtype, and lineage: A systematic literature review. *Influenza Other Respir Viruses*. 2018;12(6):780–92.
- 11 Sun J, Zhang H, Yang Z. A retrospective analysis of children with mild and asymptomatic Omicron infections under 14: A single-center study. *Medicine* (Baltimore). 2024;103(7):e37149.
- 12 Wang B, Andraweera P, Elliott S, Mohammed H, Lassi Z, Twigger A, et al. Asymptomatic SARS-CoV-2 Infection by Age: A Global Systematic Review and Meta-analysis. *Pediatr Infect Dis J*. 2023;42(3):232–9.
- 13 Free RJ, Patel K, Taylor CA, Sachdev D, Kawasaki B, Meek J, et al. Hospitalization for COVID-19 and Risk Factors for Severe Disease Among Children: 2022-2024. *Pediatrics*. 2025.
- 14 Andersen KM, McColgan MD, Cane A, Moran MM, Reimbaeva M, Lopez SMC. Comparison of COVID-19-associated inpatient burden by variant period in hospitalized children age < 5 years in the United States. *Front Pediatr*. 2025;13:1573933.
- 15 Cai W, Durrwald R, Biere B, Schweiger B, Haas W, Wolff T, et al. Determination of respiratory syncytial virus epidemic seasons by using 95 % confidence interval of positivity rates, 2011-2021, Germany. *Influenza Other Respir Viruses*. 2022;16(5):854–7.
- 16 Jain S, Self WH, Wunderink RG, Fakhran S, Balk R, Bramley AM, et al. Community-Acquired Pneumonia Requiring Hospitalization among U.S. Adults. *N Engl J Med*. 2015;373(5):415–27.
- 17 Jain S, Williams DJ, Arnold SR, Ampofo K, Bramley AM, Reed C, et al. Community-acquired pneumonia requiring hospitalization among U.S. children. *N Engl J Med*. 2015;372(9):835–45.
- 18 WHO Regional Office for Europe. The European Respiratory Virus Surveillance Summary (ERVSS): ECDC; 2024. Available from: <https://erviss.org/>.
- 19 Erdwiens A, Hackmann C, Buda S, Preuß U, Reiche J, Biere B, et al. Gute Wirksamkeit der Impfung zum Schutz gegen Influenza bei ambulant oder stationär wegen einer akuten Atemwegsinfektion behandelten Patientinnen und Patienten in der Saison 2023/24. *Epid Bull* 2024;42:3-11.

- 20 Erdwiens A, Hackmann C, Wedde M, Biere B, Reiche J, Preuss U, et al. Interim Estimates of 2024–2025 Seasonal Influenza Vaccine Effectiveness in Germany-Data From Primary Care and Hospital Sentinel Surveillance. *Influenza Other Respir Viruses*. 2025;19(5):e70115.

Autorinnen und Autoren

^{a)} Annika Erdwiens* | ^{a)} Dr. Carolin Hackmann* |
^{a)} Ute Preuß | ^{b)} Dr. Janine Reiche | ^{b)} Dr. Barbara Biere |
^{b)} Dr. Susanne Duwe | ^{b)} Dr. Sophie Köndgen |
^{b)} Dr. Djin-Ye Oh | ^{b)} Dr. Marianne Wedde |
^{c)} David Krieger | ^{c)} Torsten Bauer | ^{c–n)} Virologic SARI
Surveillance Study Group | ^{b)} Dr. Ralf Dürwald** |
^{a)} Kristin Tolksdorf**

* geteilte Erstautorenschaft

**geteilte Letztautorenschaft

- ^{a)} Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie, FG 36 Respiratorisch übertragbare Erkrankungen
^{b)} Robert Koch-Institut, Abt. 1 Infektionskrankheiten, FG 17 Influenzaviren und weitere Viren des Respirationstraktes, Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren, Konsiliarlabor für RSV, PIV und HMPV
^{c)} Helios Klinikum Emil von Behring GmbH, Klinik für Pneumologie/Lungenklinik Heckeshorn, Berlin Lung Institute
^{d)} Helios Klinikum Emil von Behring GmbH, Klinik für Kinder- und Jugendmedizin
^{e)} Helios Kinderklinik Pforzheim, Station D3
^{f)} Helios Klinikum Pforzheim GmbH, Klinik für Pneumologie
^{g)} Diakonie Kliniken Bad Kreuznach gGmbH; Pädiatrie
^{h)} Helios Klinikum Krefeld, Klinik für Pneumologie, Schlaf- und Beatmungsmedizin
ⁱ⁾ Helios Universitätsklinikum Wuppertal, Universität Witten/Herdecke
^{j)} Helios Kliniken Siegburg und Bonn, Pneumologie – Infektiologie
^{k)} Helios Klinikum Duisburg, Klinik für Pneumologie, Schlaf- und Beatmungsmedizin
^{l)} Helios Klinikum Pforzheim GmbH, Klinik für Kinder und Jugendliche
^{m)} Helios Klinikum Gifhorn, Pneumologie Medizinische Klinik III
ⁿ⁾ Helios St. Johannes Klinik Duisburg, Klinik für Kinder und Jugendliche Duisburg

Korrespondenz: erdwiensa@rki.de; hackmannnc@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autorinnen und Autoren erklären, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Vorgeschlagene Zitierweise

Erdwiens A, Hackmann C, Preuß U, Reiche J, Biere B, Duwe S, Köndgen S, Oh DY, Wedde M, Krieger D, Bauer T, Virologic SARI Surveillance Study Group, Dürrwald R, Tolksdorf K: Virologische ARE- und SARI-Surveillance – Zirkulation von Atemwegsviren in der Saison 2024/25

Epid Bull 2025;35:30-41 | 10.25646/13389

Danksagung

Die Virologic SARI Surveillance Study Group besteht aus weiteren Autorinnen und Autoren, die zu diesem Artikel beigetragen haben: Nicolas Schönfeld von der Klinik für Pneumologie/Lungenklinik Heckeshorn, Berlin Lung Institute, Helios Klinikum Emil von Behring GmbH, Annette Günther von dem Helios Klinikum Emil von Behring GmbH, Klinik für Kinder- und Jugendmedizin, Marwan Madi von der Kinderklinik Helios Pforzheim, Detlef Coors, Christoph von Buch und Kentaro Avenmarg von den Diakonie Kliniken Bad Kreuznach gGmbH, Pädiatrie, Ute Oltmanns von dem Helios Klinikum Pforzheim GmbH, Klinik für Pneumologie, Mathias Lehmann von der Klinik für Pneumologie, Schlaf- und Beatmungsmedizin, Helios Klinikum Krefeld, Kurt Rasche von dem Helios Universitätsklinikum Wuppertal, Universität Witten/Herdecke, Selcuk Tasci aus der Pneumologie – Infektiologie, Helios Kliniken Siegburg und Bonn, Nikolaus Büchner von dem Helios Klinikum Duisburg, Klinik für Pneumologie, Schlaf- und Beatmungsmedizin, Kai Siedler von dem Helios Klinikum Pforzheim GmbH, Klinik für Kinder und Jugendliche, Maria Uribe Guzman, Olga Weinberger, Karoline Jungnickel aus der Pneumologie, Medizinische Klinik III Helios Klinikum Gifhorn, Elke Reutershahn und Benjamin Berlemann von der Helios St. Johannes Klinik Duisburg, Klinik für Kinder und Jugendliche Duisburg.

Wir bedanken uns bei allen teilnehmenden Sentinelpraxen und Sentinelkrankenhäusern für die sehr gute Zusammenarbeit und die Bereitstellung der Daten. Außerdem bedanken wir uns bei unseren RKI-Kollegen und -Kollegen Thomas Pfoch, Irmgard Stroetmann und Michael Herzhoff für die Unterstützung beim Aufbau und der Pflege der Datenbank sowie dem gesamten NRZI-Team.

Finanzierung

Diese Studien wurden unter anderem vom Bundesministerium für Gesundheit (IMS-RKI und IMS-NRZ/KL Projekte) sowie durch das ECDC im Rahmen der Vaccine Effectiveness, Burden and Impact Studies (VEBISLOT5SC5, VEBISLOT5SC6, VEBISLOT1SC8) gefördert.

Open access



Creative Commons Namensnennung 4.0 International

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

34. Woche 2025 (Datenstand: 27. August 2025)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.
Baden-Württemberg	54	2.541	2.731	25	671	785	9	255	182	26	4.838	3.342	11	1.783	1.157
Bayern	134	4.061	4.075	38	1.037	1.009	10	357	211	35	7.311	7.734	20	3.423	1.944
Berlin	33	1.314	1.127	6	221	376	7	162	89	11	2.384	3.116	6	1.477	1.010
Brandenburg	38	1.113	996	7	182	275	0	110	74	11	2.711	3.296	6	2.191	1.162
Bremen	7	245	220	2	27	46	1	36	12	3	385	256	2	148	80
Hamburg	10	729	677	0	110	140	4	105	36	5	1.330	1.537	2	738	554
Hessen	76	2.088	2.098	25	500	511	14	331	193	33	3.977	2.712	13	1.752	1.107
Mecklenburg-Vorpommern	33	841	769	4	127	181	5	134	76	16	1.782	1.709	4	1.301	497
Niedersachsen	75	2.538	2.769	14	475	718	20	519	419	28	5.206	4.485	11	3.682	1.210
Nordrhein-Westfalen	260	7.276	7.068	48	1.117	1.402	30	799	677	69	13.269	11.546	34	5.471	3.157
Rheinland-Pfalz	85	1.893	1.828	9	359	373	11	171	141	29	3.557	2.551	19	1.850	765
Saarland	12	525	444	3	79	79	4	57	12	4	862	574	7	758	212
Sachsen	162	2.291	2.264	21	388	475	9	192	187	48	5.487	5.783	27	2.585	1.743
Sachsen-Anhalt	46	974	849	8	228	308	6	102	107	27	2.972	3.177	6	2.033	614
Schleswig-Holstein	32	976	930	3	139	162	9	167	108	10	1.717	1.817	8	758	477
Thüringen	52	994	1.013	12	384	521	10	131	63	29	2.820	2.961	30	1.769	1.398
Deutschland	1.109	30.399	29.858	225	6.044	7.361	149	3.628	2.587	384	60.608	56.596	206	31.719	17.087

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.
Baden-Württemberg	1	79	54	25	1.379	1.754	8	712	809	7	365	413	11	33.326	23.837
Bayern	2	109	66	36	2.173	2.723	23	967	1.086	9	365	434	15	71.805	45.514
Berlin	1	38	38	18	932	936	8	345	346	6	204	214	1	15.414	5.752
Brandenburg	0	25	27	1	187	286	0	108	118	4	64	84	3	18.140	6.999
Bremen	1	8	6	2	193	215	0	60	128	2	50	44	0	1.189	786
Hamburg	0	23	24	9	874	933	5	175	247	2	116	144	8	9.905	4.007
Hessen	6	63	55	16	817	1.230	17	381	469	10	300	351	12	20.800	11.679
Mecklenburg-Vorpommern	1	13	9	0	91	169	1	62	99	0	35	44	3	13.278	6.531
Niedersachsen	5	78	50	34	1.179	1.360	11	492	561	7	188	192	4	28.476	12.416
Nordrhein-Westfalen	3	128	149	63	2.760	3.355	30	1.266	1.598	11	581	614	13	63.742	28.781
Rheinland-Pfalz	2	34	25	19	677	990	11	241	269	5	135	125	7	16.825	10.195
Saarland	0	10	10	4	159	234	1	101	131	1	30	40	0	3.209	1.581
Sachsen	1	33	24	8	256	317	4	142	176	3	96	111	3	43.128	20.378
Sachsen-Anhalt	0	10	14	5	247	249	2	85	102	0	53	59	1	26.011	12.081
Schleswig-Holstein	0	16	19	2	348	470	5	206	281	0	57	81	4	10.635	4.370
Thüringen	1	19	16	2	126	154	4	84	89	1	54	59	1	17.776	8.348
Deutschland	24	686	586	244	12.398	15.375	130	5.427	6.509	68	2.693	3.009	86	393.659	203.255

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024	2025		2024
	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.
Baden-Württemberg	1	19	23	1	14	29	0	0	1	12	577	3.130	29	2.306	2.152
Bayern	0	42	60	0	46	54	0	0	4	17	894	3.232	43	4.193	2.999
Berlin	0	12	90	0	11	15	0	0	1	1	145	515	7	754	815
Brandenburg	0	4	4	0	9	4	0	0	1	4	213	923	3	484	396
Bremen	0	1	2	0	2	5	0	0	0	0	19	50	9	103	121
Hamburg	0	3	15	1	6	13	0	0	1	0	101	272	5	515	324
Hessen	0	19	27	0	19	22	0	1	0	1	298	578	18	626	636
Mecklenburg-Vorpommern	0	1	0	0	0	0	0	0	0	5	130	123	3	171	161
Niedersachsen	0	16	36	2	25	20	0	0	0	5	298	793	23	919	817
Nordrhein-Westfalen	0	42	144	3	74	82	0	1	1	5	699	2.435	41	2.640	2.300
Rheinland-Pfalz	0	10	7	0	12	18	0	0	1	6	259	578	11	570	402
Saarland	0	1	9	0	1	1	0	0	0	2	114	177	1	89	81
Sachsen	0	11	15	0	13	7	0	0	0	18	496	1.017	21	1.396	1.448
Sachsen-Anhalt	0	3	1	0	1	3	0	0	0	11	503	494	6	144	152
Schleswig-Holstein	0	0	3	1	6	13	0	0	0	4	102	336	4	383	328
Thüringen	0	1	6	1	3	6	0	0	0	7	436	777	9	272	252
Deutschland	1	185	442	9	242	292	0	2	10	98	5.284	15.430	233	15.565	13.384

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
	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.	34.	1.–34.	1.–34.
Baden-Württemberg	2	60	66	31	798	712	3	68	74	3	72	67	111	3.919	11.302
Bayern	3	68	76	24	807	875	1	181	148	1	88	82	193	6.564	20.705
Berlin	1	45	76	13	480	437	0	33	37	1	37	54	78	2.439	3.960
Brandenburg	1	6	14	1	127	139	2	71	59	1	23	20	70	1.659	2.415
Bremen	0	3	1	1	19	24	0	11	4	0	0	3	11	223	700
Hamburg	1	16	15	6	293	262	3	29	23	2	38	27	34	1.258	2.855
Hessen	5	43	44	20	721	768	0	69	75	1	65	80	119	3.010	8.379
Mecklenburg-Vorpommern	0	6	8	1	76	119	0	36	16	0	16	11	20	1.281	2.550
Niedersachsen	2	27	45	21	518	537	6	119	132	0	73	70	123	2.870	9.247
Nordrhein-Westfalen	3	121	97	41	1.642	1.362	10	443	411	1	191	215	238	8.446	25.529
Rheinland-Pfalz	0	13	13	17	322	260	2	72	51	1	26	16	90	2.040	5.489
Saarland	0	7	3	1	44	34	0	18	9	0	6	14	22	614	1.423
Sachsen	0	9	14	2	211	179	7	226	186	2	39	48	117	3.331	6.150
Sachsen-Anhalt	0	6	7	4	127	136	0	53	57	1	31	32	68	1.732	3.603
Schleswig-Holstein	3	20	17	2	158	162	2	35	33	0	16	19	48	1.666	3.987
Thüringen	1	9	9	3	116	77	1	32	42	1	24	28	39	1.050	2.492
Deutschland	22	459	505	188	6.459	6.083	37	1.496	1.357	15	745	786	1.381	42.102	110.786

1 Infektion und Kolonisation

(bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante oder verminderter Empfindlichkeit gegenüber Carbapenemen nach jeweils geltender Falldefinition, s. www.rki.de/falldefinitionen)

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
	34.	1.–34.	1.–34.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	199	238
Bornavirus-Erkrankung	0	2	3
Botulismus	0	4	8
Brucellose	0	25	41
Candida auris, invasive Infektion	0	8	13
Chikungunyavirus-Erkrankung	2	111	28
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	75	87
Denguefieber	6	622	1.322
Diphtherie	0	28	37
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	16	493	496
Giardiasis	58	1.860	1.802
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	20	1.125	1.207
Hantavirus-Erkrankung	4	195	328
Hepatitis D	0	8	86
Hepatitis E	65	3.551	3.184
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	3	55	34
Kryptosporidiose	90	1.443	1.581
Legionellose	54	1.391	1.374
Lepra	0	0	1
Leptospirose	0	103	189
Listeriose	17	420	442
Malaria	31	569	562
Meningokokken, invasive Infektion	0	227	244
Mpox	10	385	97
Nicht-Cholera-Vibrien-Erkrankung	0	3	5
Ornithose	0	7	30
Paratyphus	1	16	31
Pneumokokken, invasive Infektion	75	7.821	5.873
Q-Fieber	0	63	60
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	25	65.315	42.404
Shigellose	66	1.590	1.177
Trichinellose	0	2	2
Tularämie	0	87	108
Typhus abdominalis	0	50	46
West-Nil-Fieber*	0	4	9
Yersiniose	45	2.530	2.161
Zikavirus-Erkrankung	0	13	27

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).

* reiseassoziierte und autochthone WNV-Fälle