



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

14
2026

2. April 2026

Epidemiologisches Bulletin

**30-jähriges Jubiläum: NRZ und KL
stellen sich vor | STIKO: Hinweis auf
Meningokokken-Impfempfehlungen |
neues interaktives *Epid-Bull*-Dashboard**

Inhalt

30-jähriges Jubiläum: Die Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlabore stellen sich vor 4

In den Jahren 1995 bis 1997 initiierte das Robert Koch-Institut in Übereinstimmung mit dem Bundesministerium für Gesundheit ein Netzwerk von mikrobiologischen Laboratorien für die öffentliche Gesundheit. Das Netzwerk aus Nationalen Referenzzentren (NRZ) und Konsiliarlaboren (KL) sollte dem Schutz der Bevölkerung vor Infektionskrankheiten durch die Surveillance ausgewählter Infektionserreger dienen. Heute übernehmen NRZ und KL zahlreiche Aufgaben von Erregeridentifikation über Qualitätssicherung und Beratung bis hin zu Forschung. Anlässlich des 30-jährigen Jubiläums beginnt ab dieser Ausgabe eine Reihe von Vorstellungen der für die neue, am 1.1.2026 begonnene dreijährige Periode berufenen NRZ und KL.

30th Anniversary: The National Reference Centres and Consultant Laboratories Introduce Themselves

Between 1995 and 1997, the Robert Koch Institute, in accordance with the Federal Ministry of Health, established a network of microbiological laboratories dedicated to public health. This network, comprising National Reference Centres (NRC) and Consultant Laboratories (CL), was designed to protect the population from infectious diseases through the surveillance of selected pathogens. Today, NRCs and CLs perform a wide range of tasks, from pathogen identification and quality assurance to consultation and research. To mark the 30th anniversary, this issue kicks off a series of profiles of the NRCs and CLs appointed for the new three-year term, which began on 1 January 2026.

(Article in German)

Konsiliarlabor für *Bacillus anthracis* 6

Konsiliarlabor für *Francisella tularensis* 8

Konsiliarlabor für humanpathogene Vibrionen 10

Konsiliarlabor für *Yersinia pestis* 12

Stellungnahme der STIKO zur Bedeutung der Meningokokken-Impfung für Jugendliche und junge Erwachsene 14

Anlässlich eines aktuellen Meningokokken-Ausbruchs in Großbritannien bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen fasst die Ständige Impfkommission die altersspezifische Epidemiologie von invasiven Meningokokken-Erkrankungen in Deutschland zusammen und weist auf die Bedeutung ihrer im Oktober 2025 aktualisierten Meningokokken-Impfempfehlung für Jugendliche und junge Erwachsene hin.

STIKO Statement on the Importance of Meningococcal Vaccination for Adolescents and Young Adults

In view of the current meningococcal outbreak among adolescents and young adults in the United Kingdom, the Standing Committee on Vaccination summarizes the age-specific epidemiology of invasive meningococcal disease in Germany and highlights the importance of its meningococcal vaccination recommendation for adolescents and young adults, which was updated in October 2025.

(Article in German)

NEU: Interaktives *Epid-Bull*-Dashboard für meldepflichtige Infektionskrankheiten 17

Die wöchentlich im Epidemiologischen Bulletin erscheinende „Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten“ wird ab der aktuellen Ausgabe (14/2026) durch ein neues interaktives Dashboard visualisiert und erweitert. Das Dashboard ist über einen Link auf der jeweils letzten Seite der *Epid-Bull*-Ausgaben sowie über die *Epid-Bull*-Website erreichbar.

NEW: Interactive *Epid-Bull* Dashboard for Notifiable Infectious Diseases

The “Current Statistics of Notifiable Infectious Diseases”, published weekly in the Epidemiologisches Bulletin, is being visualised and expanded through a new interactive dashboard starting with the current issue (14/2026). The dashboard can be accessed via a link on the final page of each issue as well as via the bulletin’s website.

(Article in German)

12. Würzburger Meningokokken- und *Haemophilus-influenzae*-Workshop 18

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 13. Woche 2026 19

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen: Januar 2026 22

Impressum

Herausgeber

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

Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat
(Ltd. Redakteurin)

Sabine Trömer
(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.

30-jähriges Jubiläum: Die Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlabore stellen sich vor

In den Jahren 1995 bis 1997 initiierte das Robert Koch-Institut (RKI) in Übereinstimmung mit dem Bundesministerium für Gesundheit (BMG) ein Netzwerk von mikrobiologischen Laboratorien für die öffentliche Gesundheit. Dieses bestand zunächst aus 11 Nationalen Referenzzentren (NRZ) und 43 erregerorientierten sowie 10 syndromorientierten Konsiliarlaboren (KL), an denen 46 verschiedene Einrichtungen beteiligt waren. Das Ziel bestand darin, mit ihrer Unterstützung den Schutz der Bevölkerung vor Infektionskrankheiten durch die Surveillance bestimmter Infektionserreger mit hoher Relevanz zu erhöhen. Die Entscheidung über die zu berufenden NRZ und KL wird unter Berücksichtigung mehrerer Faktoren getroffen. Dazu zählen die epidemiologische Relevanz von Erregern, der Bedarf an Spezialdiagnostik für diese Erreger sowie Fragen der Resistenz und Beratung zu Maßnahmen des Infektionsschutzes. Heute besteht das Netzwerk aus 21 NRZ und 38 KL. Die Aufgaben der NRZ und KL werden jeweils in einen allgemeinen und einen für jeden Erreger spezifischen Teil gegliedert.

Allgemeine Aufgaben der NRZ

- ▶ Entwicklung bzw. Verbesserung diagnostischer Verfahren; Mitwirkung bei der Koordination der Standardisierung und Verbreitung allgemeingültiger Testverfahren; Initiierung von Untersuchungen zur Qualitätssicherung
- ▶ Über die Routine hinausreichende (Spezial-) Diagnostik und Feintypisierung von Erregern einschließlich molekularbiologischer Untersuchungen zur Aufklärung epidemiologischer Zusammenhänge
- ▶ Führen einer Stammsammlung und Abgabe von Referenzstämmen bzw. von diagnostikspezifischen Referenzpräparaten, mit Ausnahme von kommerziell erhältlichen Isolaten, wie z. B. von American Type Culture Collection-(ATCC-) und Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen-(DSMZ-)Stämmen
- ▶ Hinterlegung von genomischen Sequenzdaten in geeigneten Repositorien

- ▶ Aufbau und koordinierende Pflege eines Netzwerks diagnostischer Einrichtungen
- ▶ Zusammenarbeit mit Referenzlaboratorien anderer Länder sowie den Kollaborationszentren der Weltgesundheitsorganisation (WHO) einschließlich der Teilnahme an internationalen Ringversuchen
- ▶ Unterstützung des RKI bei der Auswertung und Interpretation der Daten mit dem Ziel, die epidemiologische Situation möglichst repräsentativ für Deutschland zu beschreiben; Mitarbeit bei Surveillanceprojekten
- ▶ Überwachung der eingehenden Daten mit dem Ziel der zeitnahen Erkennung von Clustern und Information des Öffentlichen Gesundheitsdienstes (ÖGD) und des RKI sowie Unterstützung bei ergänzenden Analysen im Rahmen von Ausbruchsuntersuchungen; umgehende Mitteilung der Ergebnisse aus Ausbruchsuntersuchungen in anonymisierter Form an das RKI
- ▶ Beobachtung, Analyse und Bewertung der Resistenz- und Virulenzentwicklung
- ▶ Beratungstätigkeit für den ÖGD, Laboratorien, niedergelassene Ärzteschaft, Kliniken und Forschungsinstitute; Durchführung von Weiterbildungen und Öffentlichkeitsarbeit
- ▶ Regelmäßige Berichterstattung sowie Beratung des RKI zu den entsprechenden Sachfragen; Mitwirkung bei der Erarbeitung von Empfehlungen des RKI für Diagnostik, Therapie und Prävention sowie allgemein in der angewandten Infektions-epidemiologie

Allgemeine Aufgaben der KL

- ▶ Überregionales Angebot spezifischer Laborleistungen, insbesondere in Ausbruchssituationen, und umgehende Mitteilung der Ergebnisse aus Ausbruchsuntersuchungen in anonymisierter Form an das RKI
- ▶ Arbeiten im Rahmen der Qualitätssicherung; Teilnahme an Studien und Ringversuchen, z. B. in Zusammenarbeit mit INSTAND e. V. (Gesellschaft zur Förderung der Qualitätssicherung in

medizinischen Laboratorien e.V.), WHO, Europäischer Union und Fachgesellschaften, sowie Teilnahme an Weiterbildungen

- ▶ Entwicklung bzw. Verbesserung diagnostischer Verfahren
- ▶ Unterstützung des RKI bei der Bewertung der epidemiologischen Situation
- ▶ Beratungstätigkeit, insbesondere des ÖGD sowie von Laboratorien, niedergelassene Ärzteschaft, Kliniken und Forschungsinstituten
- ▶ Beratung des RKI und Mitwirkung bei der Erarbeitung wissenschaftlicher Materialien (z. B. Falldefinitionen, RKI-Ratgeber).

Die speziellen, erregerspezifischen Aufgaben der jeweiligen NRZ und KL können auf der [Webseite des RKI](#) eingesehen werden.

Die NRZ und KL leisten für das RKI und den ÖGD in Deutschland unverzichtbare Dienste, indem sie beispielsweise das RKI auf ungewöhnliches Auftre-

ten von Erregern hinweisen (Ausbruchserkennung), Spezialdiagnostik (z. B. Genomsequenzierungen von Erregern) durchführen, Beratungsleistungen erbringen oder das RKI bei der Erarbeitung von Empfehlungen unterstützen. Ohne NRZ und KL ist die Bewältigung größerer Ausbrüche oder Lagen nicht möglich. Auch für die Beratung der Ärzteschaft im Rahmen der ambulanten und stationären Versorgung sowie politische Entscheidungsträgerinnen und Entscheidungsträger sind die NRZ und KL als verlässliche Ansprechpartnerinnen und Ansprechpartner von entscheidender Bedeutung.

In der in dieser Ausgabe beginnenden Reihe stellen sich die für die am 1.1.2026 neu beginnende dreijährige Periode berufenen NRZ und KL nacheinander vor.

Konsiliarlabor für *Bacillus anthracis*

KONTAKTDATEN

- ▶ [Webseite](#)
Konsiliarlabor für *Bacillus anthracis*
- ▶ [Leitung](#)
Dr. Silke Klees
- ▶ [Institut](#)
Robert Koch-Institut
- ▶ [Adresse](#)
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ [E-Mail](mailto:klees@rki.de)
klees@rki.de
- ▶ [Telefon](#)
+49 30 18754-2673/-2934

Bacillus anthracis ist ein weltweit verbreiteter Zoonoseerreger, kommt aber in Industrieländern wie Deutschland nur sehr selten vor. In Folge der bioterroristischen Anschläge 2001 in den USA und den damit verbundenen Fragen zur Schnellerkennung und Abwehr solcher Ereignisse sowie zur Therapie und Prophylaxe Exponierter, war Anthrax (Milzbrand) in den Blickpunkt der Öffentlichkeit geraten. In den letzten Jahren wurde das Interesse aufgrund der Seltenheit der Erkrankung jedoch geringer. Umso wichtiger ist es, die diagnostischen Kapazitäten aufrechtzuerhalten und weiterzuentwickeln, den Erreger zu erforschen sowie Beratung zur Therapie, Prophylaxe und Dekontamination anzubie-

ten. Auch als natürliche Zoonose stellt die Erkrankung eine latente Gefahr für den Menschen dar. Der Import des Erregers nach Deutschland kann nicht ausgeschlossen werden, wie sich in den Jahren 2009–2012 bei dem Ausbruchsgeschehen von Anthrax unter Heroinkonsumenten zeigte.

Die diagnostischen Verfahren zur Identifizierung von *B. anthracis* zum Nachweis aus klinischen Proben und Umweltproben sind nach DIN EN ISO 15189 und DIN EN ISO/IEC 17025 akkreditiert. Für die Kultivierung werden nichtselektive und selektive Nährböden verwendet. Für die molekulare Diagnostik wird routinemäßig eine *Multiplex-Real-Time-PCR* zum Nachweis der beiden Virulenzplasmide pXO₁ und pXO₂ sowie zweier spezifischer chromosomaler Marker eingesetzt. In der Serologie wird ein ELISA und als Bestätigungstest ein Westernblot jeweils zum Nachweis von Antikörpern gegen das Protektive Antigen verwendet. Alle genannten Methoden sind validierte *In-House-Assays*. Die Resistenzbestimmung mittels Mikrodilution wird im Konsiliarlabor (KL) durchgeführt, ist aber nicht akkreditiert.

Die Rekonstruktion der phylogenetischen Verwandtschaft unterschiedlicher *B.-anthracis*-Isolate erfolgt durch Genomsequenzierung und Analyse mittels *core genome multilocus sequence typing* (cgMLST). Dies ermöglicht auch forensische Ausbruchuntersuchungen beim Verdacht einer ab-

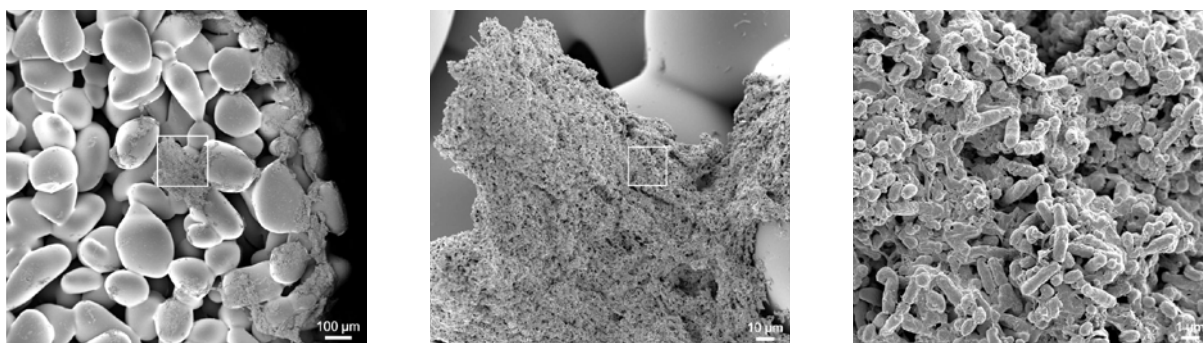


Abbildung | Drei Tage alter Biofilm von *Bacillus anthracis* auf porösem Sinterglas, dargestellt im Rasterelektronenmikroskop.
© Leonard Borst, ZBS2.

sichtlichen Ausbringung des Erregers. Die Genomsequenzierung und der Einsatz entsprechender Datenbanken ermöglichen auch eine schnelle Identifizierung von Virulenzgenen und Antibiotikaresistenzgenen sowie eventuellen genetischen Manipulationen.

Untersuchungen zur Abgrenzung verschiedener Spezies der *Bacillus-cereus*-Gruppe sind sowohl für die Diagnostik als auch für epidemiologische Untersuchungen von Bedeutung. Da sich die Erreger dieser Gruppe hinsichtlich ihrer Virulenz und Pathogenität erheblich unterscheiden, stellen diese Fragestellungen einen wichtigen Forschungsschwerpunkt dar. Das KL befasst sich auch mit Fragen der Dekontamination und Desinfektion, besonders im Hinblick auf die sehr resistenten Anthraxsporen.

Neben dem klassischen *B. anthracis* existieren noch wenig erforschte Varianten des Erregers, die hochvirulent sind und mit herkömmlichen diagnostischen Verfahren übersehen werden können. Besonders hervorzuheben ist hier der in Urwaldregionen Afrikas vorkommende *Bacillus cereus* biovar *anthracis* (*Bcbva*), dessen Pathogenese und Epidemiologie

ein wichtiges Forschungsgebiet darstellen. Um den klassischen *B. anthracis* mit *Bcbva* zu vergleichen, werden Untersuchungen zu Pathogenese, Virulenz und Genregulation, Biofilmbildung, sowie Transkriptom- und Proteomanalysen durchgeführt.

Das KL berät Einrichtungen des Öffentlichen Gesundheitsdienstes in Fragen der Risikoabschätzung bei Verdacht auf Infektionen und Kontaminationen mit Anthraxerregern. Darüber hinaus beraten wir mikrobiologische Labore, die niedergelassene Ärzteschaft und Kliniken bei Auftreten der Verdachtsdiagnose von Anthrax und hinsichtlich der einzusetzenden Labormethoden einschließlich der direkten Hilfe bei der Diagnostik sowie bei der Risikobewertung im Fall einer möglichen Exposition von Personal. Für die rechtzeitige Behandlung einer Infektion stehen wirksame Antibiotika zur Verfügung. Da die Erfahrungen mit Milzbrand-Infektionen in Deutschland sehr begrenzt sind, wird für Fragen zur Therapie und Prophylaxe auf den STAKOB (Ständiger Arbeitskreis der Kompetenz- und Behandlungszentren für hochkontagiöse und lebensbedrohliche Erkrankungen) verwiesen.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Borst L, Howaldt S, Berdaguer R, Schaudinn C, Dupke S, Stämmler M, Lasch P, Scholz HC, Klee SR. (2026) Anthrax-causing bacteria form biofilms on a soil-inspired porous glass bead model. *PLoS Negl Trop Dis.* 20(3):e0014043.
- ▶ Dupke S, Schubert G, Beudjé F, Barduhn A, Pauly M, Couacy-Hymann E, Grunow R, Akoua-Koffi C, Leendertz FH, Klee SR (2020) Serological evidence for human exposure to *Bacillus cereus* biovar *anthracis* in the villages around Taï National Park, Côte d'Ivoire. *PLoS Negl Trop Dis.* 14(5):e0008292.
- ▶ Rohde A, Papp S, Feige P, Grunow R, Kaspari O (2020) Development of a novel selective agar for the isolation and detection of *Bacillus anthracis*. *J Appl Microbiol.* 129:311-318.
- ▶ Brézillon C, Haustant M, Dupke S, Corre JP, Lander A, Franz T, Monot M, Couture-Tosi E, Jouvion G, Leendertz FH, Grunow R, Mock ME, Klee SR, Goossens PL (2015) Capsules, toxins and AtxA as virulence factors of emerging *Bacillus cereus* biovar *anthracis*. *PLoS Negl Trop Dis* 9(4):e0003455.
- ▶ Keim P, Grunow R, Vipond R, Grass G, Hoffmaster A, Birdsell DN, Klee SR, Pullan S, Antwerpen M, Bayer BN, Latham J, Wiggins K, Hepp C, Pearson T, Brooks T, Sahl J, Wagner DM (2015) Whole genome analysis of injectional anthrax identifies two disease clusters spanning more than 13 years. *EBioMedicine* 2:1613–1618.

Konsiliarlabor für *Francisella tularensis*

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für *Francisella tularensis*](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Daniela Jacob
PD Dr. Klaus Heuner (Stellvertretung)
- ▶ **Institut**
Robert Koch-Institut
- ▶ **Adresse**
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**
JacobD@rki.de; HeunerK@rki.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18754-2934/-2226

Francisella tularensis ist der Erreger der Tularämie, welche u. a. als Hasenpest bekannt ist. Bei dieser Zoonose handelt es sich um eine gemäß Infektionsschutzgesetz meldepflichtige Erkrankung. Die Zahl der an Tularämie gemeldeten humanen Erkrankungsfälle wächst stetig und lag in den letzten beiden Jahren bei ~200 Fällen. Dabei wird eine hohe Dunkelziffer vermutet. Durch die sehr unterschiedlichen klinischen Erscheinungsformen, welche abhängig von dem Ort des Erregereintrittes in den Körper sind, ist die Diagnosestellung anspruchsvoll. Unterschieden werden die ulzeroglanduläre und die rein glanduläre Form, die okuloglanduläre, die pulmonale, die oropharyngeale oder die typhoide Form der Tularämie. Bei der ulzeroglandulären Tularämie imponiert ein schmerzhaftes Ulkus an der Infektionsstelle (z. B. durch einen Tierbiss oder Zeckenstich) mit einer späteren Entzündung bzw. starken Vergrößerung des dazu gehörenden, ableitenden Lymphknotens. Bei einem schmerzhaft geschwollenen Lymphknoten ohne Bildung eines Ulkus spricht man von einer glandulären Tularämie. Bei der oralen Aufnahme des Erregers (erregerehaltiges Fleisch, Wasser, Saft) kann es zu einer oropharyngealen Tularämie kommen. Die okuloglanduläre Form ist eher selten und die Folge einer Infektion der Bindehaut der Augen.

F. tularensis ist ein Erreger mit einem extrem breiten Wirtsspektrum. Er infiziert verschiedene Nagetiere (Mäuse, Wühlmäuse, Ratten) und hasenartige Tiere (Feldhase, Kaninchen), aber auch Wildwiederkäuer, Fleischfresser und sogar Vögel können infiziert werden. Es sind über 200 Tierarten bekannt, die an Tularämie erkranken oder Träger von *F. tularensis* sein können.

Die in Deutschland gemeldeten Fälle basieren häufig auf direktem Kontakt mit infizierten Tieren, insbesondere bei Risikogruppen, wie Jäger oder Waldarbeiter. Unter anderem erfolgt eine Infektion durch direkten Kontakt der Haut oder Schleimhäute mit infektiösem Tiermaterial (z. B. bei der Verarbeitung infizierter Tiere). Aber auch die Übertragung durch Zecken oder durch infektiösen Staub in Verbindung mit Freizeitaktivitäten kommt häufiger vor.

Bei dem Erreger *F. tularensis* werden drei Subspezies (ssp.) unterschieden: *F. tularensis* ssp. *tularensis* (Typ A), ssp. *holarctica* (Typ B) und ssp. *mediasiatica*, welche sich in der geografischen Ausbreitung und in der Virulenz unterscheiden. Klinisch relevant und die Tularämie auslösend sind *F. tularensis* ssp. *holarctica* und *F. tularensis* ssp. *tularensis*. In Deutschland kommt bisher nur die weniger virulente Subspezies *holarctica* vor. In Nordamerika hingegen kommt auch die virulentere Subspezies *tularensis* vor. Hierbei unterscheidet man den hochpathogenen Typ A₁ von dem weniger pathogenen Typ A₂. Eine Subspezies-Differenzierung, gerade bei einer Reiseanamnese aus Nordamerika, sollte daher dringend durchgeführt werden.

Die diagnostischen Verfahren zur Identifizierung von *F. tularensis* zum Nachweis aus klinischen Proben sind nach DIN EN ISO 15189 und DIN EN ISO/IEC 17025 akkreditiert. Die Kultivierung erfolgt auf nicht-selektiven Nährböden. Für die molekulare Diagnostik sowie die Subspezies-Differenzierung wird routinemäßig eine Multiplex-qPCR durchgeführt. In der Serologie wird ein ELISA zum Nachweis von Antikörpern gegen das spezifische Lipopolysaccharid von *F. tularensis* durchgeführt. Alle

genannten Methoden sind validierte *In-House-Assays*. Die Resistenzbestimmung mittels Mikrodilution wird im Konsiliarlabor (KL) durchgeführt, ist aber nicht akkreditiert. Die Verwandtschaft von *F. tularensis*-Isolaten wird mittels Genomsequenzierung mit nachfolgender bioinformatischer Auswertung und phylogenetischer Analyse bestimmt. Andere oder neuartige (opportunistische) Spezies der Gattung *Francisella* werden ebenfalls charakterisiert und im KL erforscht.

Das KL berät Einrichtungen des Öffentlichen Gesundheitsdienstes bei Verdacht auf Tularämie-Infektionen. Darüber hinaus beraten wir mikrobiolo-

gische Labore, die niedergelassene Ärzteschaft und Kliniken bei Auftreten der Verdachtsdiagnose Tularämie ebenso hinsichtlich der einzusetzenden Labormethoden einschließlich der direkten Hilfe bei der Diagnostik sowie bei der Risikobewertung im Fall einer möglichen Exposition von Personal. Für die rechtzeitige Behandlung einer Infektion stehen wirksame Antibiotika zur Verfügung, die in „Hinweise zur Therapie und Prophylaxe von Tularämie“ des Ständigen Arbeitskreises der Kompetenz- und Behandlungszentren für hochkontagiöse und lebensbedrohliche Erkrankungen (STAKOB) zusammengefasst sind.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Arnold B, Trawinski H, Kellner N, Orth HM, Tominski D, Mikolajewska A, Rothfuss K, Grupe G, Ruf D, Reichert F, Jacob D, Heuner K, Marx K, Lübbert C. Clinical Characteristics and Treatment Strategies in a Cohort of Patients with Tularemia: A Retrospective Multicenter Analysis of 65 Cases in Germany. *Antibiotics* (Basel). 2025 Nov 20;14(11):1169. doi: 10.3390/antibiotics14111169
- ▶ Köppen K, Rydzewski K, Zajac J, Al-Senwi M, Evcimen S, Schulze D, Jacob D, Heuner K. Detection of Francisellaceae and the differentiation of main European *F. tularensis* ssp. *holarctica* strains (Clades) by new designed qPCR assays. *BMC Microbiol.* 2025 Jan 17;25(1):28. doi: 10.1186/s12866-025-03751-9. PMID: 39825256
- ▶ Borgschulte HS, Jacob D, Zeeh J, Scholz HC, Heuner K. Ulceroglandular form of tularemia after squirrel bite: a case report. *J Med Case Rep.* 2022 Aug 17;16(1):309. doi: 10.1186/s13256-022-03510-8. PMID: 35974355
- ▶ Jacob D, Barduhn A, Tappe D, Rauch J, Heuner K, Hierhammer D, Vom Berge K, Riehm JM, Hanczaruk M, Böhm S, Böhmer MM, Konrad R, Bouschery B, Dauer M, Schichtl E, Hossain H, Grunow R. Outbreak of Tularemia in a Group of Hunters in Germany in 2018-Kinetics of Antibody and Cytokine Responses. *Microorganisms.* 2020 Oct 23;8(11):1645. doi: 10.3390/microorganisms8111645. PMID: 33114188
- ▶ Burckhardt F, Hoffmann D, Jahn K, Heuner K, Jacob D, Vogt M, Bent S, Grunow R, Zanger P. Oropharyngeal Tularemia from Freshly Pressed Grape Must. *N Engl J Med.* 2018 Jul 12;379(2):197-199. doi: 10.1056/NEJMc1800353.

Konsiliarlabor für humanpathogene Vibrionen

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für humanpathogene Vibrionen](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Susann Dupke
- ▶ **Institut**
Robert Koch-Institut
- ▶ **Adresse**
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**
dupkes@rki.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18754-2114/-2934

Vibrionen sind stäbchenförmige Bakterien, die weltweit als natürlicher Bestandteil der aquatischen Umwelt vorkommen und sich vor allem bei Temperaturen von $>20^{\circ}\text{C}$ und Salzgehalten von bis zu 2,5 % in Gewässern stark vermehren können. Vibrionen umfassen eine Vielzahl verschiedener Spezies, von denen nach dem heutigen Stand der Wissenschaft zwölf als humanpathogen bekannt sind. Vibrionen zählen zu den Zoonoseerregern, da sie durch den Verzehr von kontaminierten Meerestieren (z. B. rohe Austern) oder durch nicht ausreichende Erhitzung von Meeresfrüchten und Fisch(-produkten) vor allem bei der Zubereitung und Nahrungsaufnahme auf den Menschen übertragen werden können. Eine Infektionsquelle für den Menschen ist aber auch die Aufnahme von kontaminiertem Wasser selbst oder der Kontakt damit, beispielsweise beim Baden oder Waten in flachem Wasser. Zu den wohl bekanntesten Vertretern der Vibrionen gehört der Erreger der Cholera, *Vibrio (V.) cholerae*. Cholera-toxin-bildende *V. cholerae* der Serogruppen O1 und O139 sind die Auslöser der Cholera, die heute ausschließlich in Ländern mit Mangel an sauberem Trinkwasser vorkommt. In Deutschland ist die Cholera primär als reiseassoziierte Erkrankung relevant. *V. cholerae* aller weiterer Serogruppen (außer O1 und O139) sowie andere humanpathogene Spezies der Gattung *Vibrio* wer-

den auch als Nicht-Cholera-Vibrionen (NCV) bezeichnet. Diese kommen in salzhaltigen Gewässern Deutschlands und Europas vor und gewinnen zunehmend an Bedeutung als Verursacher teils schwer verlaufender Wundinfektionen, die in seltenen Fällen auch tödlich verlaufen können.

In Deutschland treten Infektionen mit NCV vermehrt während der Sommermonate auf. Betroffen sind vor allem die Ostsee, aber auch leicht salzhaltige Binnengewässer. In den kommenden Jahren ist aufgrund der globalen Erwärmung weltweit mit einem Temperaturanstieg der Oberflächengewässer zu rechnen. Dies wird sich auch auf das Vorkommen von Vibrionen auswirken.

Nur wenige mikrobiologische Labore sind in Deutschland in der Lage, eine komplexe Diagnostik und Typisierung von Vibrionen jenseits der Anzucht durchzuführen. Aus diesem Grund wurde das Fachgebiet ZBS2 am Robert Koch-Institut (RKI), verantwortlich für hochpathogene bakterielle Erreger, bereits lange vor der Ernennung zum neu gegründeten Konsiliarlabor (KL) für humanpathogene Vibrionen kontinuierlich zur Unterstützung bei der Bestätigungsdiagnostik und Beratung von Kliniken, niedergelassenen Ärzten, Laboren, vor allem aber von Gesundheitsbehörden angefragt. Das Leistungsangebot des KL für humanpathogene Vibrionen umfasst die Durchführung von Labordiagnostik (Anzucht und PCR) von *V. cholerae*, *V. vulnificus* und *V. parahaemolyticus*, den Nachweis des Cholera-toxins sowie die Subtypisierung von Cholera-toxin-bildenden *V. cholerae* mit molekulargenetischen Methoden (*Real-Time PCR*, konventionelle PCR) und den Nachweis von O1- und O139-Serovaren. Außerdem sind auf Anfrage eine exakte Erregertypisierung auf Isolatebene und molekular-epidemiologische Ausbruchsanalysen mittels *core-genom*-basierter MLST möglich. Weiterhin unterstützt das KL Qualitätssicherungsmaßnahmen in der klinischen Diagnostik und bietet bei Bedarf Beratung zu Untersuchungsproben und deren Versand an. Die genannten Untersuchungen sind nach DIN EN ISO 15189 für *Vibrio*-Isolate aus klinischen Proben oder Primär-

proben und nach DIN EN ISO/IEC 17025 für die Analytik von Umweltproben von der Deutschen Akkreditierungsstelle (DAkkS) akkreditiert.

In enger Zusammenarbeit mit dem DVG-KL „*Vibrio* spp. in Lebensmitteln“ am Bundesinstitut für Risiko-

bewertung (BfR) und dem Leibniz-Institut für Ostseeforschung Warnemünde (IOW) sowie weiteren Kooperationspartnern werden zudem verschiedene Forschungsaktivitäten zu Pathogenitätsmechanismen und zur Biofilmbildung von vor allem *V. vulnificus* und *V. cholerae* bearbeitet.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Brehm TT, Berneking L, Sena Martins M, Dupke S, Jacob D, Drechsel O, Bohnert J, Becker K, Kramer A, Christner M, Aepfelbacher M, Schmiedel S, Rohde H; German Vibrio Study Group. Heatwave-associated *Vibrio* infections in Germany, 2018 and 2019. *Euro Surveill.* 2021, 26(41):2002041.
- ▶ Schmidt K, Scholz HC, Appelt S, Michel J, Jacob D, Dupke S. Virulence and resistance patterns of *Vibrio cholerae* non-O1/non-O139 acquired in Germany and other European countries. *Front Microbiol.* 2023 Nov 22;14:1282135.
- ▶ Dupke S, Buchholz U, Fastner J, Förster C, Frank C, Lewin A, Rickerts V, Selinka HC. Auswirkungen des Klimawandels auf wasserbürtige Infektionen und Intoxikationen. *J Health Monit* 2023, 8(S3): 67 – 84.
- ▶ Appelt S, Nair S, Barker CR, Jenkins C, Gatz J, Rohleder AM, Scholz HC, Dupke S. Import of multidrug-resistant *Vibrio cholerae* from Ethiopia to Germany and UK. *The Lancet Microbe* 2025. 101179, ISSN 2666-5247.
- ▶ Dupke S, Walther B, Hammerl JA, Jacob D. Vibrionen in Gewässern Deutschlands. *Epid Bull* 2025;27:3-9, 10.25646/13264.2

Konsiliarlabor für *Yersinia pestis*

KONTAKTDATEN

- ▶ [Webseite](#)
[Konsiliarlabor für *Yersinia pestis*](#)
- ▶ [Leitung](#)
PD Dr. Holger Scholz
- ▶ [Institut](#)
Robert Koch-Institut
- ▶ [Adresse](#)
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ [E-Mail](#)
ScholzH@rki.de
- ▶ [Telefon](#)
+49 30 18754-2100/-2934

Yersinia pestis, der Erreger der Pest, zählt zu den bekanntesten bakteriellen Krankheitserregern der Medizingeschichte. Wiederholte Pandemien führten über Jahrhunderte hinweg zu tiefgreifenden demografischen, sozialen und wirtschaftlichen Veränderungen. In Europa ist die Pest heute ausschließlich von historischer Bedeutung: Seit 1945 wurde kein autochthoner oder importierter Fall mehr registriert. Weltweit tritt die Erkrankung jedoch weiterhin auf. Jährlich meldet die Weltgesundheitsorganisation (WHO) bis zu etwa 3.000 Fälle, vor allem aus Endemiegebieten in Afrika, Asien und Amerika. Dort bestehen stabile tierische Reservoirs, aus denen es regelmäßig zu sporadischen humanen Infektionen kommt.

Neben der natürlichen Epidemiologie besitzt *Y. pestis* aufgrund seiner hohen Virulenz, der Möglichkeit einer aerogenen Übertragung bei Lungenpest sowie der Einordnung in internationale Gefahrenkategorien auch Bedeutung im Kontext biologischer Bedrohungen. Dies erfordert besondere diagnostische Aufmerksamkeit und klar definierte fachliche Zuständigkeiten.

Das Konsiliarlabor (KL) für *Y. pestis* übernimmt diese Aufgabe auf nationaler Ebene. Seit 2023 ist es im Fachgebiet ZBS2 am Robert Koch-Institut angesie-

delt und fungiert als zentrale Anlaufstelle für medizinische Einrichtungen, diagnostische Labore und den Öffentlichen Gesundheitsdienst. Es unterstützt bei der Abklärung verdächtiger Fälle, der Einordnung von Befunden und bei weiterführenden fachlichen Fragen, um eine schnelle, verlässliche und evidenzbasierte Bewertung zu gewährleisten.

Ein Schwerpunkt des KL liegt in der spezialisierten Diagnostik. Diese umfasst die Bestätigung eines Verdachts auf Pestinfektion sowie die differenzialdiagnostische Abgrenzung zu anderen bakteriellen Erkrankungen mit ähnlicher Symptomatik. Eingesetzt werden klassische mikrobiologische Verfahren sowie moderne molekularbiologische und serologische Methoden. Die diagnostischen Leistungen erfolgen nach DIN EN ISO 15189 und DIN EN ISO/IEC 17025, was Qualität, Reproduzierbarkeit und Nachvollziehbarkeit sicherstellt. Die genomische Charakterisierung von Isolaten, insbesondere durch Ganzgenomsequenzierung, gewinnt zunehmend an Bedeutung, da sie eine eindeutige Identifikation, phylogenetische Einordnung und vergleichende Analysen erlaubt.

Die genomischen Daten bilden auch die Basis für molekulare Ausbruchs- und Ereignisanalysen. Selbst bei äußerst unwahrscheinlichen Pestfällen in Deutschland oder Europa können Infektionsketten präzise rekonstruiert werden. Importierte Einzelfälle lassen sich genetisch in globale Linien einordnen, was Rückschlüsse auf Herkunft und epidemiologischen Kontext ermöglicht.

Ein weiterer Fokus liegt auf der Weiterentwicklung und Validierung diagnostischer Verfahren. Hierzu besteht eine Kooperation mit Partnerinstitutionen in Madagaskar, einem der weltweit bedeutendsten Endemiegebiete. Eines der Ziele ist der Zugang zu klinischen Proben von Pestpatientinnen und -patienten, um Tests realitätsnah zu evaluieren, Sensitivität und Spezifität zu verbessern und neue molekulare oder serologische Ansätze zu entwickeln.

Neben Analytik und Diagnostik versteht sich das Konsiliarlabor als Beratungs- und Kompetenzzentrum. Es unterstützt medizinische Einrichtungen bei der klinischen Einschätzung, der Auswahl geeigneter Proben sowie bei Fragen zu Arbeitssicherheit und Infektionsschutz. Gesundheitsbehörden werden bei der Befundinterpretation, Risikokommuni-

nikation und Maßnahmenplanung beraten. Durch Schulungen, fachliche Stellungnahmen und nationale wie internationale Vernetzung trägt das Konsiliarlabor wesentlich zur Vorsorge und Reaktionsfähigkeit gegenüber einem historisch geprägten, global jedoch weiterhin relevanten Erreger bei.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Feldman M, Harbeck M, Keller M, Spyrou MA, Rott A, Trautmann B, Scholz HC, Pääfgen B, Peters J, McCormick M, Bos K, Herbig A, Krause J. A High-Coverage *Yersinia pestis* Genome from a Sixth-Century Justinianic Plague Victim. *Mol Biol Evol.* 2016 Nov;33(11):2911-2923. doi: 10.1093/molbev/msw170.
- ▶ Seifert L, Wiechmann I, Harbeck M, Thomas A, Grupe G, Projahn M, Scholz HC, Riehm JM. Genotyping *Yersinia pestis* in Historical Plague: Evidence for Long-Term Persistence of *Y. pestis* in Europe from the 14th to the 17th Century. *PLoS One.* 2016 Jan 13;11(1):e0145194. doi:
- ▶ Soanandrasana R, Andrianaivoarimanana V, Straubinger RK, Nottingham R, Keim P, Wagner DM, Scholz HC. Diverse Genotypes of *Yersinia pestis* Caused Plague in Madagascar in 2007. *PLoS Negl Trop Dis.* 2015 Jun 12;9(6):e0003844.
- ▶ DN, Kuch M, Lumibao C, Poinar D, Pearson T, Fourment M, Golding B, Riehm JM, Earn DJ, Dewitte S, Rouillard JM, Grupe G, Wiechmann I, Bliska JB, Keim PS, Scholz HC, Holmes EC, Poinar H. *Yersinia pestis* and the plague of Justinian 541-543 AD: a genomic analysis. *Lancet Infect Dis.* 2014 Apr;14(4):319-26. doi: 10.1016/S1473-3099(13)70323-2.
- ▶ Harbeck M, Seifert L, Hänsch S, Wagner DM, Birdsell D, Parise KL, Wiechmann I, Grupe G, Thomas A, Keim P, Zöller L, Bramanti B, Riehm JM, Scholz HC. *Yersinia pestis* DNA from skeletal remains from the 6(th) century AD reveals insights into Justinianic Plague. *PLoS Pathog.* 2013 May;9(5):e1003349.

Mitteilung der Ständigen Impfkommission beim Robert Koch-Institut

Stellungnahme der STIKO zur Bedeutung der Meningokokken-Impfung für Jugendliche und junge Erwachsene

Anlässlich eines aktuellen Meningokokken-Ausbruchs in Großbritannien bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen^{1,2} fasst die Ständige Impfkommission (STIKO) die **altersspezifische Epidemiologie von invasiven Meningokokken-Erkrankungen in Deutschland** zusammen und weist auf die Bedeutung ihrer im Oktober 2025 aktualisierten **Meningokokken-Impfempfehlung für Jugendliche und junge Erwachsene** hin.

Meningokokken-Epidemiologie in Deutschland: Wer ist primär betroffen?

Invasive Meningokokken-Erkrankungen (IME) sind in Deutschland mit einer Inzidenz von ca. 3–4 Fällen pro 1 Million Personen, bzw. ca. 250–350 Fällen pro Jahr, sehr selten.³ Die Erkrankungen verlaufen jedoch häufig schwer und können zu bleibenden Spätfolgen und Todesfällen führen.

IME können in jedem Lebensalter auftreten, aber **besonders häufig betroffen sind Jugendliche und junge Erwachsene im Alter von 15–24 Jahren** (ca. 5 Fälle pro 1 Million Personen pro Jahr) sowie **Säuglinge und Kleinkinder <5 Jahren** (ca. 15 Fälle pro 1 Million Personen pro Jahr). Meningokokken werden in insgesamt 12 verschiedene sog. Serogruppen unterteilt, von denen die Serogruppen B, C, W und Y die meisten IME in Deutschland auslösen. Im Säuglings- und Kleinkindalter, insbesondere im ersten Lebensjahr, werden IME vorwiegend durch die Serogruppe B hervorgerufen, wohingegen bei Jugendlichen und jungen Erwachsenen die Serogruppen B und Y gleich häufig auftreten.³ IME durch die Serogruppen C und W kommen in Deutschland inzwischen nur noch vereinzelt vor.⁴

Ausbrüche von IME sind extrem selten. In Deutschland sind zwischen 2014–2023 im Mittel zwei Häu-

funge pro Jahr mit jeweils 2–5 Krankheitsfällen (Median: 2 Fälle) aufgetreten. Betroffene Personen kamen zumeist aus einem sehr eng begrenzten Umfeld. Details sind in den Infektionsepidemiologischen Jahrbüchern für meldepflichtige Erkrankungen des Robert Koch-Instituts (RKI) beschrieben.

Das aktuelle Ausbruchsgeschehen in Großbritannien^{1,2} zeigt jedoch die **besondere Vulnerabilität der Altersgruppe von Jugendlichen und jungen Erwachsenen**, die durch ein enges Kontaktverhalten geprägt ist. Ein **aktueller Impfschutz** entsprechend den nationalen Impfempfehlungen ist daher **besonders wichtig**, um den individuellen Schutz zu verbessern und die Verbreitung von Meningokokken sowie die durch Meningokokken ausgelösten schweren Erkrankungen in der Bevölkerung nachhaltig zu verringern.

Empfehlungen der STIKO: Standardimpfungen im Kindes- und Jugendalter

Die STIKO empfiehlt seit Ende 2025 **neu** eine Standardimpfung gegen **Meningokokken A, C, W und Y mit einem quadrivalenten Konjugatimpfstoff (MenACWY-Impfung) für alle Kinder und Jugendlichen im Alter von 12–14 Jahren. Nachholimpfungen sollen bis zum 25. Geburtstag erfolgen.**⁵ Die STIKO hat mit dieser aktualisierten Empfehlung der besonderen Gefährdungslage von Kindern und Jugendlichen in dieser Altersgruppe Rechnung getragen und hebt sie aus aktuellem Anlass nochmals besonders hervor. Aus Sicht der STIKO bietet die **Jugendgesundheitsuntersuchung (J1)** im Alter von 12–14 Jahren eine **gute Gelegenheit, die MenACWY-Impfung** durchzuführen.

Die quadrivalente MenACWY-Impfung bietet einen hohen individuellen Schutz vor ACWY-IME und

kann darüber hinaus auch eine Meningokokken-Besiedlung im Nasenrachenraum durch die jeweiligen Serogruppen verringern. Da Jugendliche am häufigsten besiedelt sind (d. h. den Erreger in sich tragen, ohne selbst zu erkranken), leistet die Impfung in dieser Altersgruppe einen relevanten Beitrag zum Bevölkerungsschutz.^{5,6}

Weiterhin empfiehlt die STIKO seit Januar 2024 eine **Standardimpfung gegen Meningokokken B für alle Säuglinge** ab dem Alter von 2 Monaten. Versäumte Impfungen sollen bis zum 5. Geburtstag nachgeholt werden.⁶

Zusätzlich empfiehlt die STIKO für Personen mit erhöhtem Risiko, an einer IME zu erkranken, eine Indikationsimpfung gegen Meningokokken der Serogruppe B sowie gegen die Serogruppen A, C, W

und Y.⁷ Dazu zählen insbesondere Menschen mit angeborener oder erworbener Immundefizienz, außerdem gefährdetes Laborpersonal sowie Reisende in Länder mit epidemischem Auftreten, vor allem bei engem Kontakt zur einheimischen Bevölkerung.

Weitere Informationen

- ▶ [Beschluss und wissenschaftliche Begründung zur Evaluation einer quadrivalenten Meningokokken-Impfung für Kleinkinder sowie ältere Kinder, Jugendliche und junge Erwachsene](#)
- ▶ [Beschluss und wissenschaftliche Begründung zur Empfehlung zur Standardimpfung von Säuglingen gegen Meningokokken der Serogruppe B](#)

Literatur

- 1 UK Health Security Agency. Cases of invasive meningococcal disease notified in Kent. In: GOV.UK. Veröffentlicht am 16. März 2026, zuletzt aktualisiert am 24. März 2026, abgerufen am 24. März 2026. <https://www.gov.uk/government/news/cases-of-invasive-meningococcal-disease-confirmed-in-kent>
- 2 UK Health Security Agency: Invasive Meningococcal Disease outbreak 2026: technical briefing 1. In: GOV.UK. Veröffentlicht am 24. März 2026, abgerufen am 24. März 2026. <https://www.gov.uk/government/publications/invasive-meningococcal-disease-outbreak-2026-technical-briefings>
- 3 Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0 – Web-basierte Abfrage der Meldedaten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG); Abfrage zu Meningokokken, invasive Erkrankung (*Neisseria meningitidis*), 2016–2025. Abgerufen am 24. März 2026. <https://survstat.rki.de/>
- 4 Robert Koch-Institut: Meningokokken, invasive Erkrankungen (*Neisseria meningitidis*). RKI-Ratgeber. Zuletzt aktualisiert: 05. Februar 2026, abgerufen am 24. März 2026. https://www.rki.de/DE/Aktuelles/Publikationen/RKI-Ratgeber/Ratgeber/Ratgeber_Meningokokken.html
- 5 Piechotta V, Günther F, Berner R, Claus H, Fahrenwald M, Grünwald T, Röbl-Mathieu M, Sandmann F, Schönfeld C, Tabatabai J, Wilhelm J, Dalpke A: Beschluss und wissenschaftliche Begründung zur Evaluation einer quadrivalenten Meningokokken-Impfung für Kleinkinder sowie ältere Kinder, Jugendliche und junge Erwachsene. *Epid Bull* 2025;44:3-33 | DOI 10.25646/13539
- 6 Piechotta V, Koch J, Bogdan C, Burchard G, Claus H, Heining U, Hummers E, Ledig T, Littmann M, Meerpohl J, Mertens T, Röbl-Mathieu M, van der Sande M, Tenenbaum T, Terhardt M, Überla K, Wicker S, Wiedermann-Schmidt U, Widders G, Zepp F, von Kries R: Empfehlung zur Standardimpfung von Säuglingen gegen Meningokokken der Serogruppe B und die dazugehörige wissenschaftliche Begründung. *Epid Bull* 2024;3:3-32 | DOI 10.25646/11900.2
- 7 Ständige Impfkommision: Empfehlungen der Ständigen Impfkommision (STIKO) beim Robert Koch-Institut 2026. *Epid Bull* 2026;4:1-79 | DOI 10.25646/13636.3

Autoren

Ständige Impfkommission beim Robert Koch-Institut

Korrespondenz: stiko-geschaefsstelle@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Ständige Impfkommission beim Robert Koch-Institut:
Stellungnahme der STIKO zur Bedeutung der Meningo-
kokken-Impfung für Jugendliche und junge Erwachsene

Epid Bull 2026;14:14-16 | DOI 10.25646/14095

Open access



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

NEU: Interaktives *Epid-Bull*-Dashboard für meldepflichtige Infektionskrankheiten

Für das *Epidemiologische Bulletin (Epid Bull)* gibt es ab dieser Ausgabe ein interaktives Dashboard. Dort werden Informationen zu den meldepflichtigen Krankheiten (gemäß IfSG), die in der wöchentlich erscheinenden „Aktuellen Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten“ veröffentlicht werden, um weitere Informationen ergänzt und visualisiert. Die Anwendung ist vorrangig zur Ansicht auf einem Desktop geeignet. Aufgerufen werden kann das Dashboard zum einen über einen Link, der auf der jeweils letzten Seite der *Epid-Bull*-Ausgaben zu finden ist oder über die *Epid-Bull*-Website von einer neu dafür eingeführten Kachel.

Im Dashboard werden zum einen Inzidenzen nach Bundesland sowie Inzidenzen nach Alter und Geschlecht für das aktuelle Jahr dargestellt. Zum anderen werden Fallzahlen nach Meldejahr sowie der zeitliche Verlauf einer meldepflichtigen Krankheit nach Meldewoche jeweils im Vergleich zum vorhergehenden Fünfjahreszeitraum ebenfalls dargestellt. Durch einen Klick auf einzelne Diagramme können diese vergrößert werden, darüber hinaus können durch Interaktionen mit den Diagramminhalten weitere Details abgerufen werden.

Zusätzlich zu den in der „Aktuellen Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten“ veröffentlichten Krankheiten wurden sieben weitere Krankheiten in das Dashboard aufgenommen: Arbovirus-Erkrankung, Gelbfieber, zoonotische Influenza, Orthopocken, Fleckfieber, Subakute Sklerosierende Panenzephalitis (SSPE) und Cholera.

Entwickelt wurde das Dashboard vom Fachgebiet 32 „Surveillance und elektronisches Melde- und Informationssystem (DEMIS) – ÖGD-Kontaktstelle“ gemeinsam mit der Redaktion des *Epid Bull*. Die Einführung geht u. a. auf Ergebnisse der [Leserumfrage zum Epid Bull](#) zurück, in der von vielen Teilnehmenden eine ergänzende grafische Darstellung (z. B. von Zeitverläufen) angeregt wurde.

Das Dashboard steht unter der [Lizenz Creative Commons Namensnennung 4.0](#) zur Verfügung und ist ebenso wie das *Epid Bull* öffentlich zugänglich.

Umfassende Auswertungen der Meldedaten (z. B. auch im Hinblick auf Schwere der Fälle oder Impfstatus) finden sich im [Infektionsepidemiologischen Jahrbuch](#).

Autoren

- ^{a)} Michaela Diercke | ^{a)} Andreas Hicketier |
^{a)} Ann Christin Vietor | ^{a)} Dr. Alexander Ullrich |
^{a)} Dr. Heike Schulze | ^{b)} Dr. Jamela Seedat |
^{b)} Sabine Trömer | ^{b)} Nadja Harendt
- ^{a)} Robert Koch-Institut, Abt. 3 Infektionsepidemiologie,
FG 32 Surveillance und elektronisches Melde- und
Informationssystem (DEMIS) | ÖGD-Kontaktstelle
^{b)} Robert Koch-Institut, Presse und Öffentlichkeits-
arbeit

12. Würzburger Meningokokken- und *Haemophilus-influenzae*-Workshop – Ausbrüche: aktuelle Entwicklungen, Prävention und Management

Präsenzworkshop am 25. Juni 2026 in Würzburg

Das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* (NRZMHi) lädt zum 12. Würzburger Meningokokken- und *Haemophilus-influenzae*-Workshop ein. Das diesjährige Thema sind Ausbrüche: aktuelle Entwicklungen, Prävention und Management. Die Präsenzveranstaltung richtet sich an Mitarbeitende im öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD), Mikrobiologinnen und Mikrobiologen, Ärztinnen und Ärzte sowie alle Fachpersonen, die sich für aktuelle Entwicklungen in der Infektionsprävention und -kontrolle interessieren.

Themenübersicht

Das Symposium bietet ein breit gefächertes Programm mit aktuellen und praxisrelevanten Beiträgen unter anderem zu folgenden Schwerpunkten:

- ▶ Neueste Impfempfehlungen zu Meningokokken
- ▶ Aktueller Hib-Ausbruch in Hamburg unter drogengebrauchenden Personen
- ▶ COVID-19-Impfung: aktueller Stand
- ▶ Polioeradikation in Deutschland
- ▶ *C. auris*

Teilnahme

Eine Anmeldung ist erforderlich. Die Teilnahmegebühr beträgt 90 Euro. Diese schließt ein Mittagessen und die Pausenverpflegung mit ein.

Organisation

NRZ für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* (NRZMHi, Würzburg) in Zusammenarbeit mit dem Robert Koch-Institut und der DGHM-Fachgruppe „Molekulare Infektionsepidemiologie und Populationsgenetik“

Veranstaltungsort

Rudolf-Virchow-Zentrum – Center for Integrative and Translational Bioimaging
Seminarraum 2 – Haus D15
Josef-Schneider-Straße 2
97080 Würzburg

Weitere Informationen und Anmeldung unter <https://go.uni-wue.de/meningohi2026>



Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

13. Woche 2026 (Datenstand: 1. April 2026)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.
Baden-Württemberg	26	712	675	9	159	159	4	114	74	140	2.086	3.177	22	366	593
Bayern	70	1.178	989	17	282	222	8	138	65	211	3.619	4.495	69	630	1.081
Berlin	24	448	365	2	60	77	7	57	52	95	2.540	1.647	33	294	518
Brandenburg	34	326	291	5	59	51	4	40	38	143	2.339	1.857	89	404	1.097
Bremen	7	100	83	1	8	5	1	15	18	21	327	246	12	173	38
Hamburg	8	201	258	3	23	38	6	38	30	61	1.067	744	9	175	253
Hessen	36	614	540	12	130	156	9	117	116	76	2.076	2.707	29	417	597
Mecklenburg-Vorpommern	24	277	221	1	49	37	2	46	46	68	1.269	1.109	33	226	315
Niedersachsen	47	756	718	4	161	137	7	180	118	133	2.559	3.259	55	584	1.332
Nordrhein-Westfalen	144	2.572	2.066	15	324	323	14	248	224	276	5.280	9.052	95	976	1.788
Rheinland-Pfalz	30	557	512	8	113	105	4	70	48	52	1.371	2.297	14	237	471
Saarland	7	134	138	2	19	18	4	24	18	17	352	640	1	14	332
Sachsen	63	667	601	12	127	154	6	71	65	223	2.835	3.698	152	986	919
Sachsen-Anhalt	26	292	294	3	89	86	1	34	30	76	1.684	1.923	22	382	914
Schleswig-Holstein	21	368	290	1	42	37	1	64	59	79	1.510	931	12	249	250
Thüringen	32	371	275	9	204	107	3	43	38	114	1.513	1.726	32	455	647
Deutschland	599	9.573	8.316	104	1.849	1.712	81	1.299	1.039	1.785	32.427	39.508	679	6.568	11.145

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.
Baden-Württemberg	0	21	31	47	497	563	9	229	285	11	105	141	72	20.984	32.046
Bayern	1	22	49	52	661	939	25	309	403	8	113	136	142	30.793	69.465
Berlin	0	8	17	18	241	387	5	126	141	3	68	73	44	7.806	14.623
Brandenburg	0	6	11	2	55	79	1	29	41	1	33	17	75	11.102	17.425
Bremen	0	1	3	6	42	81	1	18	30	1	11	18	9	981	1.145
Hamburg	0	3	10	17	139	380	1	61	78	6	39	65	26	4.469	9.231
Hessen	1	20	18	10	237	405	11	129	174	11	102	107	87	10.567	20.052
Mecklenburg-Vorpommern	0	10	2	3	34	44	0	17	22	1	14	14	45	11.570	12.427
Niedersachsen	2	32	24	17	416	510	5	171	204	7	81	71	57	14.583	27.361
Nordrhein-Westfalen	3	53	50	58	854	1.267	26	408	544	9	191	231	173	33.497	61.817
Rheinland-Pfalz	0	3	13	16	217	328	9	95	93	2	49	57	45	9.043	16.121
Saarland	0	3	7	6	48	85	6	36	41	0	10	12	6	1.862	3.070
Sachsen	1	8	8	9	82	111	2	57	63	1	23	33	81	21.539	41.534
Sachsen-Anhalt	0	4	5	4	59	117	3	27	36	2	19	22	85	11.161	25.244
Schleswig-Holstein	0	7	3	6	81	162	2	62	90	2	22	22	24	6.500	10.141
Thüringen	0	7	5	3	39	52	0	19	43	3	14	23	26	10.681	17.241
Deutschland	8	208	256	274	3.702	5.510	106	1.793	2.288	68	894	1.042	997	207.138	378.943

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.
Baden-Württemberg	0	3	11	1	5	4	0	0	0	27	255	355	66	936	1.082
Bayern	0	2	10	1	6	22	0	0	0	72	963	525	132	1.664	2.051
Berlin	0	1	8	0	2	5	0	0	0	5	36	95	23	268	383
Brandenburg	0	0	1	1	3	2	0	0	0	3	80	149	19	170	254
Bremen	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	2	9	1	27	24
Hamburg	0	1	2	0	2	3	0	0	0	2	47	65	5	108	135
Hessen	1	9	14	0	8	7	0	0	1	12	105	185	18	271	238
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	65	62	1	46	83
Niedersachsen	0	7	0	0	6	11	0	0	0	8	61	184	16	414	406
Nordrhein-Westfalen	3	9	17	1	12	26	0	0	1	31	301	406	75	1.233	1.094
Rheinland-Pfalz	0	0	2	0	3	1	0	0	0	12	119	158	8	194	265
Saarland	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	23	77	9	60	40
Sachsen	0	0	2	0	0	6	0	0	0	12	161	227	48	453	677
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22	178	295	7	43	45
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	5	3	0	0	0	3	29	43	15	249	153
Thüringen	0	0	1	0	1	0	0	0	0	14	203	248	8	161	107
Deutschland	4	32	69	4	54	92	0	0	2	227	2.628	3.083	451	6.297	7.037

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		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.	13.	1.–13.	1.–13.
Baden-Württemberg	4	24	25	18	307	326	2	26	22	1	25	38	26	2.687	2.521
Bayern	0	25	23	18	260	300	4	58	83	1	28	35	52	4.613	3.999
Berlin	1	14	18	9	123	188	2	9	9	3	25	15	9	1.301	1.523
Brandenburg	0	2	2	5	57	53	1	22	24	0	7	12	14	1.654	1.166
Bremen	0	0	0	0	7	11	0	2	6	0	0	0	0	122	135
Hamburg	1	6	9	10	99	121	0	9	5	0	15	17	9	455	697
Hessen	3	13	12	19	292	312	3	27	28	0	28	33	15	1.668	1.894
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	2	2	25	30	1	9	14	0	4	5	8	1.096	948
Niedersachsen	0	8	12	8	203	182	1	30	46	1	33	33	21	1.850	1.840
Nordrhein-Westfalen	3	51	37	27	492	674	8	143	154	7	81	72	62	4.417	5.385
Rheinland-Pfalz	0	8	6	9	82	118	3	18	21	0	8	10	14	1.440	1.336
Saarland	0	4	1	0	13	18	1	4	4	0	8	3	1	468	384
Sachsen	0	4	2	6	77	89	3	80	95	2	12	13	62	2.405	2.396
Sachsen-Anhalt	0	4	0	3	56	57	1	37	22	1	9	17	9	1.217	1.191
Schleswig-Holstein	1	7	2	4	54	59	2	17	18	1	8	7	7	1.126	1.042
Thüringen	0	3	4	1	41	37	0	9	11	1	10	12	12	1.162	764
Deutschland	13	173	155	139	2.188	2.575	32	500	562	18	301	322	321	27.681	27.221

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 Verlaufsform3 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*, invasive Infektion

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

Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2026		2025
	13.	1.–13.	1.–13.
Adenovirus-Konjunktivitis	1	65	118
Bornavirus-Erkrankung	0	2	0
Botulismus	0	0	1
Brucellose	0	6	13
<i>Candidozyma auris</i> , invasive Infektion	0	2	3
Chikungunyavirus-Erkrankung	3	130	14
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	18	54
Denguefieber	3	126	268
Diphtherie	0	7	14
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	0	10	8
Giardiasis	42	603	710
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	27	456	572
Hantavirus-Erkrankung	3	36	54
Hepatitis D	0	2	18
Hepatitis E	97	1.278	1.421
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	9	11
Kryptosporidiose	18	296	424
Legionellose	20	393	480
Lepra	0	0	0
Leptospirose	0	6	38
Listeriose	10	144	125
Malaria	8	172	176
Meningokokken, invasive Infektion	3	91	123
Mpox	10	116	143
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	0	5	16
Ornithose	0	2	6
Paratyphus	0	8	3
Pneumokokken, invasive Infektion	224	3.561	4.388
Q-Fieber	0	11	19
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	3.599	56.049	52.000
Shigellose	60	808	541
Trichinellose	0	0	0
Tularämie	1	26	21
Typhus abdominalis	0	14	22
West-Nil-Fieber*	0	1	1
Yersiniose	56	994	878
Zikavirus-Erkrankung	0	2	3

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

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen gemäß § 7 (3) IfSG nach Bundesländern

Berichtsmonat: Januar 2026 (Datenstand: 1. April 2026)

	Syphilis*			HIV-Infektion			Echinokokkose			Toxoplasm., konn.		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	Januar	Januar – Januar		Januar	Januar – Januar		Januar	Januar – Januar		Januar	Januar – Januar	
Baden-Württemberg	–	–	–	13	13	31	1	1	2	0	0	0
Bayern	–	–	–	27	27	44	3	3	5	0	0	0
Berlin	–	–	–	16	16	25	1	1	0	0	0	0
Brandenburg	–	–	–	4	4	1	0	0	0	0	0	0
Bremen	–	–	–	1	1	9	0	0	0	0	0	0
Hamburg	–	–	–	18	18	23	0	0	0	0	0	0
Hessen	–	–	–	14	14	23	0	0	4	0	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	–	–	–	5	5	5	0	0	0	0	0	0
Niedersachsen	–	–	–	20	20	26	0	0	0	0	0	0
Nordrhein-Westfalen	–	–	–	40	40	49	5	5	2	0	0	0
Rheinland-Pfalz	–	–	–	8	8	6	0	0	0	0	0	0
Saarland	–	–	–	0	0	2	1	1	1	0	0	0
Sachsen	–	–	–	5	5	12	0	0	0	0	0	0
Sachsen-Anhalt	–	–	–	3	3	13	0	0	0	0	0	0
Schleswig-Holstein	–	–	–	6	6	8	0	0	1	0	0	0
Thüringen	–	–	–	3	3	3	0	0	0	0	0	0
Deutschland	–	–	–	183	183	280	11	11	15	0	0	0

(Hinweise zu dieser Statistik s. Epid Bull 41/2001: 311-314)

* Derzeit stehen keine aktualisierten Daten zur Syphilis zur Verfügung.

Die „Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten“ wird ab sofort durch ein interaktives Dashboard ergänzt. Für die Darstellung von Inzidenz, Fallzahlen und des zeitlichen Verlaufs werden Fallzahlen ab 2021 berücksichtigt.