

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

24
2026

11. Juni 2026

Epidemiologisches Bulletin

**30-jähriges Jubiläum: NRZ und KL stellen
sich vor (Teil 3)**

Inhalt

30-jähriges Jubiläum: Die Nationalen Referenzzentren und Konsiliarlabore stellen sich vor (Teil 3)

Anlässlich des 30-jährigen Jubiläums der Etablierung der Nationalen Referenzzentren (NRZ) und Konsiliarlabore (KL) wurde im Epidemiologischen Bulletin 14/2026 eine Vorstellungsserie der NRZ und KL gestartet, die sich in dieser Ausgabe fortsetzt. NRZ und KL übernehmen zahlreiche Aufgaben zum Schutz der Bevölkerung vor Infektionskrankheiten, von der Erregeridentifikation über die Qualitätssicherung und Beratung bis hin zur Forschung. Im dritten Teil der Vorstellungsserie werden NRZ und KL mit Schwerpunkt impfpräventabler Erkrankungen vorgestellt.

30th Anniversary: The National Reference Centres and Consultant Laboratories Introduce Themselves (Part 3)

To mark the 30th anniversary of the establishment of the National Reference Centres (NRC) and Consultant Laboratories (CL), a series introducing the NRC and CL was launched in the Epidemiologisches Bulletin 14/2026 and is continued in this issue. NRC and CL perform a wide range of tasks to protect the population from infectious diseases, including pathogen identification, quality assurance, advisory services, and research. In the third part of the introduction series, NRC and CL will be presented, with a focus on vaccine-preventable diseases.

(All articles in German)

Konsiliarlabor für Diphtherie	4
Konsiliarlabor für Bordetellen	6
Nationales Referenzzentrum für Meningokokken und <i>Haemophilus influenzae</i>	8
Konsiliarlabor für Neurotoxin-produzierende Clostridien (Botulismus, Tetanus) und Konsiliarlabor für <i>Clostridium botulinum</i>/Botulinumtoxin in Lebensmitteln der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft (DVG)	11
Konsiliarlabor für FSME	14
Nationales Referenzzentrum für Papillom- und Polyomaviren	16
Konsiliarlabor für Herpes-Simplex-Virus (HSV) und Varicella-Zoster-Virus (VZV)	18
Konsiliarlabor für Rotaviren	20
Nationales Referenzzentrum für Poliomyelitis und Enteroviren	22
Konsiliarlabor für Hepatitis-A-Virus (HAV) und Hepatitis-E-Virus (HEV)	24
Nationales Referenzzentrum für Hepatitis-B-Viren und Hepatitis-D-Viren	27
Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren	29
Nationales Referenzzentrum für Coronaviren	32
Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 23. Woche 2026	34

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
Sabine Schleusener
(Stellv. Redaktionsassistentin)

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.

Konsiliarlabor für Diphtherie

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseiten**
 - [Konsiliarlabor für Diphtherie](#)
 - [European Reference Laboratory for Public Health on Diphtheria and Pertussis \(EURL-PH-DIPE\)](#)
 - [WHO Collaborating Centre for Diphtheria](#)
- ▶ **Leitung**
 - Prof. Dr. med. Dr. phil. Andreas Sing
 - Dr. med. Anja Berger
- ▶ **Institut**
 - Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL); Sachgebiet Public Health Mikrobiologie
- ▶ **Adresse**
 - Veterinärstraße 2, 85764 Oberschleißheim
- ▶ **E-Mail**
 - diphtheria@lgl.bayern.de
- ▶ **Telefon**
 - +49 9131 6808-5814

Die Diphtherie in ihrer klassischen respiratorischen Erscheinungsform war Anfang des 20. Jahrhunderts als sogenannter „Würgeengel der Kinder“ eine der häufigsten Todesursachen, insbesondere im Klein- und Schulkindalter. Durch Impfung und die therapeutische Gabe von Diphtherie-Antitoxin hat die Krankheit viel von ihrem Schrecken verloren. In Krisensituationen wie Krieg, Flucht und Vertreibung oder Naturkatastrophen und bei fehlendem Impfschutz kommt es immer wieder zu Ausbrüchen mit einer Sterblichkeit von 5–25 %. Neben der respiratorischen Diphtherie existiert die Entität der Haut- oder Wunddiphtherie. Da nur Diphtherietoxin-(DT-)bildende, sogenannte toxigene Corynebakterien Diphtherie auslösen können, ist der DT-Nachweis mittels *tox*-PCR und Elek-Immunitätspräzipitationstest für Diagnostik, Public-Health-Management und Meldepflicht gemäß Infektionsschutzgesetz und den Leitlinien der Weltgesundheitsorganisation (WHO) entscheidend.

Potenziell toxigene Spezies sind das fast ausschließlich von Mensch zu Mensch übertragene *Corynebacterium (C.) diphtheriae* und die beiden nahezu ausschließlich zoonotisch übertragenen *C. ulcerans* (häufig) und *C. pseudotuberculosis* (sehr selten beim Menschen). In den letzten Jahren erlebte der sogenannte *C. diphtheriae*-Spezieskomplex eine Ausweitung um die von *C. diphtheriae* abgesonderten Spezies *C. belfantii* und *C. rouxii* sowie die aus *C. ulcerans* abgetrennten Spezies *C. silvaticum* (Erstbeschreibung am Konsiliarlabor für Diphtherie) und *C. ramonii*.

Das 1997 begründete und seit 2008 am Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) befindliche Konsiliarlabor für Diphtherie bietet die klassische bakteriologische Diagnostik inklusive des wegen der stark eingeschränkten DT-Verfügbarkeit Speziallaboratorien vorbehaltenen Elek-Tests, *tox*-PCR sowie gesamtgenombasierte Stammtypisierung an. Mittlerweile werden über 500 Einsendungen pro Jahr zur weiterführenden Diagnostik übermittelt (im Jahr 2023 im Rahmen des europaweiten Diphtherie-Ausbruchsgeschehens unter Geflüchteten sogar über 700). Hierbei handelt es sich zumeist um Bakterienstämme, aber auch klinische Proben mit Verdacht auf Diphtherie.

Ein wesentlicher Aspekt der Arbeit im Konsiliarlabor ist die gemeinsam mit dem Robert Koch-Institut etablierte Integrierte Diphtherie-Surveillance in Deutschland. In diesem Zusammenhang wurden der deutsche Teil des europäischen Diphtherie-Ausbruchs unter Geflüchteten 2022/2023 sowie eine autochthone Ausbreitung eines der beteiligten Sequenztypen ST-574 (darunter der erste Ausbruch einer respiratorischen Diphtherie in der autochthonen Bevölkerung seit vier Jahrzehnten) in den Folgejahren entdeckt und beschrieben. Seit 2005 wurden mehrere laborbasierte Surveillancestudien publiziert, darunter der weltweit erste gesamtgenombasierte Nachweis eines Ausbruchs von Hautdiphtherie und die populationsgenetische Charakterisierung des großen europäischen Diphtherie-

Ausbruchs unter Geflüchteten 2022/2023, für die das Konsiliarlabor europaweit die meisten Sequenzen zur Verfügung stellte.

Das Konsiliarlabor führte mehrere Erstdiagnosen von *C. ulcerans* in verschiedenen Tierspezies durch (u. a. Haus- und Wildschwein, Wasserratte, Igel, Fuchs, Reh, Biber). Es konnte mehrfach Multilocus Sequence Typing-(MLST-) und ganzgenombasierte zoonotische Übertragungsketten auflösen, die zunächst nur aus Wildschweinen und Rehen isolierte *C. silvaticum* als Spezies neu beschreiben und 2025 auch erstmals in Menschen nachweisen.

Die am Konsiliarlabor entwickelten Methoden umfassen

- ▶ eine Verbesserung der RT-PCR für die simultane Diagnostik des *C. diphtheriae*- und *C. ulcerans*-tox-Genes,
- ▶ die Einführung von MALDI-TOF in der Diphtherie-Diagnostik,
- ▶ die Teilnahme an der MLST-Typisierung von *C. diphtheriae* und die Entwicklung eines MLST-Schemas für *C. ulcerans*,
- ▶ die erstmalige Etablierung von Grenzwerten zur Antibiotika-Empfindlichkeitstestung des European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) für *C. diphtheriae* und *C. ulcerans* (gemeinsam mit dem Institut Pasteur und dem EUCAST Development Laboratory in Växjö/Schweden),
- ▶ die Entwicklung und Evaluation eines *Enzyme-Linked Immunosorbent Assay* (ELISA), eines modifizierten Elek-Tests und eines *Lateral Flow Immunoassay* (LFIA) für den DT-Nachweis.

Das Konsiliarlabor für Diphtherie ist einer der Ko-Autoren des *WHO Laboratory Manual for the Diagnosis of Diphtheria, 3rd rev.* Das Konsiliarlabor wurde 2024 aufgrund seiner wissenschaftlichen und diagnostischen Expertise mit ca. 70 Publikationen zum WHO Collaborating Centre for Diphtheria ernannt und ist seit 2025 Bestandteil des aus vier Referenzlaboren zusammengesetzten European Reference Laboratory for Public Health on Diphtheria and Pertussis (EURL-PH-DIPE).

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Hoefler, A., H. Seth-Smith, F. Palma, S. Schindler, L. Freschi, A. Dangel, A. Berger, J. D'Aeth, R. Cordery, E. Delgado-Rodriguez, E. Gruner, D. Flury, V. Hinic, J. Kofler, R. Lienhard, R. Mariman, O. Nolte, A. Schibli, J. Toubiana, M. Traugott, S. Jacquinet, A. Indra, N.K. Fry, D. Palm, A. Sing, S. Brisse, A. Egli, the 2022 European diphtheria Consortium. *Corynebacterium diphtheriae* outbreak in migrant populations in Europe. *New Engl J Med* 2025; 392(23):2334-2345
- ▶ Berger, A., A. Dangel, K. Bengs, S. Schlotmann, P. Thomaßen, C. Maday, C. Rubach, I. Abdelgawad, G. Namaschk, L. Schneider, D. Perriat, F. Badenschier, C. Rau, M. Muscat, A. Sing. 2025. Autochthonous outbreak of respiratory diphtheria caused by *Corynebacterium diphtheriae*, Germany, September 2024. *Euro Surveill* 2025;30(27):pii=2500116
- ▶ Berger, A., E. Badell, J. Åhman, E. Matuschek, N. Zidane, G. Kahlmeter, A. Sing, S. Brisse. 2024. *Corynebacterium diphtheriae* and *Corynebacterium ulcerans*: development of EUCAST methods and generation of data on which to determine breakpoints. *J Antimicrob Chemother.* 2024; 79:968-976
- ▶ Melnikov, V.G., A. Berger, A. Dangel, A. Sing. 2023. Lateral flow immunoassay-based laboratory algorithm for rapid diagnosis of diphtheria. *Open Res Europe* 2023, 3:62
- ▶ Dangel, A., A. Berger, J. Rau, T. Eisenberg, P. Kämpfer, G. Margos, M. Contzen, H.-J. Busse, R. Konrad, M. Peters, R. Sting, A. Sing. 2020. *Corynebacterium silvaticum* sp. nov., a unique group of NTTB corynebacteria in wild boar and roe deer. *Int J Syst Evol Microbiol.* 70: 3614-3624

Konsiliarlabor für Bordetellen

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Bordetellen](#)
- ▶ **Leitung**
Univ.-Prof. Dr. med. Ivo Steinmetz
- ▶ **Institut**
Diagnostik- & Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin
- ▶ **Adresse**
Neue Stiftingtalstraße 6/3,
8010 Graz, Österreich
- ▶ **E-Mail**
ivo.steinmetz@medunigraz.at
- ▶ **Telefon**
+43 316 38573700

Keuchhusten ist eine durch Tröpfchen übertragene, hochkontagiöse Infektion des Respirationstraktes, die durch das strikt humanpathogene Bakterium *Bordetella (B.) pertussis* hervorgerufen wird. Nach anfänglichen erkältungsähnlichen Symptomen kommt es zu den charakteristischen Hustenanfällen, die über mehrere Wochen anhalten können und dann langsam abklingen. Bei kleinen Kindern sind Pneumonien, Krampfanfälle und Enzephalopathien gefürchtete Komplikationen. Infektionen können in jedem Alter vorkommen, wobei insbesondere Säuglinge und Kleinkinder ein höheres Risiko für einen schweren, potenziell tödlichen Krankheitsverlauf haben.

Aufgrund fehlender Auffrischungsimpfungen sind in den letzten Jahren auch vermehrt Infektionen mit *B. pertussis* bei Jugendlichen und Erwachsenen beobachtet worden. Hier kann der klinische Verlauf in Abhängigkeit vom Immunstatus sehr unterschiedlich und nicht charakteristisch sein. Dies macht eine Labordiagnostik im Verdachtsfall unabdingbar, um gegebenenfalls gezielt therapieren zu können und Präventivmaßnahmen für Kontaktpersonen zu ergreifen. Man muss davon ausgehen,

dass in Europa, aber auch weltweit, und insbesondere in ressourcenarmen Ländern, Keuchhusten unterdiagnostiziert ist. Neben dem klassischen Keuchhustenerreger *B. pertussis* kann auch die Spezies *Bordetella (B.) parapertussis* ein keuchhustenähnliches Krankheitsbild hervorrufen. Auch *Bordetella (B.) bronchiseptica* kann, wenn auch seltener, zu Infektionen des Respirationstraktes beim Menschen führen. Sowohl *B. parapertussis* als auch *B. bronchiseptica* haben darüber hinaus Bedeutung in der Veterinärmedizin. Die humanmedizinische Bedeutung weiterer *Bordetella*-Spezies wie z. B. *Bordetella holmesii* und der primär geflügelpathogenen Spezies wie *Bordetella hinzii* und *Bordetella avium* ist hingegen noch unklar.

Das Konsiliarlabor für Bordetellen befindet sich am Diagnostik- und Forschungsinstitut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin der Medizinischen Universität Graz und hat im Frühjahr 2020 seine Arbeit aufgenommen. Am Institut wird die komplette mikrobiologische Labordiagnostik für Patientinnen und Patienten bei Infektionen durch Bakterien, Viren, Pilze und Parasiten durchgeführt. Der Bereich Infektionsprävention umfasst hygienische Beratungen und die Analyse von Wasser- und Umweltproben sowie eine Impfbambulanz. Die Forschungsaktivitäten des Instituts reichen von der Grundlagenforschung im Bereich der Wirt-Pathogen-Interaktion über Analysen des humanen Mikrobioms und der Ökologie von humanpathogenen Erregern bis hin zur Entwicklung von innovativen diagnostischen Verfahren.

Unser Konsiliarlabor ist in dieses Forschungs- und Diagnostikumfeld mit einem umfassenden Qualitätsmanagementsystem integriert und hat Zugang zu einem breiten Spektrum an aktuellen molekularbiologischen, mikrobiologischen und serologischen Methoden sowie zu hochmodernen Automatisierungstechniken wie der *Total Lab Automation (TLA)* für kulturelle Verfahren. Forschungsschwerpunkte des Konsiliarlabors sind die Entwicklung von Verfahren zur molekularen Typisierung von *Bordetella*-

Spezies mit Hilfe von neuen Sequenzierungstechnologien, die Weiterentwicklung von kulturbasierenden Methoden und die Analyse der Antikörperantwort bei Erkrankung und nach Impfung.

Wir möchten dazu beitragen, den Nachweis von Infektionen im ambulanten und stationären Bereich sowohl durch eine erhöhte Sensibilisierung der behandelnden Ärztinnen und Ärzte als auch durch einen konsequenten Nachweis des Keuchhusten-

erregers und anderer *Bordetella*-Spezies weiter zu verbessern. In diesem Kontext führen wir u. a. nach Zusendung von *Bordetella*-PCR-positiven klinischen Materialien die Isolierung der Bakterienstämme mit anschließender Resistenztestung sowie eine Gesamtgenomsequenzierung durch. Wir möchten damit zeitnah mögliche Veränderungen bei Virulenzfaktoren und der Antibiotikaresistenz analysieren und das mögliche Auftreten von *Immune Escape*-Mutanten frühzeitig erkennen.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Klugherz I, Leitner E, Kleinhappl B, Luxner J, Lipp M, Wagner GE, Dichtl K, Rigler-Hohenwarter K, Gattringer R, Kerschner H, Apfalter P, Simeoni DD, Schmid D, Steinmetz I: Improving *Bordetella pertussis* isolation from PCR positive samples: Impact of modified Regan-Lowe agar, sample Ct value and transport time on culture positivity. CMI Communications 2026 | DOI 10.1016/j.cmi-com.2026.105191
- ▶ Schönfeld V, Schlaberg J, Steinmetz I, Rau C: Keuchhusten: Die aktuelle Epidemiologie in Deutschland. *Epid Bull* 2024;48:3-7 | DOI 10.25646/12936
- ▶ Wagner GE, Dabernig-Heinz J, Lipp M, Cabal A, Simantzik J, Kohl M, Scheiber M, Lichtenegger S, Ehrlich R, Leitner E, Ruppitsch W, Steinmetz I: Real-Time Nanopore Q20+ Sequencing Enables Extremely Fast and Accurate Core Genome MLST Typing and Democratizes Access to High-Resolution Bacterial Pathogen Surveillance. *J Clin Microbiol* 2023 Apr 20; 61(4): e0163122 | DOI 10.1128/jcm.01631-22.
- ▶ Schönfeld V, Heining U, Littmann M, Steinmetz I, Matysiak-Klose D: Aktuelle Epidemiologie von *Bordetella parapertussis* Infektionen in Deutschland. *Epid Bull* 2023;33:3-14 | DOI 10.25646/11681.
- ▶ Cabal A, Schmid D, Hell M, Chakeri A, Mustafa-Korning E, Wojna A, Stöger A, Möst J, Leitner E, Hyden P, Rattei T, Habington A, Wiedermann U, Allerberger F, Ruppitsch W: Isolate-Based Surveillance of *Bordetella pertussis*, Austria, 2018–2020. *Emerg Infect Dis* 2021 Mar; 27(3): 862–871 | DOI 10.3201/eid2703.202314

Nationales Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae*

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Nationales Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae*](#)
- ▶ **Leitung**
PD Dr. rer. nat. Heike Claus
PD Dr. med. Thiên-Trí Lâm
- ▶ **Institut**
Institut für Hygiene und Mikrobiologie,
Universität Würzburg
- ▶ **Adresse**
Josef-Schneider-Straße 2/E1, 97080 Würzburg
- ▶ **E-Mail**
nrzmhi@uni-wuerzburg.de
- ▶ **Telefon**
+49 931 31-46006 (Labor), +49 931 31-81423
(ärztliche und wissenschaftliche Mitarbeiter)

Meningokokken und *Haemophilus (H.) influenzae* sind wichtige Erreger invasiver bakterieller Infektionen beim Menschen. Sie können innerhalb weniger Stunden schwer verlaufende Erkrankungen wie Meningitis oder Sepsis auslösen und haben das Potenzial, lokale oder überregionale Ausbrüche zu verursachen. Das Nationale Referenzzentrum für Meningokokken und *Haemophilus influenzae* (NRZMHi) überwacht diese Erreger systematisch und trägt damit zur frühzeitigen Erkennung von Übertragungsereignissen und zur Einschätzung der epidemiologischen Lage in Deutschland bei. Eine besondere Rolle spielt die Impfprävention: Die Bestimmung von Serogruppen und Serotypen ist für die Bewertung des Erregerspektrums und die Weiterentwicklung evidenzbasierter Impfstrategien essenziell.

Die Forschungsarbeiten des NRZMHi konzentrieren sich auf die epidemiologische Entwicklung beider Erreger sowie auf ihre molekularen Resistenzmechanismen. Für *Neisseria meningitidis* zeigen die

Daten seit der COVID-19-Pandemie ein dynamisches Bild: Nach dem pandemiebedingten Rückgang stiegen die Fallzahlen ab 2022 wieder an und erreichten 2023 nahezu das präpandemische Niveau. Besonders auffällig ist die deutliche Zunahme der Serogruppe Y, deren Anteil 2023 fast dem der Serogruppe B entsprach. Die veränderte Serogruppenverteilung führte 2025 zu einer angepassten STIKO-Empfehlung für eine routinemäßige MenACWY-Impfung bei Jugendlichen, an deren wissenschaftlicher Grundlage das NRZMHi mitwirkte.

Auch bei *H. influenzae* werden derzeit bemerkenswerte epidemiologische Veränderungen beobachtet. Seit Ende 2024 wird in Hamburg ein ungewöhnlicher Ausbruch invasiver Hib-Infektionen unter überwiegend obdachlosen und drogengebrauchenden Erwachsenen beobachtet. Bis Mitte 2025 wurden mindestens 13 Fälle, bis Ende des Jahres schließlich sogar 26 Erkrankungen registriert, die dem Ausbruch zugerechnet werden konnten, darunter mehrere schwere Verläufe und Todesfälle. Molekulare Analysen zeigen eine enge genetische Verwandtschaft der Ausbruchsstämme, die sich klar von anderen aktuellen Hib-Isolaten in Deutschland abgrenzen lassen. Ein solches Ausbruchsgeschehen unter Erwachsenen ist in Deutschland epidemiologisch einzigartig. Weltweit wurde nur in Kanada ein ähnlicher Ausbruch beschrieben.

Die Referenzdiagnostik des NRZMHi umfasst die phänotypische und genotypische Speziesbestätigung, Serotypisierung, molekulare Feintypisierungen und Genomanalysen. Ergänzt werden diese Verfahren durch phänotypische und molekulare Resistenztestungen. Heike Claus und Thiên-Trí Lâm leiten gemeinsam das Kernteam aus sechs Mitarbeitenden des NRZMHi am Institut für Hygiene und Mikrobiologie der Universität Würzburg. Das NRZMHi engagiert sich aktiv in der European Meningococcal and Haemophilus Disease Society (EMGM), im Europäischen Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC-)

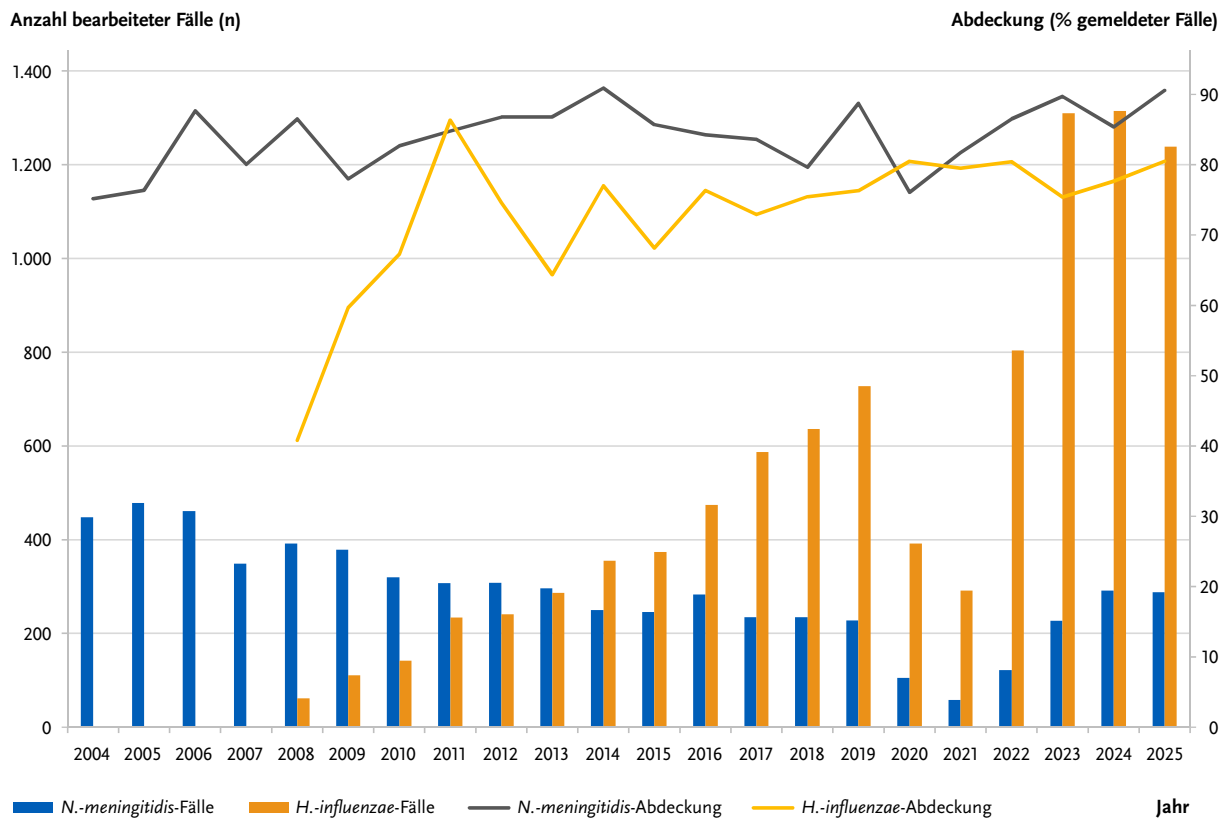


Abbildung | Einsendungen an das NRZMHi, bei denen eine invasive Infektion durch *N. meningitidis* bzw. *H. influenzae* gemäß § 7 IfSG bestätigt wurde. Die geschätzte Abdeckung der Meldedaten wurde aus dem Quotienten aus am NRZMHi bearbeiteten Fällen und den Meldedaten laut Survstat@RKI errechnet.

Labornetzwerk für invasive bakterielle Infektionen IBD-LabNet sowie in der Fachgruppe Molekulare Infektionsepidemiologie und Populationsgenetik der Deutschen Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie (DGHM).

Das NRZMHi entwickelt seine Aufgaben in Diagnostik, Surveillance und Forschung kontinuierlich

weiter. Im Fokus stehen die Beobachtung epidemiologischer Trends, die Anwendung und Weiterentwicklung molekularer Methoden und die enge Zusammenarbeit mit den Gesundheitsämtern und dem Robert Koch-Institut wie auch internationalen Partnern, um die wissenschaftliche Grundlage für evidenzbasierte Entscheidungen im öffentlichen Gesundheitswesen langfristig zu sichern.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Lucidarme J, Deghmane AE, Sharma S, Meilleur C, Eriksson L, Mölling P, Claus H, van Sorge NM, Bettencourt C, Bajanca-Lavado P, Tsang RSW, Caugant DA, Stefanelli P, Neri A, Tzanakaki G, Lekshmi A, Campbell H, Clark SA, Heymer EJ, Ribeiro S, Willerton L, Walsh L, Bai X, Lâm TT, Wagle BR, Walia V, Howie RL, Neatherlin J, Rubis A, Vachon M, McNamara LA, Ladhani SN, Taha MK, Borrow R. 2025. Umrah- and travel-associated meningococcal disease due to multiple serogroup W ST-11 sub-strains pre-Hajj 2024. *J Infect* doi:10.1016/j.jinf.2025.106558:106558.
- ▶ Duske H, Claus H, Krone M, Lâm TT. 2024. Prevalence of piperacillin/tazobactam resistance in invasive *Haemophilus influenzae* in Germany. *JAC Antimicrob Resist* 6:dlad148.
- ▶ Borrow R, Campbell H, Caugant DA, Cherkaoui A, Claus H, Deghmane AE, Dinleyici EC, Harrison LH, Hausdorff WP, Bajanca-Lavado P, Levy C, Mattheus W, Mikula-Pratschke C, Mölling P, Sáfadi MA, Smith V, van Sorge NM, Stefanelli P, Taha MK, Toropainen M, Tzanakaki G, Vázquez J. 2024. Global Meningococcal Initiative: Insights on antibiotic resistance, control strategies and advocacy efforts in Western Europe. *J Infect* 89:106335.
- ▶ Shaw D, Abad R, Amin-Chowdhury Z, Bautista A, Bennett D, Broughton K, Cao B, Casanova C, Choi EH, Chu YW, Claus H, Coelho J, Corcoran M, Cottrell S, Cunney R, Cuypers L, Dalby T, Davies H, de Gouveia L, Deghmane AE, Demczuk W, Desmet S, Domenech M, Drew R, du Plessis M, Duarte C, Erlendsdottir H, Fry NK, Fursted K, Hale T, Henares D, Henriques-Normark B, Hilty M, Hoffmann S, Humphreys H, Ip M, Jacobsson S, Johnson C, Johnston J, Jolley KA, Kawabata A, Kozakova J, Kristinsson KG, Krizova P, Kuch A, Ladhani S, Lam TT, Leon ME, Lindholm L, Litt D, et al. 2023. Trends in invasive bacterial diseases during the first 2 years of the COVID-19 pandemic: analyses of prospective surveillance data from 30 countries and territories in the IRIS Consortium. *Lancet Digit Health* 5:e582-e593.
- ▶ Takla A, Schonfeld V, Claus H, Krone M, An der Heiden M, Koch J, Vogel U, Wichmann O, Lam TT. 2020. Invasive *Haemophilus influenzae* Infections in Germany After the Introduction of Routine Childhood Immunization, 2001-2016. *Open Forum Infect Dis* 7:ofaa444.

Konsiliarlabor für Neurotoxin-produzierende Clostridien (Botulismus, Tetanus) und Konsiliarlabor für *Clostridium botulinum*/Botulinumtoxin in Lebensmitteln der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Neurotoxin-produzierende Clostridien \(Botulismus, Tetanus\) und Konsiliarlabor für *Clostridium botulinum*/Botulinumtoxin in Lebensmitteln der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Brigitte Dorner
- ▶ **Institut**
Robert Koch-Institut
Biologische Toxine (ZBS3)
- ▶ **Adresse**
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**
DornerB@rki.de
ZBS3-Diagnostik@rki.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18754-2500

Das Fachgebiet Biologische Toxine (ZBS3) am Robert Koch-Institut nimmt in einer Doppelrolle als vom Bundesministerium für Gesundheit (BMG) berufenes Konsiliarlabor für Neurotoxin-produzierende Clostridien (Botulismus, Tetanus) im humanmedizinischen Bereich und als von der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft (DVG) bestelltes Konsiliarlabor für *Clostridium botulinum*/Botulinumtoxin in Lebensmitteln im veterinärmedizinischen Bereich zentrale Aufgaben in der Diagnostik und fachlichen Beratung bei Verdacht auf Botulismus und Tetanus sowie beim Nachweis Neurotoxin-produzierender Clostridien wahr. Die Diagnostik der Botulinum Neurotoxine (BoNTs) als Auslöser des schweren, neurologischen Krankheitsbildes Botulismus stellt aufgrund der Komplexität der BoNT-Molekülfamilie mit acht Serotypen (A–H) und mehr als 40 Subtypen und Mosaikformen eine

große Herausforderung dar. Die BoNTs werden von sieben phänotypisch und genotypisch unterscheidbaren *Clostridium*-Spezies produziert (*C. botulinum* Gruppe I bis III, *C. argentinense*, *C. baratii*, *C. butyricum* sowie *C. sporogenes*). Die Erkrankung Tetanus wird durch das konservierte Tetanus Neurotoxin (TeNT), produziert vom Erreger *C. tetani*, ausgelöst.

Ziel der Konsiliartätigkeit ist es, die Neurotoxine und/oder deren Erreger in human- und veterinärmedizinischen Proben, in Lebens- und Futtermitteln sowie in Umweltproben schnell, sensitiv und spezifisch nachzuweisen, zu typisieren und damit eine belastbare Grundlage für medizinische, veterinärmedizinische und behördliche Entscheidungen zu schaffen. Aufgrund der hohen Toxizität der Neurotoxine und der potenziell sehr schweren Krankheitsverläufe hat die verlässliche Diagnostik eine unmittelbare Bedeutung für den Schutz der Bevölkerung. Gleichzeitig ist die frühzeitige Identifikation von Kontaminationsquellen essenziell, um Ausbrüche zu erkennen und einzudämmen. Im Fall des lebensmittelassoziierten Botulismus werden die zuständigen Behörden im Lebensmittelbereich bei Rückrufmaßnahmen unterstützt, um weitere Erkrankungen zu verhindern.

Die diagnostische Strategie beruht auf methodisch unabhängigen und komplementären Verfahren: 1) immunologische Nachweissysteme wie ELISA und Multiplex-Suspensionsarrays basierend auf proprietären Antikörpern gegen alle relevanten Neurotoxin-Sero- und Subtypen; 2) funktionelle Nachweise der Toxinaktivität (*in-vitro*- und *in-vivo*-Verfahren); 3) massenspektrometrische Verfahren zur hochspezifischen Identifikation und Subtyppdifferenzierung sowie 4) mikrobiologische und molekularbiologische Methoden wie anaerobe Kultivierung, qPCR, Sequenzierung und Gencluster-Analysen zur Erregerisolierung und -typisierung.

Ein zentrales Element der Konsiliartätigkeit ist die enge Verzahnung von human- und veterinärmedizinischer Diagnostik im Sinne des One-Health-Ansatzes. Wo immer möglich, werden klinische Proben parallel zu assoziierten Lebens- oder Futtermitteln untersucht, da dies in der Praxis eine schnellere und robustere Diagnostik ermöglicht und zugleich die Identifikation der Infektions- oder Intoxikationsquelle erlaubt. Die epidemiologische Aufklärung von Einzelfällen und Ausbruchsgeschehen ist ein integraler Bestandteil der Arbeit des Konsiliarlabors und erfolgt in enger Zusammenarbeit mit Gesundheits- und Veterinärbehörden.

Intensive Forschungsaktivitäten richten sich auf die Entwicklung, Validierung und Implementierung einer Tierversuchersatzmethode für die Botulismus-Diagnostik, einem Endopeptidase-Suspensionsimmunoassay (Endopep-SIA). Im Bereich der Grund-

lagenforschung stehen die Variabilität und Funktionalität der BoNTs sowie Mechanismen der Toxinaufnahme im Fokus.

Ausgewählte diagnostische Verfahren des Fachgebiets sind nach DIN EN ISO 15189 und DIN EN ISO/IEC 17025 akkreditiert. Parallel dazu engagiert sich ZBS3 in der Weiterentwicklung und Standardisierung der Neurotoxin-Diagnostik auf nationaler und europäischer Ebene, z. B. durch Bereitstellung von Referenzmaterialien, Organisation von und Teilnahme an Ringversuchen sowie durch Schulungs- und Trainingsangebote für nationale und internationale Partnerlabore. Damit verbindet das Konsiliarlabor seine aktuelle Referenzdiagnostik mit der kontinuierlichen methodischen Weiterentwicklung und dem Ziel, die Botulismus-/Tetanus-Diagnostik in Deutschland und Europa weiter zu verbessern und zu harmonisieren.

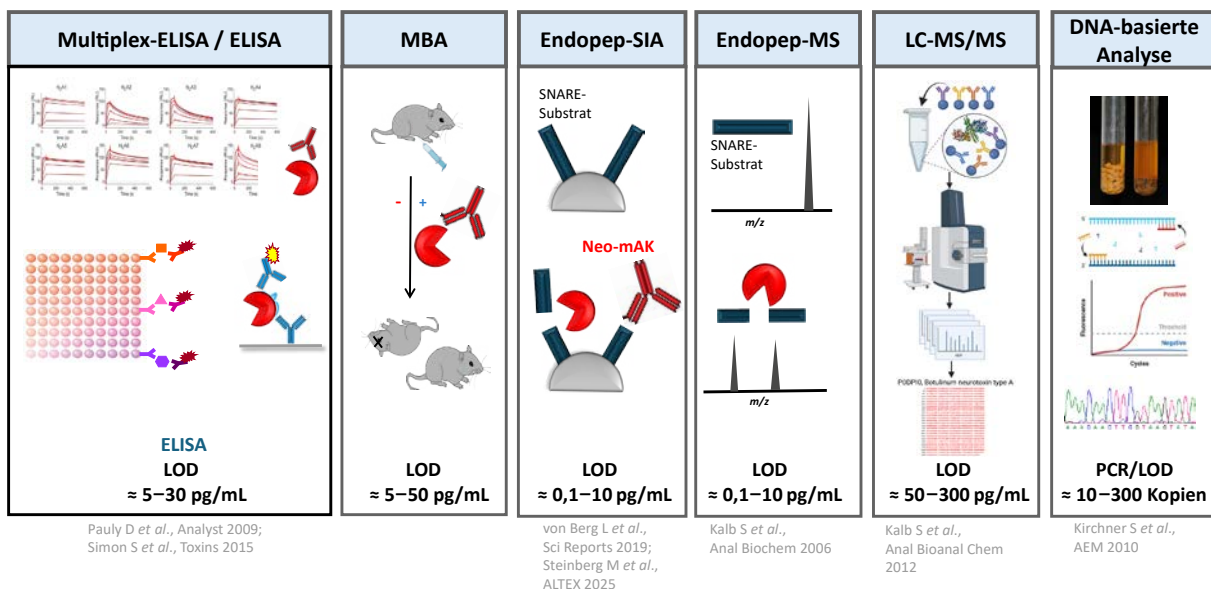


Abbildung | Detektion und Identifizierung von Neurotoxinen und Neurotoxin-produzierenden Clostridien im Konsiliarlabor. Die Abbildung zeigt die Kombination immunologischer (Multiplex-ELISA, konventionelle ELISA), funktioneller (MBA, Endopep-SIA, Endopep-MS) und massenspektrometrischer (LC-MS/MS) Verfahren, die zum Toxinnachweis eingesetzt wird. Geeignete Probenmaterialien, z. B. Fäzesproben, Lebens- oder Futtermittel sowie Umweltproben werden außerdem nach anaerober mikrobiologischer Kultivierung mittels molekularbiologischer Methoden (qPCR, NGS) zum Erregernachweis analysiert. Die Nachweisgrenzen (LOD, *limit of detection*) der Methoden sind jeweils angegeben.

ELISA = *Enzyme-linked immunosorbent assay*; MBA = Maus-Bioassay; Endopep-SIA = Endopeptidase-Suspensionsimmunoassay; Endopep-MS = Endopeptidase-Massenspektrometrie-Assay.

Abbildung erstellt mit *biorender*.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Steinberg M, Wilk L-V, Stern D, Weisemann J, Messelhäußer U, Wittwer M, Krüger M, Mages H-W, Rummel A, Dorner MB, and Dorner BG (2025). Validation of an Endopep-Suspension Immunoassay (Endopep-SIA) for the Diagnostics of Human Botulism. *ALTEX*. 2025;42(4):636-656
- ▶ Dorner MB, Wilking H, Skiba M, Wilk L, Steinberg M, Worbs S, Çeken S, Kaygusuz S, Simon S, Becher F, Mikolajewska A, Kornschöber C, Bütler T, Jourdan-Da-Silva N, an der Heiden M, Schaade L, Stark K, Dorner BG, Frank C (2023). A large travel-associated outbreak of iatrogenic botulism in four European countries following intragastric botulinum neurotoxin injections for weight reduction, Türkiye, February to March 2023. *Euro Surveill* 28: 2300203
- ▶ Hendrickx D, Varela Martínez C, Contzen M, Wagner-Wiening C, Janke K-H, Hernando Jiménez P, Massing S, Pichler J, Tichaczek-Dischinger P, Burckhardt F, Stark K, Katz K, Jurke A, Thole S, Carbó R, del Pobil Ferré MP, Nieto M, Zamora MJ, Sisó A, Pallares García P, Valdezate S, Schaade L, Worbs S, Dorner BG, Frank C, Dorner MB (2023). First cross-border outbreak of foodborne botulism in the European Union associated with the consumption of commercial dried roach (*Rutilus rutilus*). *Frontiers in Public Health* 10: 1039770
- ▶ von Berg L, Stern D, Pauly D, Mahrhold S, Weisemann J, Jentsch L, Hansbauer EM, Müller C, Avondet MA, Rummel A, Dorner MB, Dorner BG (2019). Functional detection of botulinum neurotoxin serotypes A to F by monoclonal neoepitope-specific antibodies and suspension array technology. *Sci Rep* 9: 5531
- ▶ Simon S, Fiebig U, Liu Y, Tierney R, Dano J, Worbs S, Endermann T, Nevers M-C, Volland H, Sesardic D, Dorner MB (2015). Recommended immunological strategies to screen for botulinum neurotoxin-containing samples. *Toxins (Basel)* 7: 5011-5034

Konsiliarlabor für FSME

KONTAKTDATEN

- ▶ [Webseite](#)
[Konsiliarlabor für FSME](#)
- ▶ [Leitung](#)
Prof. Dr. Gerhard Dobler
- ▶ [Institut](#)
Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr
- ▶ [Adresse](#)
Neuherbergstraße 11, 80937 München
- ▶ [E-Mail](#)
gerharddobler@bundeswehr.org
- ▶ [Telefon](#)
+49 89 992692-3974

Die Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME) ist die wichtigste durch Zecken übertragene Virusinfektion in Europa und Asien. Der Erreger ist das *Orthoflavivirus encephalitidis* (*Tick-Borne Encephalitis Virus*, TBEV) aus der Familie Flaviviridae, Gattung *Orthoflavivirus*. Das Virus kann in mindestens fünf Subtypen unterteilt werden, wovon der europäische, der sibirische und der fernöstliche Subtyp auch in Europa von Bedeutung sind. Die Diagnose einer FSME wird üblicherweise mittels serologischem Antikörpernachweis gestellt, da das Virus in Patientinnen und Patienten meist nicht nachweisbar ist. Das Konsiliarlabor (KL) FSME bietet eine bestätigende Diagnostik für alle unklaren FSME-Antikörperkonstellationen an. Dazu werden am KL FSME neben Standardtests (IgG-, IgM-Immunfluoreszenztest [IFT], *Enzyme-linked Immunosorbent Assay* [ELISA]) auch der Neutralisationstest (Nachweis einer Immunität, Differenzierung von anderen Flavivirus-Infektionen) sowie ein am KL entwickelter NS₁-IgG ELISA Test durchgeführt, mit dessen Hilfe Impf- und Infektions-IgG-Antikörper unterschieden werden und der für die Diagnose von Impfdurchbrüchen mittlerweile unverzichtbar geworden ist. Sehr wichtig ist in diesem Zusammenhang der direkte Kontakt mit den Gesundheitsbehörden, den niedergelassenen Ärztinnen und

Ärzten, Laboratorien sowie auch mit Patientinnen/Patienten mit unklarer FSME-Situation.

Neben der Diagnostik beschäftigt sich das KL FSME mit der Aufklärung von Ausbruchsgeschehen (z. B. alimentäre Übertragung durch Ziegenmilch) und mit dem Nachweis der Entstehung neuer FSME-Naturherde durch importierte FSME-Viren in bisher nicht bekannten FSME-Risikogebieten. Dazu werden FSME-Naturherde identifiziert und TBEV aus Zecken des jeweiligen FSME-Naturherds isoliert und mittels *Next Generation Sequencing* (NGS) das Gesamtgenom sequenziert und phylogenetisch analysiert. Das KL FSME verfügt über eine Stammsammlung mit mehreren hundert TBEV-Isolaten aus allen TBEV-Verbreitungsgebieten, die u. a. für epidemiologische und immunologische Studien verwendet werden.

Ein weiterer Forschungsschwerpunkt des KL FSME ist die Beschreibung der FSME-Epidemiologie. Dazu wurde der für die Diagnostik verwendete NS₁-IgG-Test an epidemiologische Fragestellungen adaptiert. Damit können nun erstmals seit der Einführung der FSME-Impfung wieder epidemiologische Untersuchungen zur FSME-Prävalenz und -Inzidenz gemacht werden und die Infektionslast und das Infektionsrisiko sowie die Impfquoten in Bevölkerungsgruppen bestimmt werden. Die Untersuchungen werden mittlerweile auch in anderen europäischen Ländern durchgeführt, u. a. zur diagnostischen Unterscheidung und Beschreibung der Epidemiologie von TBEV-Subtypinfektionen im Baltikum.

Neben den direkten Arbeiten zur FSME, ihrer Diagnostik und Epidemiologie nehmen auch Anfragen und Einsendungen zur Identifizierung von Zeckenarten (z. B. *Hyalomma*-Arten) und Anfragen zur Testung von Zecken auf TBEV und die Beratung dazu einen zunehmenden Raum in der Arbeit des KL FSME ein.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Pascoe EL, Bakker JW, Wijburg SR, de Vries A, Sprong H, Marcantonio M, Lang D, Dobler G, Köhler CF, Esser HJ, Koenraadt CJ. Multiple variants of tick-borne encephalitis virus in voles, mice and ticks, the Netherlands, 2021 to 2023. *Euro Surveill.* 2025 Jan;30(4):2400247. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.4.2400247.
- ▶ Girtl P, Schindler A, Martin S, Dobler G, Borde JP. Surveillance of Tick-Borne Encephalitis Virus-Comparison of Vaccination- and Infection-Induced Seroprevalences in Lower Bavaria, Germany. *J Med Virol.* 2025 Aug;97(8):e70514. doi: 10.1002/jmv.70514.
- ▶ Freimane Z, Dobler G, Karelis G, Kuzmane S, Savicka O, Chitimia-Dobler L, Zolovs M, Zavadska D. Tick-borne encephalitis in Latvia: an epidemiological and clinical comparison of European and Siberian subtype infections. *Infection.* 2025 Aug 12. doi: 10.1007/s15010-025-02616-7.
- ▶ Halsby K, Davidson A, Davis J, Zens K, Dobler G, Pilz A, Angulo FJ, Zhang P, Kelly PH, Stark JH. Incidence of tick-borne encephalitis in unvaccinated populations across Europe (2020-2023). *Int J Infect Dis.* 2025 Nov;160:108052. doi: 10.1016/j.ijid.2025.108052.
- ▶ Chitimia-Dobler L, Dobler G, Lang D, Bormane A, Ranka R, Schaper S, Freimane Z, Zavadska D. Distribution and Genotypic Landscape of Tick-Borne Encephalitis Virus in Ticks from Latvia from 2019 to 2023. *Pathogens.* 2025 Sep 22;14(9):950. doi: 10.3390/pathogens14090950.

Nationales Referenzzentrum für Papillom- und Polyomaviren

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Nationales Referenzzentrum für Papillom- und Polyomaviren](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. med. Ulrike Wieland
Dr. rer. nat. Steffi Silling (Vertretung)
- ▶ **Institut**
Institut für Virologie, Universitätsklinikum Köln
- ▶ **Adresse**
Fürst-Pückler-Straße 56, 50935 Köln
- ▶ **E-Mail**
virologie-papillomapolyoma@uk-koeln.de
- ▶ **Telefon**
+49 221 47885803

Das Nationale Referenzzentrum für Papillom- und Polyomaviren (NRZ-HPV-HPyV) ist seit 2009 am Institut für Virologie der Uniklinik Köln lokalisiert. Momentan kennt man über 230 Humane Papillomviren (HPV) und 16 Humane Polyomaviren (HPyV). HPV verursachen Karzinome der Anogenitalregion (Cervix-, Vulva-, Vaginal-, Anal-, Peniskarzinom) und des Oropharynx, aber auch „gutartige“ Tumore wie Hautwarzen, Genitalwarzen und Larynxpapillome. Das weitverbreitete kutane Merkelzell-Polyomavirus (MCPyV) kann eine seltene, aber aggressive Form von Hautkrebs auslösen. Bei immunsupprimierten Personen können Polyomaviren schwere Erkrankungen der Niere (BKPyV-Nephropathie) oder des zentralen Nervensystems (Progressive multifokale Leukenzephalopathie, JCPyV) verursachen.

Das NRZ-HPV-HPyV beschäftigt sich mit der Etablierung von Protokollen und der Verbesserung diagnostischer Pfade zum Nachweis von HPV- und HPyV-Infektionen. Im Rahmen der Qualitätssicherung unterstützen wir nationale und internationale Ringversuche und engagieren uns bei den von der Bundesärztekammer benannten Referenzinstitutionen zur Qualitätssicherung in der *in-vitro*-Diagnostik.

Wir führen eine Sammlung mit Referenzstämmen, die wir kontinuierlich erweitern und für Laborvergleiche und Validationen von Testsystemen zur Verfügung stellen. Das NRZ-HPV-HPyV bietet zahlreiche über die Routinediagnostik hinausgehende Spezialuntersuchungen an, wie z. B. HPV-Nachweis und Typisierung bei HPV-bedingten Erkrankungen wie Verrucosis generalisata, Morbus Heck oder anogenitalen Dysplasien, bei denen mit kommerziell verfügbaren Testsystemen kein HPV-Typ gefunden wurde. Für HPyV bieten wir z. B. Virusnachweis und Viruslastbestimmungen in Merkelzellkarzinomen oder in Hautbiopsien von Patientinnen und Patienten mit V.a. Trichodysplasia spinulosa (TSPyV) an, sowie die Feincharakterisierung von JCPyV- und BKPyV-Isolaten aus diagnostischen Proben. Wir unterstützen und beraten Labore und anfragende Ärztinnen und Ärzte bei komplexen Fällen und halten Fortbildungen zu HPV und HPyV. Außerdem führen wir Studien zur Epidemiologie von HPV und HPyV durch, evaluieren diagnostische Testsysteme für diese Viren, und können die Wirksamkeit von Desinfektionsmitteln gegen HPV in Zellkulturmodellen untersuchen. Das NRZ-HPV-HPyV ist an der Erstellung der S3-Leitlinien zum [Anal- bzw. Vulvakarzinom](#), sowie an S2k-Leitlinien zu [Analen Dysplasien und Analkarzinom-Screening bei Menschen mit HIV](#) und zu [Virusinfektionen bei Organ- und Stammzell-Transplantierten](#) beteiligt.

Als NRZ für Papillomviren sind wir Mitglied im „[HPV LabNet](#)“, einem globalen Netzwerk nationaler HPV-Referenzzentren, das dazu beitragen soll, das WHO-Ziel der Eliminierung des Zervixkarzinoms zu erreichen. Neben der Verteilung von Ringversuchsproben für Zervixkarzinom-Screeningteste umfassen die Aktivitäten des „[HPV LabNet](#)“ u. a. die Erstellung eines online verfügbaren [HPV-E-Laborhandbuchs](#), sowie das Verfassen von [Leitlinien zur Qualitätssicherung bei HPV-Untersuchungen](#).

Leistungsangebot des NRZ für Papillom- und Polyomaviren:

- ▶ Beratung von Laboratorien bei der Diagnostik von HPV- und HPyV-Infektionen
- ▶ Typisierungen von HPV in diagnostischen Sonderfällen und Untersuchung HPV-negativer *High Grade Squamous Intraepithelial Lesions* (HSIL)/Karzinome nach vorheriger Absprache
- ▶ Nachweis von HPyV in diagnostischen Sonderfällen nach vorheriger Absprache
- ▶ Führen einer Sammlung diagnostischer Referenzmaterialien für HPV und HPyV sowie Abgabe auf Anfrage
- ▶ Unterstützung von nationalen und internationalen Ringversuchen zu HPV und HPyV
- ▶ Evaluation von kommerziellen, diagnostischen Testsystemen für HPV und HPyV

- ▶ Durchführung von epidemiologischen Studien zu HPV und HPyV
- ▶ Isolierung und Sequenzierung neuer HPV-Typen sowie Abgabe der Plasmide auf Anfrage
- ▶ Beratung von Fachpersonal zu Fragen der Diagnostik, Prophylaxe und Therapie von HPV- und HPyV-assoziierten Erkrankungen
- ▶ Durchführung von Fortbildungsveranstaltungen zu HPV und HPyV für Ärztinnen und Ärzte sowie Mitarbeiter/Mitarbeiterinnen des öffentlichen Gesundheitsdienstes

Das Team des NRZ besteht aus zwei Fachärztinnen, zwei Fachvirologinnen und drei Molekularbiologen. Geeignete Ansprechpartner finden Sie [hier](#).

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Bopp L, Schulz M, Silling S, Scheuring S, Wollenweber T, Potthoff A, Kreuter A, Diltthey A, Wieland U. Long-term intraanal HPV16 infection in men having sex with men with HIV: Persistence or reinfection? *J Eur Acad Dermatol Venereol*. 2026 Feb 22. doi: 10.1111/jdv.70380. Epub ahead of print. PMID: 41725297. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jdv.70380>
- ▶ Kusters JMA, Brenner N, Bogaards JA, Silling S, El-Zein M, Gray P, Kann H, Franco EL, Lehtinen M, Dietz A, Laban S, Klussmann JP, Wieland U, Waterboer T. Evaluation of an HPV16-L1 antibody rapid test for oropharyngeal cancer diagnosis: diagnostic accuracy and challenges in real-world settings. *EBioMedicine*. 2026; 123:106057. doi: 10.1016/j.ebiom.2025.106057. PMID: 41387142. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2352396425005018?via=ihub>
- ▶ Maltseva M, Klases C, Wuerdemann N, Hannich M, Klussmann JP, Wieland U. Detection and natural history of HPV infection of oral cavity and tonsils - a systematic literature review. *BMC Cancer*. 2025; 25(1):1405. doi: 10.1186/s12885-025-14547-5. PMID: 40890626; <https://link.springer.com/article/10.1186/s12885-025-14547-5>
- ▶ Chromy D, Aigner F, Becker JC, Bickel M, Brunner A, Classen J, Hampl M, Helbig D, Hentrich M, Hetzer F, Hoffmann C, Jongen J, Joura E, Kirnbauer R, Kreuter A, Lang GF, Mokhles M, Oellig F, Oette M, Potthoff A, Rink AD, Salat A, Schmidt AJ, Siegel R, Stary G, Werner RN, Weyandt G, Wieland U, Esser S. German- Austrian guideline on screening for anal dysplasia and anal carcinoma in people living with HIV. *J Dtsch Dermatol Ges*. 2025; 23(8):1025-1040. doi: 10.1111/ddg.15719. PMID: 40320909; <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/ddg.15719>
- ▶ Wei F, Gaisa MM, D'Souza G, Xia N, Giuliano AR, Hawes SE, Gao L, Cheng SH, Donà MG, Goldstone SE, Schim van der Loeff MF, Neukam K, Meites E, Poynten IM, Dai J, Combes JD, Wieland U, Burgos J, Wilkin TJ, Hernandez AL, Iribarren Díaz M, Hidalgo-Tenorio C, Valencia Arredondo M, Nyitray AG, Wentzensen N, Chow EP, Smelov V, Nowak RG, Phanuphak N, Woo YL, Choi Y, Hu Y, Schofield AM, Woestenberg PJ, Chikandiwa AT, Hickey AC, de Pokomandy A, Murenzi G, Péré H, Del Pino M, Ortiz AP, Charnot-Katsikas A, Liu X, Chariyalertsak S, Strong C, Ong JJ, Yunihastuti E, Etienney I, Ferré VM, Zou H, Segondy M, Chinyowa S, Alberts CJ, Clifford GM. Epidemiology of anal human papillomavirus infection and high-grade squamous intraepithelial lesions in 29 900 men according to HIV status, sexuality, and age: a collaborative pooled analysis of 64 studies. *Lancet HIV*. 2021; 8(9):e531-e543. doi: 10.1016/S2352-3018(21)00108-9. PMID: 34339628; <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2352301821001089?via=ihub>

Konsiliarlabor für Herpes-Simplex-Virus (HSV) und Varicella-Zoster-Virus (VZV)

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Herpes-Simplex-Virus \(HSV\) und Varicella-Zoster-Virus \(VZV\)](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. Hartmut Hengel
- ▶ **Institut**
Institut für Virologie, Universitätsklinikum Freiburg
- ▶ **Adresse**
Hermann-Herder-Straße 11, 79104 Freiburg
- ▶ **E-Mail**
immh.Konsiliarlabor.virologie@uniklinik-freiburg.de
- ▶ **Telefon**
+49 761 270-83480/-83450

Die drei humanpathogenen Alpha-Herpesviren Herpes-Simplex-Virus-1 (HSV-1), Herpes-Simplex-Virus-2 (HSV-2) und Varicella-Zoster-Virus (VZV) weisen neben ihrer taxonomischen Verwandtschaft viele virologische und pathogenetische Gemeinsamkeiten auf. Dazu gehören ein ähnlicher Gewebe- und Zelltropismus, die periodische Reaktivierung aus dem Latenzzustand, sowie die besondere klinische Bedeutung von Infektionen in der Schwangerschaft, bei Neugeborenen und bei schwer immunsupprimierten Patientinnen und Patienten. Gleichzeitig unterscheiden sich die Viren sowohl klinisch als auch in Bezug auf ihre Public-Health-Relevanz, sodass das Konsiliarlabor mit unterschiedlichen Erreger-spezifischen Aufgaben und Herausforderungen konfrontiert ist.

Vor dem Hintergrund der von der STIKO empfohlenen Impfungen gegen Varizellen (seit 2004) und Zoster (seit 2019) und den dabei eingesetzten unterschiedlichen Lebend- versus Subunit-Impfstoffen stellt sich in der klinischen Praxis häufig die Frage nach der im Einzelfall indizierten Impfung. Diese

Frage wird zum Entscheidungsnotstand, wenn der VZV-Serostatus nicht eindeutig ermittelt werden konnte oder trotz einer dokumentierten Varizellenimpfung scheinbar negativ ausfällt. In solchen Situationen können im Konsiliarlabor empfindlichere Testverfahren zum Nachweis von VZV-Antikörpern angewandt werden, die dann eine rationale Impfentscheidung ermöglichen. Bei Anfragen, die uns im Rahmen von Varizellenausbrüchen oder bei Verdacht auf Durchbruchinfektion oder bei differentialdiagnostischen Erwägungen einer Reaktivierung des Impfvirus nach einer Varizellenimpfung gestellt werden, sind wir in der Lage, mittels molekulargenetischer Analysen zwischen VZV-Impfviren und VZV-Wildviren zu unterscheiden. Schließlich treten nicht selten Zoster-verdächtige dermatologische oder neurologische Manifestationen auf, die eine Laborbestätigung durch den VZV-DNA-Nachweis verlangen.

Die Aufgaben des Konsiliarlabors für HSV-1 und HSV-2 werden durch epidemiologische Veränderungen bei jüngeren Menschen und durch schwere Verläufe bei immunsupprimierten Patientinnen und Patienten bestimmt. Die rückläufige Häufigkeit von HSV-1-Infektionen im Kindes- und Jugendalter („Rechtsverschiebung“) führt schon seit Jahren zu einer deutlichen Zunahme von genitalen HSV-1-Infektionen, während genitale HSV-2-Infektionen seltener diagnostiziert werden. Bei HSV-1- und HSV-2-Primärinfektionen im Erwachsenenalter kommt es auch eher zu atypischen Verläufen mit schweren Komplikationen wie HSV-Hepatitis und Leberversagen. Dieses seltene Krankheitsbild wird häufig nicht rechtzeitig diagnostiziert und verläuft unbehandelt letal. Bei immunkompromittierten Patientinnen und Patienten mit vielen und langen virostatistischen Behandlungsintervallen wird oft ein zögerliches oder ein ausbleibendes Ansprechen der Therapie beobachtet. In solchen Fällen mit Verdacht auf eine Resistenzentwicklung muss zwischen phänotypischen und genotypischen Testverfahren abgewogen werden. In den meisten Fällen ist eine phäno-

typische Resistenzbestimmung nach erfolgreicher Virusanzucht erforderlich. Die absehbare Erweiterung des Spektrums HSV-wirksamer Virostatika, etwa um neu entwickelte Helikase-Primase-Hemmer, erfordert die weitere Entwicklung moderner

Next-Generation-Sequencing-basierter Verfahren, um die Resistenzerkennung und die Therapiesteuerung bei vulnerablen Patientinnen und Patienten zukünftig zu verbessern und zu beschleunigen.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Herpes simplex virus and drug resistance-comprehensive update on resistance mutations and implications for clinical management: a narrative review. Dähne T, Jaki L, Gosert R, Fuchs J, Krumbholz A, Nägele K, Pletz MW, Khanna N, Leuzinger K, Panning M. *Clin Microbiol Infect.* 2025 Sep;31(9):1484-1490. doi: 10.1016/j.cmi.2025.04.046. Epub 2025 May 9. PMID: 40349973
- ▶ Skin manifestations after immunisation with an adjuvanted recombinant zoster vaccine, Germany, 2020. Orru' S, Bierbaum S, Enk A, Hengel H, Hoffelner M, Huzly D, Keller-Stanislawski B, Mahler V, Mockenhaupt M, Oberle D. *Euro Surveill.* 2023 Dec;28(50):2300261. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2023.28.50.2300261. PMID: 38099347
- ▶ Tiza-Titre increase and enhanced immunity through an adjuvanted, recombinant herpes zoster subunit vaccine in patients with liver cirrhosis and post-liver transplantation: a study protocol for a prospective cohort study. Vollmer-Raschdorf S, Rashidi-Alavijeh J, Voigt S, Hengel H, Borchardt B, Huzly D, Hüßler EM, In der Schmitt J, Halenius A, Willuweit K, Botzenhardt S, Trilling M, Boettler T, Dehnen D. *BMJ Open.* 2023 Nov 2;13(11):e074461. doi: 10.1136/bmjopen-2023-074461. PMID: 37918931
- ▶ Meningitis without Rash after Reactivation of Varicella Vaccine Strain in a 12-Year-Old Immunocompetent Boy. Bierbaum S, Fischer V, Briedigkeit L, Werner C, Hengel H, Huzly D. *Vaccines (Basel).* 2023 Jan 30;11(2):309. doi: 10.3390/vaccines11020309. PMID: 36851187
- ▶ Varicella-zoster virus seroprevalence in children and adolescents in the pre-varicella vaccine era, Germany. Wiese-Posselt M, Siedler A, Mankertz A, Sauerbrei A, Hengel H, Wichmann O, Poethko-Müller C. *BMC Infect Dis.* 2017 May 19;17(1):356. doi: 10.1186/s12879-017-2461-2. PMID: 2852597

Konsiliarlabor für Rotaviren

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Rotaviren](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Andreas Mas Marques,
Dr. Sandra Niendorf (Vertretung)
- ▶ **Institut**
Robert Koch-Institut
Fachgebiet 15: Virale Gastroenteritis- und
Hepatitisviren und Enteroviren
- ▶ **Adresse**
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**
KL-Rotaviren@rki.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18754-2375

Rotaviren zählen zu den häufigsten Erregern akuter Gastroenteritiden im Säuglings- und Kleinkindalter. Auch bei Erwachsenen hohen Alters verursachen sie gehäuft Erkrankungen, insbesondere im Rahmen von Ausbrüchen in Pflegeeinrichtungen, wo sie oft eine Herausforderung für das Hygienemanagement sind. Zoonotische Übertragungen sind ebenfalls möglich, vor allem dort, wo enger Kontakt mit Nutztieren besteht. Die Viren sind hochkontagiös. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral durch Kontaktinfektionen und Tröpfchen, die beim Erbrechen freigesetzt werden. Infizierte scheiden rasch große Virusmengen aus. Die Partikel bleiben in der Umwelt lange stabil. Die Mehrzahl der Erkrankungen verläuft selbstlimitierend. Durchfall und Erbrechen können jedoch so ausgeprägt sein, dass eine orale Rehydrierung nicht ausreicht und eine ambulante oder stationäre Behandlung erforderlich wird. Weder natürliche Infektion noch Impfung führen zu vollständiger protektiver Immunität. Nachfolgende Infektionen verlaufen für gewöhnlich weniger schwer, mit wachsendem Abstand zur letzten Infektion nimmt allerdings die Immunität ab (*waning*).

Bei schwerer Immundefizienz können persistierende Infektionen auftreten.

Seit 2006 stehen in Deutschland Rotavirus-Impfstoffe zur Verfügung. Die Ständige Impfkommission (STIKO) empfiehlt seit 2013 die Impfung von Säuglingen ab einem Alter von sechs Wochen. Seitdem sind die Fallzahlen rückläufig; besonders stark ging die Zahl schwerer Verläufe zurück. Die Impfstoffe basieren auf ausgewählten Rotavirus-Genotypen. Die weltweit verbreiteten humanen Rotaviren verändern sich stetig u. a. durch Rekombinationen mit zoonotischen Rotaviren (*Reassortment*). Es ist möglich, dass die Impfeffektivität gegenüber Reassortanten reduziert ist. Die Genotypisierung zirkulierender Rotaviren ist daher wesentlich für die Surveillance, ebenso wie für die Aufklärung von Infektionsketten.

Das Konsiliarlabor für Rotaviren ist am Fachgebiet 15 des Robert Koch-Instituts (RKI) angesiedelt und seit rund zwanzig Jahren auf die molekularbiologische Charakterisierung von Rotaviren spezialisiert. Treten beispielsweise in einer Gemeinschaftseinrichtung Rotavirus-Fälle gehäuft auf, helfen die Analysen des Konsiliarlabors bei der Beantwortung der Frage, ob es sich um einen einzigen Ausbruch oder um mehrere unabhängige Infektionsereignisse handelt. Die genetische Analyse zeigt, ob mehrere Patientinnen/Patienten mit dem gleichen Virusstamm infiziert und damit Teil derselben Infektionskette sind. Zudem kann es gelegentlich nach einer Rotavirus-Impfung zu vergleichsweise milden symptomatischen Verläufen kommen, bei denen ein möglicher Zusammenhang mit der Impfung in Frage steht. Mit Hilfe molekularbiologischer Methoden kann im Konsiliarlabor zwischen Rotavirus-Impfstämmen und Wildstämmen unterschieden werden.

Weitere Arbeitsschwerpunkte sind die Mitarbeit an drittmittelgeförderten One-Health-Projekten und die Verwendung von modernen Enteroid-Zellkulturmethoden zur Erregercharakterisierung.

Die akkreditierten Verfahren (DIN EN ISO 15189, DIN EN/IEC 17025) ermöglichen es, die Diversität zirkulierender Rotaviren zu erfassen und Genomveränderungen (etwa durch Antigendrift oder *Reassortment*) nachzuweisen. Außerdem hält das Labor eine Stammsammlung charakterisierter Referenzmaterialien vor, die an Diagnostiklabore abgegeben werden können.

Die Genotypisierungsdaten werden mit internationalen Surveillance-Netzwerken geteilt, wo sie zur Überwachung von Änderungen zirkulierender Rotavirus-Genotypen und der Erkennung neuer Virus-

varianten beitragen. Ergebnisse werden regelmäßig in internationalen Fachzeitschriften publiziert.

Das Konsiliarlabor für Rotaviren kooperiert mit niedergelassenen Ärztinnen und Ärzten, Kliniken und Diagnostiklaboren. Die epidemiologische Einordnung erfolgt in enger Abstimmung mit Gesundheitsämtern, Landesbehörden und der Abteilung für Infektionsepidemiologie am RKI. Um epidemiologische und genomische Daten umfassender verknüpfen zu können, verwendet das Konsiliarlabor moderne Verfahren zur Ganzgenomsequenzierung.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Jacobsen S, Niendorf S, Lorenz R, Bock CT, Mas Marques A: Differentiation between Wild-Type Group A Rotaviruses and Vaccine Strains in Cases of Suspected Horizontal Transmission and Adverse Events Following Vaccination. *Viruses*. 2022 Jul 29;14(8):1670. doi: 10.3390/v14081670.
- ▶ Rosenfeld L, Mas Marques A, Niendorf S, Hofmann J, Gratopp A, Kühl JS, Schulte JH, von Bernuth H, Voigt S: Life-threatening systemic rotavirus infection after vaccination in severe combined immunodeficiency (SCID). *Pediatr Allergy Immunol*. 2017 Dec;28(8):841-843. doi: 10.1111/pai.12771. Epub 2017 Oct 9.
- ▶ Niendorf S, Ebner W, Mas Marques A, Bierbaum S, Babikir R, Huzly D, Maaßen S, Grundmann S, Panning M: Rotavirus outbreak among adults in a university hospital in Germany. *J Clin Virol*. 2020. Aug;129:104532. doi: 10.1016/j.jcv.2020.104532. Epub 2020 Jul 2.
- ▶ Vaselli NM, Iturriza-Gómara M, Hungerford D, EuroRotaNet network members: Contribution of the EuroRotaNet surveillance network to rotavirus strain surveillance in Europe. *Euro Surveill*. 2025 Sep;30(38):2400798. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.38.2400798.

Nationales Referenzzentrum für Poliomyelitis und Enteroviren (NRZ PE)

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
Nationales Referenzzentrum für Poliomyelitis und Enteroviren (NRZ PE)
- ▶ **Leitung**
Dr.med. Sabine Diedrich
Dr. rer. nat. Sindy Böttcher
- ▶ **Institut**
Robert Koch-Institut
- ▶ **Adresse**
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**
polio@rki.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18754-2378

Als Teil des WHO-Netzwerkes Nationaler Poliolabore ist das NRZ PE in das Programm der globalen Polioeradikationsinitiative (GPEI) integriert, welches neben der konsequenten Durchführung der Impfungen auch eine Überwachung der Polioviruszirkulation (Surveillance) sowie das Laborcontainment beinhaltet. Wie die Erfahrungen der letzten Jahre gezeigt haben, können sowohl Polio wildviren (WPV) als auch vom oralen Polioimpfstoff (OPV) stammende Viren (vakzineassoziierte Polioviren, VDPV) eingeschleppt werden, bei nicht ausreichender Populationsimmunität in der Bevölkerung zirkulieren und Polioausbrüche hervorrufen. Daher müssen Polioviren möglichst frühzeitig nachgewiesen werden, um geeignete Maßnahmen einleiten zu können (Impfkampagnen, intensivierte Surveillance). Vorrangig kommt dabei die syndromische Surveillance bei Patientinnen und Patienten mit akuten schlaffen Paresen (AFP) oder anderen poliokompatiblen Symptomen zum Einsatz. Zusätzlich wird in der Endphase der GPEI auch die ergänzende Untersuchung von Abwasserproben als Früherkennungssystem immer wichtiger.

Zur Dokumentation der Poliovirusfreiheit Deutschlands wird seit 2010 die Enterovirus surveillance (EVSurv, <https://evsurv.rki.de/>) durchgeführt. Dabei wird allen pädiatrischen und neurologischen Kliniken eine kostenlose Untersuchung von Stuhl- und Liquorproben auf Enteroviren bei Patientinnen und Patienten mit Verdacht auf Meningitis/Enzephalitis oder AFP angeboten. Die Untersuchungen mittels PCR/Sequenzierung, Anzucht und Typisierung werden in einem vom NRZ PE koordinierten bundesweiten Labornetzwerk (LaNED) durchgeführt. Ziel ist es, in allen Proben u. a. durch Sequenzanalysen Polioviren auszuschließen bzw. deren Klassifizierung (Impfvirus/VDPV/WPV) zu ermitteln. Hier ist das NRZ PE zudem auch als Regionales WHO-Referenzlabor international tätig.

Zusätzlich erfolgt der Poliovirusausschluss auch in Enterovirus-positiv vorgetesteten Proben unabhängig von der zugrundeliegenden Symptomatik.

Für ein besseres Verständnis der Epidemiologie enteroviraler Infektionen ist auch eine Überwachung zirkulierender Nicht-Polio-Enteroviren (NPEV) von großer Bedeutung. Da es sich dabei nicht um bundesweit meldepflichtige Erreger gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) handelt, ist das NRZ PE auf die Unterstützung der Gesundheitsämter sowie der einsendenden Ärzteschaft angewiesen. Durch molekulare Untersuchungen können Ausbrüche (z. B. Echovirus 30) und schwer verlaufende Infektionen (z. B. Enterovirus A71, Echovirus 11) besser charakterisiert werden.

Das NRZ PE verwendet zum Nachweis von Enteroviren sowohl virologische als auch molekulare Methoden. Die Virusanzucht auf verschiedenen Zelllinien (primär RD-A und CaCo-2, die die Replikation aller Enteroviren erlauben, aber auch die poliospezifische L20B-Zelle) ermöglicht eine weiterführende Untersuchung der Isolate. Das NRZ PE verfügt inzwischen über eine umfangreiche Stammsammlung aus Isolaten der letzten 60 Jahre. Auf molekularer Ebene wird die Identifizierung von Polioviren durch Sequenzierung von Poliovirusgenomen ermöglicht.

larer Ebene erfolgt der primäre Nachweis von Enteroviren durch PCR mit Primern aus der hochkonservierten nichtkodierenden Region (5'NCR). Positive Proben werden anschließend mittels Enterovirus-gruppenspezifischer PCR (für die Gruppen/Spezies A-D) getestet. Durch Sequenzierung erfolgt die Typ-/Genogruppenzuordnung. Dadurch können auch Aussagen zur Erregervariabilität getroffen werden.

Da in der letzten Phase der Polioeradikation die syndromische Surveillance an ihre Grenzen stößt, wurde zusätzlich die Untersuchung von Abwasser-

proben aufgebaut. In Kooperation mit dem Umweltbundesamt (UBA) wurden im Rahmen von zwei BMG-geförderten Projekten zellkulturbasierte und molekulare Methoden zum Nachweis von Polioviren aus Abwasserproben etabliert. Dabei werden neben der Virusanzucht mehrere Gesamtgenomsequenzierungsverfahren (z. B. Illumina, Nanopore, *baits*- und *capture*-Ansätze) sowie verschiedene PCR-Verfahren (z. B. qPCR, dPCR) eingesetzt. Bei der regelmäßigen Testung von Abwasserproben aus zehn Standorten wurden alle drei Poliovirustypen (Impfstämme, VDPV und WPV) nachgewiesen.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Detection of circulating vaccine-derived poliovirus type 2 (cVDPV2) in wastewater samples: a wake-up call, Finland, Germany, Poland, Spain, the United Kingdom, 2024. Böttcher S, Kreibich J, Wilton T, Saliba V, Blomqvist S, Al-Hello H, Savolainen-Kopra C, Wiecezorek M, Gad B, Krzysztoszek A, Pintó RM, Cabrerizo M, Bosch A, Saxentoff E, Diedrich S, Martin J. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39850005/>. Euro Surveill. 2025 Jan;30(3). doi: 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.3.2500037. PMID: 39850005
- ▶ varVAMP: degenerate primer design for tiled full genome sequencing and qPCR. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40449995/>. Fuchs J, Kleine J, Schemmerer M, Kreibich J, Maier W, Battur N, Krannich T, Sedaghatjoo S, Jaki L, Maks A, Boehm C, Wilhelm C, Schulze J, Mache C, Berger E, Panajotov J, Arnold L, Grüning B, Bauswein M, Böttcher S, John R, Wenzel J, Hölzer M, Panning M. Nat Commun. 2025 May 31;16(1):5067. doi: 10.1038/s41467-025-60175-9. PMID: 40449995
- ▶ Papulo-vesicular eruption and profound unilateral hearing loss in a 20-year-old man. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38581347/>. Klapproth H, Rauterberg J, Shabli S, Silling S, Böttcher S, von Stebut E, Fabri M. J Dtsch Dermatol Ges. 2024 Apr 6. doi: 10.1111/ddg.15363. PMID: 38581347
- ▶ Reversion of neurovirulent mutations, recombination and high intra-host diversity in vaccine-derived poliovirus excreted by patients with primary immune deficiency. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39311394/>. Ben Salem I, Khemiri H, Drechsel O, Arbi M, Böttcher S, Mekki N, Ben Fraj I, Souiai O, Yahyaoui M, Ben Farhat E, Meddeb Z, Touzi H, Ben Mustapha I, BenKahla A, Ouederni M, Barbouche MR, Diedrich S, Triki H, Haddad-Boubaker S. J Med Virol. 2024 Sep;96(9):e29918. doi: 10.1002/jmv.29918. PMID: 39311394
- ▶ Enterovirus surveillance (EVSUR) in Germany. Keeren K, Böttcher S, Diedrich S. Microorganisms. 2021 Sep 22;9(10):2005. doi: 10.3390/microorganisms9102005. PMID: 34683328. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34683328/>

Konsiliarlabor für Hepatitis-A-Virus (HAV) und Hepatitis-E-Virus (HEV)

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Hepatitis-A-Virus \(HAV\) und Hepatitis-E-Virus \(HEV\)](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. Jürgen Wenzel
Dr. Mathias Schemmerer
- ▶ **Institut**
Universitätsklinikum Regensburg,
Institut für Mikrobiologie und Hygiene
- ▶ **Adresse**
Franz-Josef-Strauß-Allee 11, 93053 Regensburg
- ▶ **E-Mail**
juergen.wenzel@ukr.de
mathias.schemmerer@ukr.de
- ▶ **Telefon**
+49 941 944-16411/-16431

Das Konsiliarlabor für Hepatitis-A-Viren und Hepatitis-E-Viren (KL HAV/HEV) ist seit mehr als 15 Jahren am Universitätsklinikum Regensburg im Institut für Mikrobiologie und Hygiene angesiedelt. Unter Leitung von Prof. Dr. med. Jürgen Wenzel und stellvertretender Leitung von Dr. sc. hum. Mathias Schemmerer bietet das KL Unterstützung bei der diagnostischen Abklärung von HAV- und HEV-Infektionen. Die Leistungen des KL werden aus ganz Deutschland in Anspruch genommen. Abbildung A zeigt die Anzahl und Verteilung der Einsendungen aus dem Bundesgebiet im Jahr 2025.

Das Methodenspektrum umfasst Verfahren zur spezifischen Antikörperdetektion und Nukleinsäure-Amplifikationstechniken (NAT, z. B. PCR). Darüber hinaus wird HEV-Spezialanalytik angeboten, wie beispielsweise die genotypische Resistenztestung oder Analysen bei neurologischen Komplikationen nach Hepatitis E.¹

Ein weiteres wichtiges Aufgabenfeld des KL ist die molekulare Surveillance von HAV und HEV in Deutschland. Seit Einführung des Infektionsschutzgesetzes steigen die Hepatitis-E-Meldezahlen kontinuierlich an und erreichten 2025 den bisherigen Höchststand von 5.304 Fällen in Deutschland. Auch die Hepatitis-A-Meldungen zeigen in jüngster Vergangenheit wieder einen ansteigenden Trend und erreichten im Jahr 2025 mit 1.147 Fällen den dritthöchsten Stand in den letzten 20 Jahren. Abbildung B zeigt, dass sich diese Entwicklung auch in den Einsendezahlen des KL widerspiegelt.

Vor dem Hintergrund steigender Meldezahlen gewinnt eine zeitnahe und umfassende Fallanalyse zunehmend an Bedeutung. In enger Zusammenarbeit mit den zuständigen Gesundheitsämtern und dem Robert Koch-Institut (RKI) analysiert das KL eingeschickte Proben mit molekulargenetischen Methoden (sog. „molekularer Fingerabdruck der Viren“). Auf diese Weise konnten bereits vielfach epidemiologische Zusammenhänge zwischen verschiedenen Infektionsfällen aufgedeckt werden. Die Analyseergebnisse des KL spielen dabei auch bei grenzüberschreitenden Ausbruchsgeschehen und für die Kommunikation zwischen den Gesundheits- und Lebensmittelbehörden über Landesgrenzen hinweg eine wichtige Rolle. Es wird zunehmend klar, dass neben der klassischen, reiseassoziierten Hepatitis A auch andere Übertragungswege wie z. B. kontaminierte Nahrungsmittel (Tiefkühlbeeren u. a.)² oder MSM-assoziierte HAV-Infektionen (MSM: Männer, die Sex mit Männern haben) an Bedeutung gewinnen.³

Für die Hepatitis E konnte durch die molekulare Surveillance am KL gezeigt werden, dass in Deutschland fast ausschließlich Infektionen vorkommen, die durch autochthone, lebensmittelassoziierte Virusstämme verursacht werden (ausgehend von infizierten Haus- und Wildschweinbeständen). In Zusammenarbeit mit dem RKI konnte das KL durch

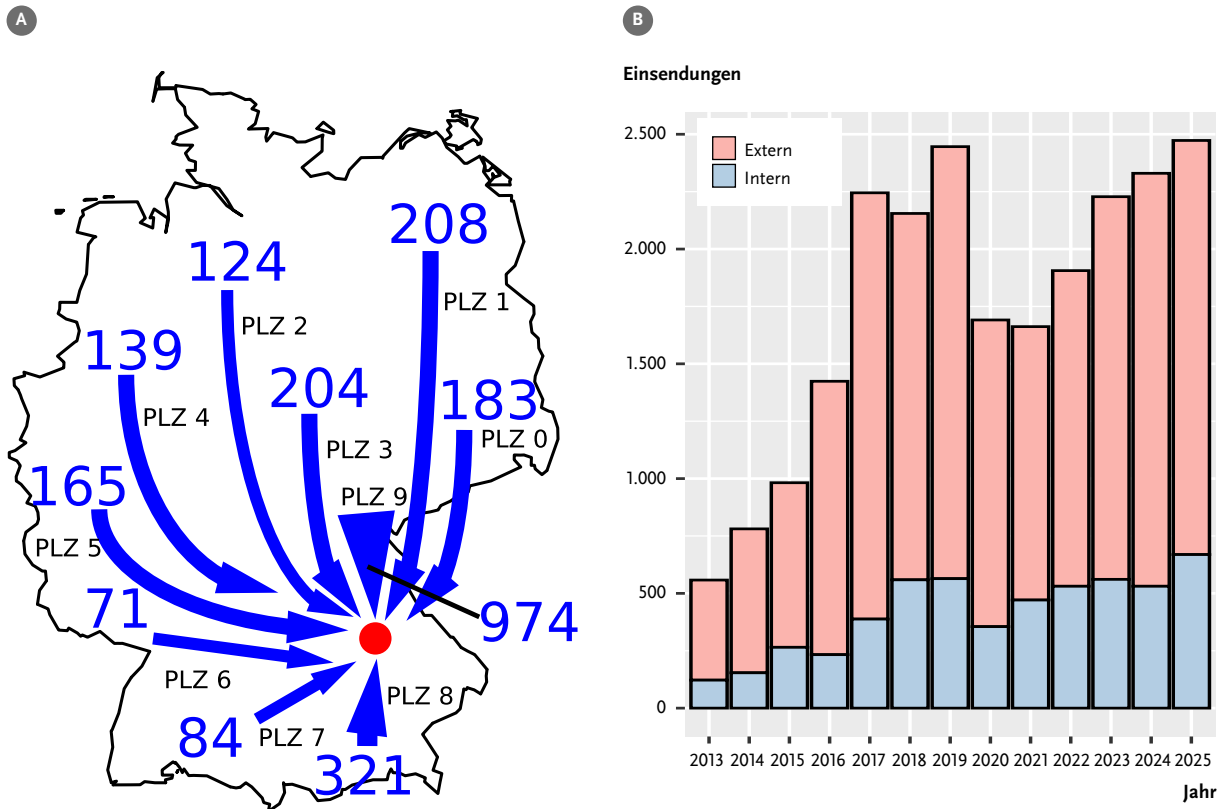


Abbildung | (A) Herkunft der untersuchten Proben, Konsiliarlabor für HAV und HEV, 2025. (B) Entwicklung der Einsendezahlen an das Konsiliarlabor für HAV und HEV, 2013–2025. Intern: Proben des Universitätsklinikums Regensburg, Extern: externe Einsendungen.

die Analyse von knapp 1.000 eingeschickten HEV-positiven Proben nachweisen, dass Infektionen mit bestimmten HEV-Subtypen mit einem schwerwiegenderen Krankheitsbild und einem höheren Sterberisiko assoziiert sind.⁴ In einem weiteren gemeinsamen Forschungsprojekt zeigte sich, dass die tatsächliche Zahl an HEV-Infektionen in Deutschland bei etwa 400.000 jährlich liegen dürfte – also mehr als 75-mal so hoch, als aufgrund der aktuellen Meldezahlen anzunehmen wäre.⁵

In Entwicklung befinden sich aktuell Methoden zur HAV- und HEV-Ganzgenomsequenzierung und zur phänotypischen Testung von Substanzen hinsichtlich ihrer antiviralen Wirkung gegen HAV und HEV.

Das KL bedankt sich an dieser Stelle für die gute und vertrauensvolle Zusammenarbeit mit allen Einrichtungen, die Proben eingesendet haben. Insbesondere bei den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern der lokalen Gesundheitsämter und Laboratorien.

Ausgewählte Publikationen

- 1 Hafkesbrink M, Schemmerer M, Wenzel JJ, Isenmann S. Acute hepatitis E virus infection presenting as meningo-encephalitis. *Infection*. 2025;53(1):475–9.
- 2 Ruscher C, Faber M, Werber D, Stark K, Bitzegeio J, Michaelis K, Sagebiel D, Wenzel JJ, Enkelmann J. Resurgence of an international hepatitis A outbreak linked to imported frozen strawberries, Germany, 2018 to 2020. *Eurosurveillance*. 2020;25(37).
- 3 Zimmermann R, Faber M, Dudareva S, Ingiliz P, Jessen H, Koch J, Marcus U, Michaelis K, Rieck T, Ruscher C, Schilling B, Schumacher J, Sissolak D, Thoullass J, Wenzel JJ, Werber D, Sagebiel D. Hepatitis A outbreak among MSM in Berlin due to low vaccination coverage: Epidemiology, management, and successful interventions. *Int J Infect Dis*. 2021;103146–53.
- 4 Schemmerer M, Wenzel JJ, Stark K, Faber M. Molecular epidemiology and genotype-specific disease severity of hepatitis E virus infections in Germany, 2010-2019. *Emerg Microbes Infect*. 2022;11(1):1754–63.
- 5 Faber M, Willrich N, Schemmerer M, Rauh C, Kuhnert R, Stark K, Wenzel JJ. Hepatitis E virus seroprevalence, seroincidence and seroreversion in the German adult population. *J Viral Hepat*. 2018;25(6):752–8.

Nationales Referenzzentrum für Hepatitis-B-Viren und Hepatitis-D-Viren

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Nationales Referenzzentrum für Hepatitis-B-Viren und Hepatitis-D-Viren](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. rer. nat. Dieter Glebe
(Wissenschaftlicher Leiter)

Dr. med. Christian G. Schüttler
(Ärztlicher Leiter)
- ▶ **Institut**
Institut für Medizinische Virologie,
Justus-Liebig-Universität Gießen
- ▶ **Adresse**
Schubertstraße 81, 35392 Gießen
- ▶ **E-Mail**
dieter.glebe@viro.med.uni-giessen.de
christian.schuetzler@viro.med.uni-giessen.de
- ▶ **Telefon**
+49 641 9941-230/-246/-201

Das Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Hepatitis-B-Viren (HBV) und Hepatitis-D-Viren (HDV) ist seit seiner Gründung und Berufung im Jahr 2011 am Institut für Medizinische Virologie der Justus-Liebig-Universität Gießen angesiedelt. Es setzt eine über drei Jahrzehnte gewachsene Expertise fort: Bereits seit 1995 war das Gießener Institut als Konsiliarlabor für HBV und HDV tätig, damals unter der Leitung von Prof. Dr. Dr. h.c. Wolfram H. Gerlich, der das NRZ bis heute beratend unterstützt. Die Public-Health-Relevanz der beiden Erreger ist weiterhin sehr hoch: Weltweit leben schätzungsweise 254 Millionen Menschen mit einer chronischen HBV-Infektion, die zu den häufigsten Ursachen von Leberzirrhose und hepatozellulärem Karzinom zählt. Deutschland gilt mit etwa 0,3–0,7 % HBsAg-positiven Personen als Niedrigprävalenzland. HDV tritt ausschließlich bei HBV-Infizierten auf, beschleunigt den Krankheitsverlauf erheblich und betrifft weltweit etwa 5 % der HBsAg-positiven Per-

sonen. In Deutschland wurden 2024 insgesamt 119 HDV-Infektionen gemeldet, wobei die Zahl chronisch Infizierter vermutlich höher liegt.

Das NRZ bietet qualifizierte Beratung für den Öffentlichen Gesundheitsdienst, diagnostische Laborkliniken, niedergelassene Ärztinnen und Ärzte sowie Forschungseinrichtungen zu Prävention, Diagnostik, Therapie und Surveillance von HBV/HDV. Unklare serologische Konstellationen (z. B. isoliert positive HBsAg- oder Anti-HBc-Befunde) werden mit einem breiten Spektrum molekularbiologischer, biochemischer und genetischer Verfahren abgeklärt.

Eine umfangreiche NRZ-Stammsammlung charakterisierter HBV/HDV-Isolate aller bekannten Genotypen unterstützt vergleichende Analysen zu Resistenzmutationen und Immunescape-Varianten. In den vergangenen Jahren wurden zahlreiche klinische HBV-Isolate molekulargenetisch charakterisiert. Dabei dominierte der Genotyp D, gefolgt von Genotyp A. In etwa 20 % der HBV-Genome fanden sich HBsAg-Immunescape-Mutationen. Neben bekannten Varianten wurden wiederholt neuartige Mutanten identifiziert, die mit diagnostischem *Escape* in mehreren kommerziellen HBsAg-Testsystemen sowie verminderter Erkennung durch Anti-HBs-Antikörper assoziiert waren. Diese Befunde unterstreichen die Bedeutung einer kontinuierlichen molekularen Surveillance zur Sicherung diagnostischer Qualität und der Impfprävention. Das NRZ initiiert und begleitet europaweite Ringversuche zur HBV-Genotypisierung und Resistenzdiagnostik als Sollwert- und Expertenlabor und ist an der Charakterisierung und Validierung von Internationalen WHO-Standards für HBsAg beteiligt. Für HDV wurden Prototypen aller Hauptgenotypen (1–8) kloniert, in Zellkultur als Virionen generiert und auf ihre Eigenschaft als Referenzmaterialien für die quantitative HDV-RNA-Genombestimmung funktionell geprüft.

Das NRZ wirkt an nationalen und internationalen Leitlinien mit, u. a. an der Arbeitsgemeinschaft der Wissenschaftlichen Medizinischen Fachgesellschaften-(AWMF-)S3-Leitlinie Hepatitis B und dem *Addendum* zur antiviralen Therapie der chronischen Hepatitis D, und war an der strukturellen Aufklärung des Wirkmechanismus des neuartigen antiviralen Wirkstoffs Bulevirtid bei chronischer Hepatitis D beteiligt. Weitere Forschung und Kooperationen umfassen u. a. Langzeitdaten zu chronischen HBV-Infektionen, die unter zytostatischer Therapie in der Kindheit erworben wurden: In einer Nachbeobachtung ehemals pädiatrisch-onkologischer Patientinnen und Patienten zeigte sich auch nach

mehr als 30 Jahren ein Verlauf, der in wesentlichen Punkten frühkindlich erworbenen Infektionen ähnelt. In den untersuchten Sequenzen fanden sich dabei keine Hinweise auf Resistenz- oder *Immune-Escape*-Mutationen. Die Beteiligung des NRZ an der Analyse von HBV-Genomen, die mit Sequenzen von DNA-Fragmenten aus archäologischen Skelettfunden (Bronzezeit bis Mittelalter) rekonstruiert wurden, zeigt zudem, dass HBV bereits seit vielen Jahrtausenden in Eurasien zirkuliert und seine heutige genetische Vielfalt wesentlich durch Rekombination sowie das Aussterben einzelner Viruslinien geprägt wurde.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Furquim d'Almeida A, Ho E, Schüttler C, Beutels P, Hens N, Dudareva S, Van Damme P, Theeten H, Vanwolleghem T. Combined HBsAg and anti-HBc testing is required to estimate hepatitis B virus seroprevalence in a low-endemic country: findings from a nationwide population-based serosurvey, Belgium, 2020. *Euro Surveill.* 2026 Feb;31(6):2500533.
- ▶ Baumgarten T, Lehmann F, Senff T, Slanina H, Schüttler CG, Walker A, Gerlich WH, Repp R, Timm J, Glebe D, Metzler M. Chronic Hepatitis B Virus Infection Acquired Under Cytostatic Treatment in Childhood - Clinical, Virological and Immunological Long-Term Follow-Up. *J Viral Hepat.* 2026 Jan;33(1):e70111.
- ▶ Liu H, Zakrzewicz D, Nosol K, Irobalieva RN, Mukherjee S, Bang-Sørensen R, Goldmann N, Kunz S, Rossi L, Kossiakoff AA, Urban S, Glebe D, Geyer J, Locher KP. Structure of antiviral drug bulevirtide bound to hepatitis B and D virus receptor protein NTCP. *Nat Commun.* 2024 Mar 20;15(1):2476.
- ▶ Lehmann F, Slanina H, Roderfeld M, Roeb E, Trebicka J, Ziebuhr J, Gerlich WH, Schüttler CG, Schlevogt B, Glebe D. A Novel Insertion in the Hepatitis B Virus Surface Protein Leading to Hyperglycosylation Causes Diagnostic and Immune Escape. *Viruses.* 2023 Mar 25;15(4):838.
- ▶ Mühlemann B, Jones TC, Damgaard PB, Allentoft ME, Shevnina I, Logvin A, Usmanova E, Panyushkina IP, Boldgiv B, Bazartseren T, Tashbaeva K, Merz V, Lau N, Smrčka V, Voyakin D, Kitov E, Epimakhov A, Pokutta D, Vicze M, Price TD, Moiseyev V, Hansen AJ, Orlando L, Rasmussen S, Sikora M, Vinner L, Osterhaus ADME, Smith DJ, Glebe D, Fouchier RAM, Drosten C, Sjögren KG, Kristiansen K, Willerslev E. Ancient hepatitis B viruses from the Bronze Age to the Medieval period. *Nature* 2018 May;557(7705):418-423.

Nationales Referenzzentrum für Influenzaviren

KONTAKTDATEN

- ▶ [Webseite](#)
Nationales Referenzzentrum für
Influenzaviren
- ▶ [Leitung](#)
Dr. Ralf Dürrwald
- ▶ [Institut](#)
Robert Koch-Institut
- ▶ [Adresse](#)
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ [E-Mail](#)
NRZ-Influenza@rki.de
- ▶ [Telefon](#)
+49 30 18754-2456

Weltweit verursachen Influenzavirus-(Sub-)Typen A(H1N1)pdm09, A(H3N2) und B Infektionswellen beim Menschen mit jährlich bis zu 650.000 Todesfällen. In Deutschland beginnt die Zirkulation der Influenzaviren meist im Spätherbst und dauert durchschnittlich drei bis vier Monate. Während der jährlichen Influenzasaison infizieren sich schätzungsweise 5 % bis 20 % der Bevölkerung. Schwere Grippe-Wellen wie in der Saison 2017/2018 forderten konservativen Schätzungen zufolge 45.000 influenza-bedingte Krankenhauseinweisungen und 25.100 Todesfälle; milde Saisons wie im Winter 2013/2014 führten zu etwa 3.000 Krankenhauseinweisungen und keinen Influenza-Todesfällen.

Anteil an eingesandten Proben in %

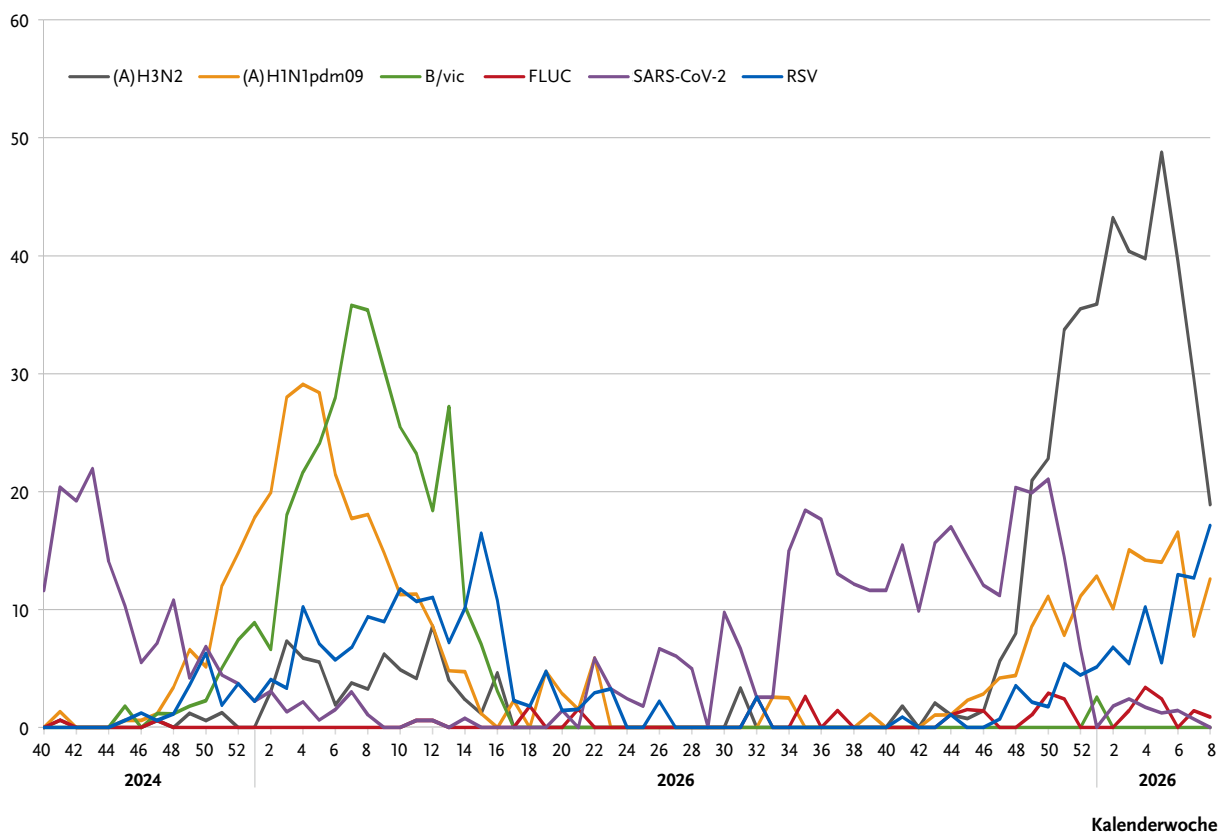


Abbildung | Zirkulation von Influenzaviren, RSV und SARS-CoV-2 im ambulanten Sentinel von KW40 2024 bis KW8 2026

Das NRZ für Influenzaviren am Robert Koch-Institut (RKI) ist als Public-Health-Labor an der nationalen und internationalen Influenzavirus-Überwachung sowie weiterer Atemwegsviren beteiligt. Es führt eine ganzjährige Surveillance der zirkulierenden Viren durch, deren Schwerpunkt auf den Influenzaviren liegt. In Kooperation mit dem Fachgebiet 36 des RKI betreibt es im Rahmen der Arbeitsgemeinschaft Influenza ein Sentinelsystem: >100 Arztpraxen (ambulant) und 11 Krankenhäuser (stationär) senden regelmäßig Proben (vorwiegend Nasenabstriche) ein. Die Proben werden auf ein Panel respiratorischer Viren untersucht (Influenzaviren Typ A-C, Respiratorisches Synzytialvirus (RSV), Parainfluenzaviren 1-4, Humanes Metapneumovirus, Humane Rhinoviren/Enteroviren, Adenoviren, endemische Coronaviren, SARS-CoV-2). Die Ergebnisse dieser Untersuchungen dienen der Analyse der epidemiologischen Situation der in der Bevölkerung zirkulierenden Atemwegserreger und sind öffentlich verfügbar. Nachgewiesene Influenzaviren werden (sub-)typisiert, genetisch und antigenetisch charakterisiert und im Hinblick auf ihre Empfindlichkeit gegen antivirale Substanzen geprüft. Die Daten zur Influenzavirus-Typisierung werden regelmäßig online aktualisiert. Ergänzend erfolgen genetische Analysen von SARS-CoV-2 und RSV sowie Untersuchungen zu wissenschaftlichen Fragestellungen für alle erwähnten respiratorischen Viren.

Als fachliche Referenzstelle berät das NRZ für Influenzaviren zu diagnostischen Fragestellungen und unterstützt den öffentlichen Gesundheitsdienst sowie Ärztinnen/Ärzte bei Fragen zu Influenza und anderen respiratorischen Viren. In begründeten Ausnahmefällen nimmt das NRZ für Influenzaviren nach Rücksprache Proben zur Untersuchung an, um ungewöhnliche oder neue Influenzaviren früh zu erkennen. Im Rahmen dieser Arbeiten unterstützt das NRZ für Influenzaviren bei der Untersuchung von Fällen schwerer Verlaufsformen der Influenza und charakterisiert die isolierten Viren eingehend. Ebenso werden zoonotische Übertragungen von Influenzaviren, zum Beispiel von Schweinen auf Menschen, untersucht. Das NRZ für Influenzaviren unterstützt Gesundheitsämter und Labore bei Ausbruchsuntersuchungen humaner oder aviärer Influenza durch Untersuchung von Proben beteiligter Personen sowie bei der Abklä-

rung ungewöhnlicher bzw. zunächst nicht eindeutig typisierbarer Influenzaviren.

Als „National Influenza Center“ ist das NRZ für Influenzaviren ein wesentlicher Bestandteil des Globalen Influenza-Überwachungs- und Reaktionsystems (GISRS) der Weltgesundheitsorganisation (WHO). Die erhobenen Daten werden an das European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC) sowie an die WHO übermittelt und fließen dort in die jährlichen Empfehlungen zur Zusammensetzung von Grippeimpfstoffen sowie in relevante Risikobewertungen und Maßnahmen zur Risikominderung ein. In diesem Zusammenhang werden dem WHO Collaborating Centre in London kontinuierlich repräsentative Influenzavirusstämme aus Deutschland für die europaweite Überwachung zirkulierender Influenzaviren zur Verfügung gestellt.

Das NRZ für Influenzaviren ist nach den Normen DIN EN ISO 15189 und DIN EN ISO/IEC 17025 akkreditiert. Die durch die Deutsche Akkreditierungsstelle GmbH (DAkkS) akkreditierten Prüf-/Untersuchungsverfahren umfassen die Virusidentifizierung/-typisierung, Virusanzucht, sowie die Empfindlichkeitstestung von Viren.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ 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](https://doi.org/10.25646/13365)
- ▶ Reiche J, Bauer T, Krieger D, Günther A, Tolksdorf K, Buda S, Dürrwald R. Die virologische SARI-Surveillance – ein wichtiger Meilenstein im Gesamtkonzept der Surveillancesysteme zur Erfassung von akuten Atemwegsinfektionen. *Epid Bull* 2024;38:3-7 | DOI [10.25646/12781](https://doi.org/10.25646/12781)
- ▶ Duwe, S., D. Y. Oh, M. Wedde, D. Börnigen, R. Ignatius, M. V. Kleist, J. Reiche, B. Biere, T. Wolff, and R. Dürrwald. 2025. 'Atypical Influenza A(H3N2) Activity Patterns in Germany, 2021–2023, and Characterization of Newly Emerged Virus Clades', *J Med Virol*, 97: e70530.
- ▶ Biere B, Oh DY, Wolff T, Dürrwald R (2021): Surveillance of endemic human Coronaviruses in Germany, 2019/2020. *Lancet Reg. Health Eur.* 11: 100262. Epub Nov 4. doi: [10.1016/j.lanepe.2021.100262](https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2021.100262)
- ▶ Oh DY, Buda S, Biere B, Reiche J, Schlosser F, Duwe S, Wedde M, von Kleist M, Mielke M, Wolff T, Dürrwald R (2021): 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.* 6: 100112. Epub Jun 7. doi: [10.1016/j.lanepe.2021.100112](https://doi.org/10.1016/j.lanepe.2021.100112).

Nationales Referenzzentrum für Coronaviren

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Nationales Referenzzentrum für Coronaviren](#)
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. Christian Drosten
Victor M. Corman (Vertretung)
- ▶ **Institut**
Institut für Virologie
- ▶ **Adresse**
Charitéplatz 1, 10117 Berlin
- ▶ **E-Mail**
christian.drosten@charite.de
victor.corman@charite.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 450 525-095

Im Jahr 2023 erfolgte nach bereits zehnjährigem Bestehen eines Konsiliarlabors (KL) für Coronaviren die Ernennung zum Nationalen Referenzzentrum (NRZ). Das KL bestand unter der aktuellen Leitung zunächst an der Universität Bonn und wechselte im Jahr 2017 an das Institut für Virologie der Charité – Universitätsmedizin Berlin.

Die Arbeiten des NRZ für Coronaviren sind am Institut für Virologie angesiedelt, jedoch eng mit der Virusdiagnostik bei Labor Berlin (Labor Berlin – Charité Vivantes GmbH) verknüpft. Labor Berlin versorgt die gesamte Charité, das Vivantes-Netzwerk der städtischen Krankenhäuser in Berlin sowie eine wachsende Zahl von Kooperationskrankenhäusern in ganz Deutschland. Durch dieses große Einzugsgebiet ist der Zugang zu einer umfangreichen Datenressource für die wissenschaftliche Auswertung von Routinedaten, beispielsweise zu SARS-CoV-2, gewährleistet.

Das Institut für Virologie der Charité ist mit Laboren bis zur Biosicherheitsstufe 3 (BSL) ausgestattet, was unter anderem auch Arbeiten mit entsprechend eingestuftem Coronaviren wie MERS-CoV ermöglicht.

Neben kommerziellen molekularbiologischen PCR-Systemen ist eine Vielzahl von *In-house-Real-Time-RT-PCR*-Verfahren am Institut etabliert. Für die immunologische Untersuchung werden neben Routineverfahren auch komplexere Methoden wie der Plaque-Reduktions-Neutralisationstest (PRNT) sowie der Surrogat-Neutralisationsassay eingesetzt. Weiterhin finden Pseudovirus-Neutralisationstests (NT) und Interferon-Gamma-Release-Assays (IGRA) zur Bestimmung der T-Zell-Immunität Anwendung.

Die am Institut etablierte Sequenzierungspipeline ermöglicht die Durchführung und Auswertung von Hochdurchsatzsequenzierungen (HTS). Auch spezifische Sequenzanreicherungen durch die Verwendung von *Capture Baits* sowie Einzelzellsequenzierungen kommen zum Einsatz. Bildgebende Verfahren wie *Live-Cell-Imaging* mittels Epifluoreszenzmikroskopie, konfokaler Laser-Scanning-Mikroskopie sowie kombinierte Verfahren aus automatisierter Mikroskopie und traditioneller *Microplate*-Detektion stehen sowohl in BSL-2- als auch in BSL-3-Laboren zur Verfügung.

Die Aktivitäten des NRZ sind in verschiedene Themenfelder gegliedert. Hierzu zählen unter anderem die Qualitätssicherung bestehender diagnostischer Systeme, Surveillance-Aktivitäten insbesondere im Bereich der Sequenzierung von SARS-CoV-2 sowie die Neu- und Weiterentwicklung diagnostischer Methoden. Darüber hinaus erfüllt das NRZ für Coronaviren vielfältige Aufgaben im Bereich des öffentlichen Gesundheitsschutzes, insbesondere im Hinblick auf Diagnostik sowie die allgemeine Beratung verschiedener Einrichtungen und Institutionen, darunter Krankenhäuser, Gesundheitsämter, Fachkollegien, Bundesämter und Ministerien.

Die am NRZ für Coronaviren vorhandene Expertise beruht auf einer jahrzehntelangen Erforschung von Coronaviren und umfasst Meilensteine wie die Entdeckung von SARS-CoV im Jahr 2003. Insbesondere im Verlauf und bereits in der frühen Phase der COVID-19-Pandemie wurden am Institut für Viro-

logie der Charité wesentliche Arbeiten geleistet. So ging die Entwicklung der ersten verfügbaren *In-house-Real-Time-RT-PCR* für SARS-CoV-2 auf Arbeiten am Institut zurück und bildete die Grundlage für die ersten breit verfügbaren *Real-Time-RT-PCR*-Assays.

Der Fokus der aktuellen Arbeiten des NRZ für Coronaviren liegt weiterhin auf SARS-CoV-2, das nach wie vor ein weit verbreiteter Erreger von Pneumonien ist, sowie auf MERS-CoV, bei dem weiter-

hin zoonotische Übergänge aus Dromedaren auf den Menschen nachgewiesen werden. Darüber hinaus stehen die seit längerem als endemische Erreger etablierten saisonalen Coronaviren 229E, HKU1, OC43 und NL63 im Fokus, die für bis zu 10–20 % der akuten Atemwegsinfektionen verantwortlich sind und damit neben ihrer medizinischen Bedeutung, insbesondere für Personen mit Immunstörungen, auch einen erheblichen ökonomischen Einfluss auf die Gesellschaft haben.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Jones TC, Biele G, Mühlemann B, Veith T, Schneider J, Beheim-Schwarzbach J, Bleicker T, Tesch J, Schmidt ML, Sander LE, Kurth F, Menzel P, Schwarzer R, Zuchowski M, Hofmann J, Krumbholz A, Stein A, Edelmann A, Corman VM, Drosten C. Estimating infectiousness throughout SARS-CoV-2 infection course. *Science*. 2021 Jul 9;373(6551):eabi5273. doi: 10.1126/science.abi5273. Epub 2021 May 25. PMID: 34035154
- ▶ Wölfel R, Corman VM, Guggemos W, Seilmaier M, Zange S, Müller MA, Niemeyer D, Jones TC, Vollmar P, Rothe C, Hoelscher M, Bleicker T, Brünink S, Schneider J, Ehmman R, Zwirgmaier K, Drosten C, Wendtner C. Virological assessment of hospitalized patients with COVID-2019. *Nature*. 2020 May;581(7809):465-469. doi: 10.1038/s41586-020-2196-x. Epub 2020 Apr 1. PMID: 32235945
- ▶ Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DK, Bleicker T, Brünink S, Schneider J, Schmidt ML, Mulders DG, Haagmans BL, van der Veer B, van den Brink S, Wijsman L, Goderski G, Romette JL, Ellis J, Zambon M, Peiris M, Goossens H, Reusken C, Koopmans MP, Drosten C. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *Euro Surveill*. 2020 Jan;25(3):2000045. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.3.2000045. PMID: 31992387; PMCID: PMC6988269.
- ▶ Drosten C, Meyer B, Müller MA, Corman VM, Al-Masri M, Hossain R, Madani H, Sieberg A, Bosch BJ, Lattwein E, Alhakeem RF, Assiri AM, Hajomar W, Albarrak AM, Al-Tawfiq JA, Zumla AI, Memish ZA. Transmission of MERS-coronavirus in household contacts. *N Engl J Med*. 2014 Aug 28;371(9):828-35. doi: 10.1056/NEJMoa1405858. PMID: 25162889
- ▶ Drosten C, Günther S, Preiser W, van der Werf S, Brodt HR, Becker S, Rabenau H, Panning M, Kolesnikova L, Fouchier RA, Berger A, Burguière AM, Cinatl J, Eickmann M, Escriou N, Grywna K, Kramme S, Manuguerra JC, Müller S, Rickerts V, Stürmer M, Vieth S, Klenk HD, Osterhaus AD, Schmitz H, Doerr HW. Identification of a novel coronavirus in patients with severe acute respiratory syndrome. *N Engl J Med*. 2003 May 15;348(20):1967-76. doi: 10.1056/NEJMoa030747. Epub 2003 Apr 10. PMID: 12690091.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

23. Woche 2026 (Datenstand: 10. Juni 2026) – abrufbar auch als interaktives [Dashboard](#)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	52	1.438	1.346	8	309	343	10	193	143	24	3.013	4.431	33	906	1.403
Bayern	74	2.369	2.069	14	522	552	3	223	181	58	5.231	6.631	77	1.745	2.845
Berlin	44	923	752	2	129	153	9	104	98	11	3.197	2.142	17	1.143	1.261
Brandenburg	47	702	564	5	113	118	2	62	63	36	3.176	2.499	80	1.564	1.994
Bremen	11	173	148	4	16	14	3	22	25	2	445	344	7	269	112
Hamburg	14	443	447	2	49	80	1	63	55	5	1.612	1.207	14	459	621
Hessen	43	1.188	1.058	6	227	302	7	202	211	24	2.787	3.610	27	1.157	1.451
Mecklenburg-Vorpommern	39	577	421	4	83	76	3	76	79	21	1.785	1.565	22	757	1.028
Niedersachsen	60	1.588	1.428	9	274	264	9	332	256	65	3.776	4.685	50	1.428	3.304
Nordrhein-Westfalen	190	4.783	4.051	21	602	642	13	433	423	93	7.601	12.260	98	2.537	4.651
Rheinland-Pfalz	43	975	945	5	169	207	2	129	95	23	1.914	3.181	24	610	1.472
Saarland	7	266	268	0	32	51	1	54	40	4	465	799	3	73	681
Sachsen	104	1.402	1.089	12	200	248	7	132	111	101	4.020	4.939	77	2.458	1.955
Sachsen-Anhalt	62	633	521	6	142	158	5	67	64	36	2.270	2.648	39	700	1.822
Schleswig-Holstein	36	677	529	5	84	88	3	118	90	34	2.192	1.520	19	627	608
Thüringen	40	726	503	8	294	262	4	93	77	44	2.189	2.517	73	907	1.513
Deutschland	866	18.863	16.139	111	3.245	3.558	82	2.303	2.011	581	45.673	54.978	660	17.340	26.721

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	1	43	54	22	849	1.010	7	413	526	4	183	254	6	21.272	33.158
Bayern	3	44	86	25	1.125	1.656	16	551	713	2	240	265	8	31.211	71.670
Berlin	1	14	23	21	398	683	11	219	224	0	119	130	1	7.893	15.348
Brandenburg	0	11	16	2	91	138	1	52	75	2	52	32	4	11.209	18.101
Bremen	0	4	5	4	86	155	0	29	50	2	32	29	1	996	1.187
Hamburg	0	7	13	8	254	631	3	104	126	3	72	107	5	4.555	9.787
Hessen	0	29	38	15	402	653	6	237	265	3	179	199	8	10.844	20.737
Mecklenburg-Vorpommern	0	13	8	4	63	72	1	29	40	1	28	27	3	11.723	13.262
Niedersachsen	3	44	62	29	645	856	10	280	337	8	142	124	4	14.779	28.421
Nordrhein-Westfalen	3	86	90	53	1.419	2.087	13	671	922	12	351	417	9	34.076	63.850
Rheinland-Pfalz	0	9	24	9	352	521	4	158	159	2	81	105	1	9.149	16.779
Saarland	0	6	8	2	76	117	0	54	71	0	17	21	1	1.885	3.202
Sachsen	1	12	20	4	153	189	3	116	104	1	46	77	3	21.740	43.039
Sachsen-Anhalt	1	8	7	8	108	185	2	57	66	1	39	42	2	11.293	25.965
Schleswig-Holstein	0	12	13	8	141	262	4	100	146	1	40	45	3	6.691	10.605
Thüringen	0	11	13	3	66	95	3	38	65	4	39	34	2	10.792	17.750
Deutschland	13	353	480	217	6.228	9.310	84	3.108	3.889	46	1.660	1.908	61	210.108	392.861

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	0	8	17	2	12	8	0	0	0	21	638	434	42	1.559	1.853
Bayern	0	4	32	0	7	38	0	0	0	51	1.875	718	43	2.571	3.412
Berlin	0	2	10	0	4	8	0	0	0	1	95	118	18	492	631
Brandenburg	0	1	3	0	1	5	0	0	0	6	129	194	8	264	397
Bremen	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0	3	17	7	61	49
Hamburg	0	1	3	0	2	4	0	0	0	11	94	82	8	245	356
Hessen	0	12	19	0	10	11	0	0	1	6	188	252	26	474	460
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	1	0	0	0	0	0	0	11	104	90	6	74	111
Niedersachsen	0	13	15	1	10	17	0	0	0	5	138	250	45	758	662
Nordrhein-Westfalen	0	13	38	0	27	43	0	0	1	24	533	574	97	2.150	1.955
Rheinland-Pfalz	0	2	8	1	6	6	0	0	0	23	345	203	15	336	440
Saarland	0	0	1	0	2	1	0	0	0	1	38	97	3	96	69
Sachsen	0	0	8	1	4	10	0	0	0	39	427	322	34	865	1.141
Sachsen-Anhalt	0	0	1	0	2	1	0	0	0	9	303	401	3	80	88
Schleswig-Holstein	0	1	0	0	5	4	0	0	0	3	48	81	14	379	284
Thüringen	0	0	1	0	1	2	0	0	0	8	319	333	18	318	205
Deutschland	0	57	158	5	93	160	0	0	2	219	5.277	4.166	387	10.722	12.113

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
	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.	23.	1.–23.	1.–23.
Baden-Württemberg	3	48	42	24	544	542	3	43	43	3	51	55	10	2.851	3.011
Bayern	0	40	40	14	422	537	1	102	126	2	46	59	9	4.851	5.069
Berlin	2	32	35	10	225	348	0	12	20	0	37	30	1	1.356	1.881
Brandenburg	1	7	3	7	108	88	4	43	46	0	8	15	1	1.705	1.345
Bremen	0	0	1	3	21	16	1	7	8	0	0	0	0	126	162
Hamburg	1	11	13	7	166	216	0	16	16	0	23	27	3	481	908
Hessen	0	25	24	26	495	543	2	53	49	3	42	47	1	1.761	2.352
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	5	0	51	55	0	20	24	0	9	13	0	1.106	1.101
Niedersachsen	0	22	17	11	339	336	6	59	81	2	55	53	9	1.961	2.170
Nordrhein-Westfalen	2	87	71	24	850	1.152	7	209	295	7	149	143	12	4.762	6.654
Rheinland-Pfalz	0	13	9	7	132	221	1	34	49	0	16	18	3	1.503	1.601
Saarland	0	5	6	1	19	32	0	5	9	0	14	4	0	490	500
Sachsen	2	12	4	6	128	148	6	127	158	2	30	27	9	2.603	2.696
Sachsen-Anhalt	0	14	2	1	93	86	2	55	36	1	19	24	4	1.262	1.361
Schleswig-Holstein	0	15	9	2	96	122	1	30	27	0	11	11	0	1.208	1.244
Thüringen	0	3	6	1	66	74	2	24	23	1	17	19	1	1.219	882
Deutschland	11	334	287	144	3.755	4.516	36	839	1.010	21	527	545	63	29.245	32.937

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
	23.	1.–23.	1.–23.
Adenovirus-Konjunktivitis	2	130	159
Bornavirus-Erkrankung	0	6	2
Botulismus	0	0	3
Brucellose	0	17	25
Candidozyma auris, invasive Infektion	0	7	5
Chikungunyavirus-Erkrankung	1	168	62
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	55	75
Denguefieber	3	322	496
Diphtherie	0	15	23
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	12	82	115
Giardiasis	25	1.038	1.284
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	14	708	906
Hantavirus-Erkrankung	7	84	119
Hepatitis D	0	6	33
Hepatitis E	84	2.423	2.502
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	26	23
Kryptosporidiose	18	609	729
Legionellose	34	666	769
Lepra	0	1	0
Leptospirose	0	6	81
Listeriose	10	254	246
Malaria	32	338	331
Meningokokken, invasive Infektion	0	128	194
Mpox	7	242	286
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	0	7	20
Ornithose	0	2	15
Paratyphus	0	10	11
Pneumokokken, invasive Infektion	130	5.666	6.746
Q-Fieber	1	43	38
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	111	66.508	64.793
Shigellose	27	1.305	1.008
Trichinellose	0	0	2
Tularämie	1	39	50
Typhus abdominalis	0	24	38
West-Nil-Fieber*	0	2	1
Yersiniose	72	1.940	1.717
Zikavirus-Erkrankung	0	3	5

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 Meldeweche 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

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.