

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

34
2026

20. August 2026

Epidemiologisches Bulletin

**30-jähriges Jubiläum: NRZ und KL stellen
sich vor (Teil 4)**

Inhalt

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

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 vierten Teil der Vorstellungsserie werden NRZ und KL mit Schwerpunkt Zoonosen vorgestellt.

30th Anniversary: The National Reference Centres and Consultant Laboratories Introduce Themselves (Part 4)

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 fourth part of the introduction series, NRC and CL will be presented, with a focus on zoonotic diseases.

(All articles in German)

Nationales Referenzzentrum für Borrelien	4
Konsiliarlabor für Bartonellen	6
Konsiliarlabor für Brucella	9
Konsiliarlabor für <i>Coxiella burnetii</i>	12
Konsiliarlabor für Leptospiren	14
Konsiliarlabor für Hantaviren	17
Konsiliarlabor für Bornaviren	19
Konsiliarlabor für Tollwut	21
Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten: 33. Woche 2026	23

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.

Nationales Referenzzentrum für Borrelien

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
Nationales Referenzzentrum für Borrelien
- ▶ **Leitung**
Dr. Volker Fingerle
- ▶ **Institut**
Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit
- ▶ **Adresse**
Veterinärstraße 2, 85764 Oberschleißheim
- ▶ **E-Mail**
volker.fingerle@lgl.bayern.de
- ▶ **Telefon**
+49 9131 6808-5870

Das 2001 von Frau Prof. Wilske am Max von Pettenkofer-Institut initiierte Nationale Referenzzentrum (NRZ) für Borrelien ist seit 2008 am Bayerischen Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) lokalisiert. Es wird von Dr. Fingerle geleitet; stellvertretender Leiter ist Prof. Dr. Sing. Maßgeblich unterstützt von zwei Biologinnen und drei Assistenzkräften im medizinisch-technischen Bereich wurden seit 2008 mehr als 200 PubMed-gelistete Publikationen und 20 Buchkapitel mit unserer Beteiligung veröffentlicht.

Eine zentrale Aufgabe des NRZ für Borrelien ist die Öffentlichkeitsarbeit mit Beratung von Fachkreisen, Bürgern und Betroffenen zum Thema Lyme-Borreliose. Dies erfolgt in Form von telefonischer Beratung und per E-Mail (ca. 1.500 Kontakte pro Jahr) sowie allgemeinen und wissenschaftlichen Beiträgen (Symposien, Fortbildungen, Presseaktivitäten). Schwerpunkte der Beratungstätigkeit sind evidenzbasiertes diagnostisches und therapeutisches Vorgehen sowie nicht ausreichend evaluierte Diagnostik- und Therapieformen. Hier besteht weiterhin hoher Aufklärungs- und Forschungsbedarf.

Ein besonderer Forschungsfokus des NRZ liegt auf dem außergewöhnlichen Genom von *Borrelia* (*B.*) *burgdorferi* mit seinen über 20 Plasmiden, die entscheidende Gene für die Pathogenese und den Wirt-Vektor-Zyklus tragen. In einem globalen Netzwerk mit 14 Forschungsgruppen konnten wir neue *Borrelia*-Spezies beschreiben, Studien zur Diversität von *B. garinii* in marinen Zyklen, Analysen zur Populationsstruktur von *B. lusitaniae*, *B. turcica* und *B. bavariensis* durchführen sowie eine Multilocus-Sequenztypisierung (MLST) entwickeln (Basis für die vom NRZ kuratierte Borrelien-MLST-Datenbank).

Im Bereich Epidemiologie und Monitoring wurden in Kooperation mit dem Robert Koch-Institut (RKI [Bundes-Gesundheitssurvey – BGS, Studie zur Gesundheit Erwachsener in Deutschland – DEGS, Studie zur Gesundheit von Kindern und Jugendlichen in Deutschland – KiGGS]) bundesweite Daten zu Seroprävalenz, -konversion und -reversion erhoben. Darüber hinaus wurden mit dem *LYDI*-Sentinel (*LYDI: Incidence of LYme Disease in Bavaria*) die bayerische Meldepflicht für Lyme-Borreliose durch ein Netzwerk von über 200 Arztpraxen validiert, zahlreiche Studien, u. a. zur Borrelien-Prävalenz in Zecken, zum *Ixodes ricinus*-Vorkommen, zur *Borrelia*-Antikörperprävalenz bei Risikopopulationen und eine Auswertung der bayerischen und der RKI-Daten zur Meldepflicht unterstützt.

Im Bereich Diagnostik bieten wir sowohl Beratungen als auch Materialien zur Entwicklung neuer und Verbesserung etablierter Tests an, waren an der Etablierung des Chemokins CXCL13 für die Diagnostik der Neuroborreliose und eines Massenspektrometrie-(MALDI-TOF-)Protokolls für die Spezies-Identifikation beteiligt und haben neue Anzuchtmedien für Rückfallfieber-Borrelien entwickelt.

Für die Qualitätssicherung unterstützen wir INSTAND e. V. und Quality Control for Molecular Diagnostics (QCMD) maßgeblich bei der Durchfüh-

nung von Polymerase-Kettenreaktion- (PCR) und Serologie-Ringversuchen, stellen Referenzmaterial sowie Expertise zur Verfügung und betreiben einen eigenen europaweiten Borrelien-PCR-Ringversuch. Gut charakterisierte Borrelien-Stämme werden regelmäßig für Forschung und Entwicklung abgegeben, u. a. auch zahlreiche Stämme für die aktuelle Lyme-Borreliose-Impfstoffentwicklung.

Ein weiterer Schwerpunkt der NRZ-Arbeit ist die aktive Mitarbeit bei Leitlinien (Neuroborreliose der European Federation of Neurological Societies [EFNS], Neuroborreliose der Deutschen Gesellschaft für Neurologie [DGN] und Kutane Borreliose der Deutschen Dermatologischen Gesellschaft

[DDG]), bei der Neufassung der „MiQ 12 Lyme Borreliose“, „Consensus recommendations“ zu Zecken übertragenen Erkrankungen (EU-Projekt NorthTick) und bei europäischen Falldefinitionen „Lyme borreliosis: Clinical case definitions for diagnosis and management in Europe“.

Das NRZ ist auch beratend für das RKI und das Europäische Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) tätig, ist im Lenkungsausschuss und Vorsitz bei der ESCMID Study Group for Lyme Borreliosis sowie Mitglied des *Scientific Advisory Board* bei der Lyme-Borreliose-Impfstoffentwicklung und bei der Global Lyme Alliance.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Böhm S, Woudenberg T, Stark K, Böhmer MM, Katz K, Kuhnert R, Schlaud M, Wilking H, Fingerle V. 2023. Seroprevalence, seroconversion and seroreversion of *Borrelia burgdorferi*-specific IgG antibodies in two population-based studies in children and adolescents, Germany, 2003 to 2006 and 2014 to 2017. *Euro Surveill* 28(34):2200855
- ▶ Hepner S, Rollins RE, Mourkas E, Kuleshov K, Casjens S, Qiu W, Dangel A, Velázquez D, Kovalev SY, Wieser A, Hübner J, Sing A, Fingerle V, Margos G. 2026. The wild, wild west of plasmids: First insights into comparative genomics of *Borrelia burgdorferi* sensu lato. *PLOS One*, akzeptiert
- ▶ Hepner S, Jolley KA, Castillo-Ramirez S, Mourkas E, Dangel A, Wieser A, Hübner J, Sing A, Fingerle V, Margos G. 2025. A core genome MLST scheme for *Borrelia burgdorferi* sensu lato improves insights into the evolutionary history of the species complex. *Cell Rep Methods* 5: 100935
- ▶ Hofmann H, Fingerle V, Rauer S, Hunfeld KP, Huppertz HI, Krause A, Consensus group. 2025. Cutaneous Lyme borreliosis: Guideline of the German Dermatology Society. *GMS German Medical Science* 23: 1–33
- ▶ Zimmermann M, Margos G, Hartberger C, Lienhard R, Henningsson AJ, Lager M, Markowicz M, Schötta AM, Sing A, Jaulhac B, Lindgren PE, van Dam AP, Hovius JWR, Fingerle V. 2025. The real-time PCR targeting the phage terminase (terL) is not suitable for diagnostics of human *Borrelia* infections in Europe. *Ticks Tick Borne Dis* 16: 102488

Konsiliarlabor für Bartonellen

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Bartonellen](#)
- ▶ **Leitung**
Univ.-Prof. Dr. med. Volkhard A. J. Kempf
- ▶ **Institut**
Institut für Medizinische Mikrobiologie und
Krankenhaushygiene, Universitätsmedizin
Frankfurt, Goethe-Universität
- ▶ **Adresse**
Paul Ehrlich-Str. 40, 60596 Frankfurt am Main
- ▶ **E-Mail**
volkhard.kempf@unimedizin-ffm.de
- ▶ **Telefon**
+49 69 6301-5019 (Sekretariat)

Bartonella henselae ist weltweit verbreitet und wird von Katzen auf den Menschen übertragen. Die Katzenkratzkrankheit wird in Deutschland selten diagnostiziert, obwohl die IgG-Antikörper-Seroprevalenz bei etwa 10 % liegt und rund 14 % aller Lymphadenopathien im Kopf-Hals-Bereich durch den Erreger verursacht werden. *B. quintana* ist ebenfalls weltweit endemisch, eine Übertragung erfolgt durch den Kot von Kleiderläusen. *B. quintana*-Infektionen waren während des 1. Weltkriegs unter Soldaten weit verbreitet („Schützengrabenfieber“). Zurzeit gewinnt der Erreger zunehmende Bedeutung als Erreger von Bakteriämien und Endokarditiden bei HIV-Infizierten sowie Obdachlosen. Aktuelle Kriegsaktivitäten lassen befürchten, dass das „Schützengrabenfieber“ in Zukunft wieder häufiger vorkommen wird. *B. bacilliformis* verursacht das sog. Oroya-Fieber. Das Verbreitungsgebiet des Erregers ist Südamerika, hier v.a. die Hochtäler der Anden. Asymptomatische bakteriämische Personen stellen das vermutete Erregerreservoir dar. Ein Drittel der gesunden Bevölkerung aus den Endemiegebieten Perus besitzt Antikörper gegen *B. bacilliformis*.

Das Konsiliarlabor für Bartonellen führt die Untersuchung von zugesandten Proben aus Deutschland

und den angrenzenden Ländern durch, übernimmt die diagnostische und therapeutische Beratung der Ärzteschaft und ist zudem an der Weiterentwicklung diagnostischer Verfahren und therapeutischer Möglichkeiten von *Bartonella*-Infektionen federführend beteiligt. Das Leistungsangebot umfasst verschiedene Untersuchungsverfahren zum Nachweis spezifischer Antikörper (Immunfluoreszenztest, ELISA, experimentell: Western Blot) sowie konventionelle Kultur- (Fest- und experimentelle Flüssig-nährmedien) und molekulargenetische (PCR-basierte) Erregernachweise (inkl. Genomsequenzierungen). Die mikrobiologische Diagnostik erfolgt unter der Einhaltung höchster Qualitätsstandards (Laborakkreditierung nach DIN ISO 15189:2023).

Angaben zu klinischen Bildern von *Bartonella*-Infektionen, zur Labordiagnostik, Therapie und Prophylaxe werden in zahlreichen (Lehr-)Buchbeiträgen, in einem „Mikrobiologischen Qualitätsstandard“ (MiQ 33: Zoonosen) sowie in Übersichtsarbeiten veröffentlicht.

Wissenschaftlich werden folgende Fragestellungen bearbeitet:

Wie infiziert *B. henselae* Wirtszellen?

Das sog. *Bartonella*-Adhäsion A (BadA) stellt einen wesentlichen Pathogenitätsfaktor des Erregers dar. Das trimere Adhäsion (ca. 3.600 Aminosäuren als Monomer) ist eines der größten funktionell charakterisierten bakteriellen Proteine und besteht aus zahlreichen konservierten Unterdomänen, deren exakte Interaktionen mit menschlichen Zellen/Proteinen aufgeklärt werden.

Wie kommt es zur angiogenetischen Reprogrammierung?

Infektionen mit Bartonellen führen zu einer Wirtszellantwort, die der zellulären Reaktion unter Hypoxie gleicht und direkten Einfluss auf die angiogenetische Reprogrammierung der infizierten Zelle nimmt. Die Rolle dieser Hypoxiekaskaden und deren Einfluss auf Infektionen sind Gegenstand aktueller Projekte.

Wie verursacht *B. bacilliformis* das tödliche Oroya-Fieber?

Seit einigen Jahren beschäftigen wir uns mit dem Oroya-Fieber, einer sog. „vernachlässigten Tropenkrankheit“ (*neglected tropical disease*). In Zusammenarbeit mit Partnern aus Lima/Peru und nach zwei Expeditionen ins Hochland Amazoniens wurden serologische Testverfahren entwickelt. Aktuelle Arbeiten befassen sich mit der Hämolyse der infizierten Erythrozyten.

Wie ist die Epidemiologie der Erreger in Europa?

Zahlreiche epidemiologische Studien im Sinne eines *One-Health*-Ansatzes wurden durch das Konsiliarlabor initiiert, beispielsweise zur Verbreitung von *B. henselae* in Zecken und Hirschlausfliegen (unter Einsatz modernster molekularbiologisch-bioinformatischer Analysen) sowie zur Seroprävalenz von IgG-Antikörpern gegen das in Hirschlausfliegen vorkommende Bakterium *B. schoenbuchensis* bei Waldarbeitern.

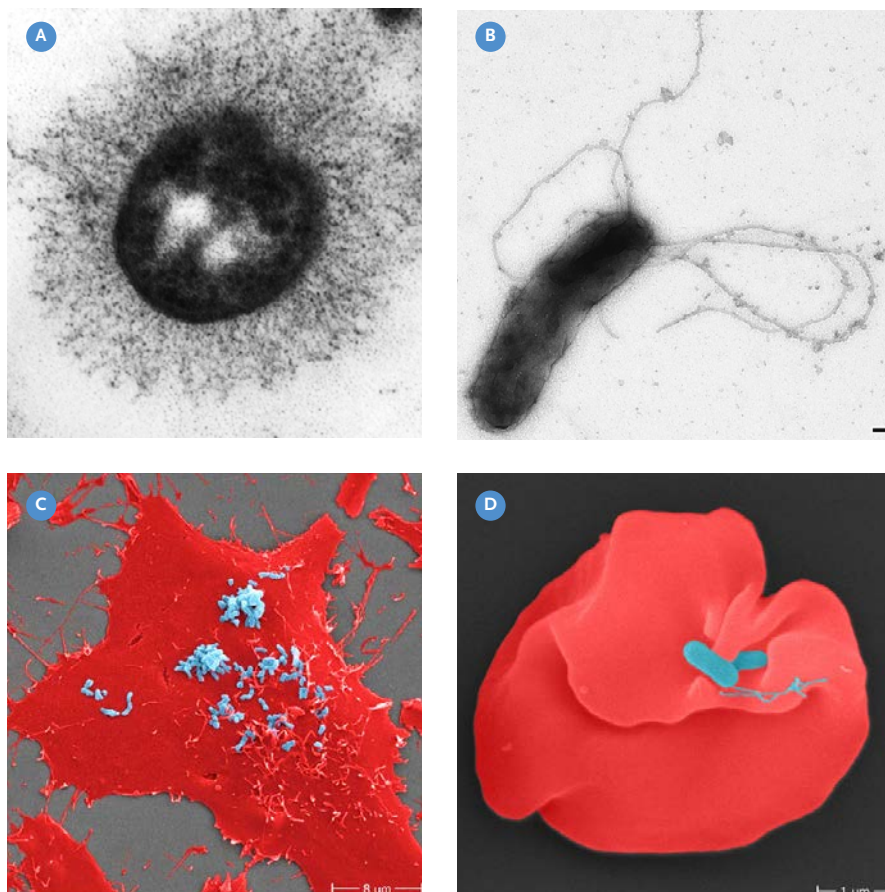


Abbildung | Verschiedene elektronenmikroskopische Aufnahmen von Bartonellen.

A – *Bartonella henselae*, deutlich erkennbar ist der dichte Saum des *Bartonella*-Adhäsins A (BadA).¹ **B** – *B. bacilliformis*, deutlich erkennbar sind fünf Flagellen.³ **C** – Humane Endothelzellen, infiziert mit *B. henselae* (koloriert).² **D** – Humane Erythrozyten, infiziert mit *B. bacilliformis* (koloriert).³

- 1 Kaiser PO, Riess T, O'Rourke F, et al. *Bartonella* spp.: throwing light on uncommon human infections. *Int J Med Microbiol*. 2011 Jan;301(1):7-15. doi: 10.1016/j.ijmm.2010.06.004.
- 2 van Belkum A, Almeida C, Bardiaux B, et al. Host-Pathogen Adhesion as the Basis of Innovative Diagnostics for Emerging Pathogens. *Diagnostics (Basel)*. 2021 Jul 14;11(7):1259. doi: 10.3390/diagnostics11071259.
- 3 Garcia-Quintanilla M, Dichter AA, Guerra H, Kempf VAJ. Carrion's disease: more than a neglected disease. *Parasit Vectors*. 2019 Mar 26;12(1):141. doi: 10.1186/s13071-019-3390-2.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Thibau A, Vaca DJ, Bagowski M, Hipp K, Bender D, Ballhorn W, Linke D, Kempf VAJ. Adhesion of *Bartonella henselae* to Fibronectin Is Mediated via Repetitive Motifs Present in the Stalk of *Bartonella* Adhesin A. *Microbiol Spectr*. 2022 Oct 26;10(5):e0211722. doi: 10.1128/spectrum.02117-22. Epub 2022 Sep 27. PMID: 36165788; PMCID: PMC9602544.
- ▶ Vaca DJ, Thibau A, Leisegang MS, Malmström J, Linke D, Eble JA, Ballhorn W, Schaller M, Happonen L, Kempf VAJ. Interaction of *Bartonella henselae* with Fibronectin Represents the Molecular Basis for Adhesion to Host Cells. *Microbiol Spectr*. 2022 Jun 29;10(3):e0059822. doi: 10.1128/spectrum.00598-22. Epub 2022 Apr 18. PMID: 35435766; PMCID: PMC9241615.
- ▶ Dichter AA, Schultze TG, Wenigmann A, Ballhorn W, Latz A, Schlüfter E, Ventosilla P, Guerra Allison H, Ugarte-Gil C, Tsukayama P, Kempf VAJ. Identification of immunodominant *Bartonella bacilliformis* proteins: a combined *in-silico* and serology approach. *Lancet Microbe*. 2021 Dec;2(12):e685-e694. doi: 10.1016/S2666-5247(21)00184-1. Epub 2021 Sep 10. PMID: 35544109.
- ▶ Regier Y, Komma K, Weigel M, Kraiczky P, Laisi A, Pulliainen AT, Hain T, Kempf VAJ. Combination of microbiome analysis and serodiagnostics to assess the risk of pathogen transmission by ticks to humans and animals in central Germany. *Parasit Vectors*. 2019 Jan 7;12(1):11. doi: 10.1186/s13071-018-3240-7. PMID: 30616666; PMCID: PMC6322329.
- ▶ Riess T, Andersson SG, Lupas A, Schaller M, Schäfer A, Kyme P, Martin J, Wälzlein JH, Eehalt U, Lindroos H, Schirle M, Nordheim A, Autenrieth IB, Kempf VA. *Bartonella* adhesin A mediates a proangiogenic host cell response. *J Exp Med*. 2004 Nov 15;200(10):1267-78. doi: 10.1084/jem.20040500. Epub 2004 Nov 8. PMID: 15534369; PMCID: PMC2211922.

Konsiliarlabor für Brucella

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Brucella](#)
- ▶ **Leitung**
Medizinaldirektorin Dr. med. Sabine Zange
- ▶ **Institut**
Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr
- ▶ **Adresse**
Neuherbergstr. 11, 80937 München
- ▶ **E-Mail**
sabinezange@bundeswehr.org
- ▶ **Telefon**
+49 89 992692-3808

Das Konsiliarlabor (KL) für Brucella befindet sich seit 2010 am Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr, der für den medizinischen Schutz vor biologischen Gefahren zuständigen Ressortforschungseinrichtung der Bundeswehr. Die *Brucella*-spezifische Diagnostik und Beratung wird im Zentralbereich Diagnostik angeboten, einer nach DIN EN ISO 15189 akkreditierten Abteilung für die Spezialdiagnostik von hochpathogenen bakteriellen und viralen Infektionserregern. Das Institut verfügt über eine alle derzeit beschriebenen *Brucella* spp. bzw. deren Biovare umfassende Stammsammlung mit Isolaten aus allen Teilen der Welt. Die kontinuierliche Genomsequenzierung zur Ausbruchsaufklärung und phylogenetischen Einordnung aller klinischen Isolate erfolgt mit Vollgenom-basierten Typisierungsdatenbanken unter akkreditierten Bedingungen im institutseigenen Funktionsbereich Mikrobielle Genomik und Bioinformatik (Ergebnisse aus dem KL s. [Georgi et al. 2017](#)).

Das KL Brucella ist in nationalen und internationalen von der Europäischen Union (EU) geförderten Forschungsnetzwerken vernetzt. Hierbei stehen der Erfahrungsaustausch sowie Transfer von Methoden und Expertise zwischen den Speziallaboratorien für hochpathogene Infektionserreger im Vordergrund.

Seit Januar 2026 gehört das Institut für Mikrobiologie der Bundeswehr außerdem zum Konsortium des EU Reference Laboratory for Public Health on High-risk, emerging and zoonotic bacterial pathogens (EURL-PH-HEZB), dessen Erregerspektrum auch *Brucella* spp. umfasst. Das KL Brucella stellt in dieser Funktion unter anderem die Referenzdiagnostik und Beratungsleistungen für Patientinnen und Patienten mit Brucellose aus ganz Europa bereit und berät das Europäische Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) bei Ausbrüchen (s. www.rki.de/eurl-ph-hezb).

Deutschland wurde im Jahr 2000 für „offiziell frei von Brucellose bei Schafen, Ziegen und Rindern“ erklärt. Seither gibt es ca. 40 bis 50 meist importierte Brucellose-Fälle pro Jahr (s. [Abbildung](#)). Das häufigste Importland ist die Türkei, gefolgt vom Irak und Spanien. Beim Monitoring der Wildtierpopulationen in Deutschland wird jedoch noch regelmäßig *B. suis* Biovar 2 bei Wildschweinen und Hasen nachgewiesen. Im Vergleich zu anderen *Brucella*-Arten weist diese jedoch eine geringe Pathogenität für den Menschen auf. Weltweit werden die meisten Infektionen durch die am häufigsten vorkommende hochpathogene Spezies *B. melitensis* verursacht. Die Brucellose ist mit einem großen Risiko chronischer Infektionen und Rezidiven verbunden (Beispiele aus dem KL s. [Zange et al. 2026](#), [Zange et al. 2019](#)). Um diese zu verhindern, sollte die Therapie immer mit einer Kombination verschiedener Antibiotika und je nach Stadium und Infektionsort über mehrere Wochen bis Monate erfolgen. Eine genaue Kenntnis der Resistenzen gegenüber therapie relevanten Substanzen ist daher für die behandelnden Ärztinnen und Ärzte von großer Bedeutung. Eine Multi-center-Studie in einem von der EU-geförderten Forschungsnetzwerk (SHARP) in enger Zusammenarbeit mit dem European Committee for Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) hatte daher zum Ziel, standardisierte Methoden zur Bestimmung der Wildtypverteilungen zu etablieren sowie *Epidemiological Cut-Off Values* (ECOFFs) für therapeutisch relevante Substanzen festzulegen. Die Stu-

dienleitung und Hauptansprechpartner für EUCAST war das KL Brucella. Die Ergebnisse sind in der [EUCAST-Datenbank](#) abrufbar und die daraus resultierenden klinischen Grenzwerte wurden erstmals

in Version 14.0 der EUCAST-Grenzwerttabelle veröffentlicht. Die Details der Studie sowie die Vorarbeiten dazu sind publiziert worden (s. [Dematheis et al. 2026](#), [Tscherne et al. 2022](#)).

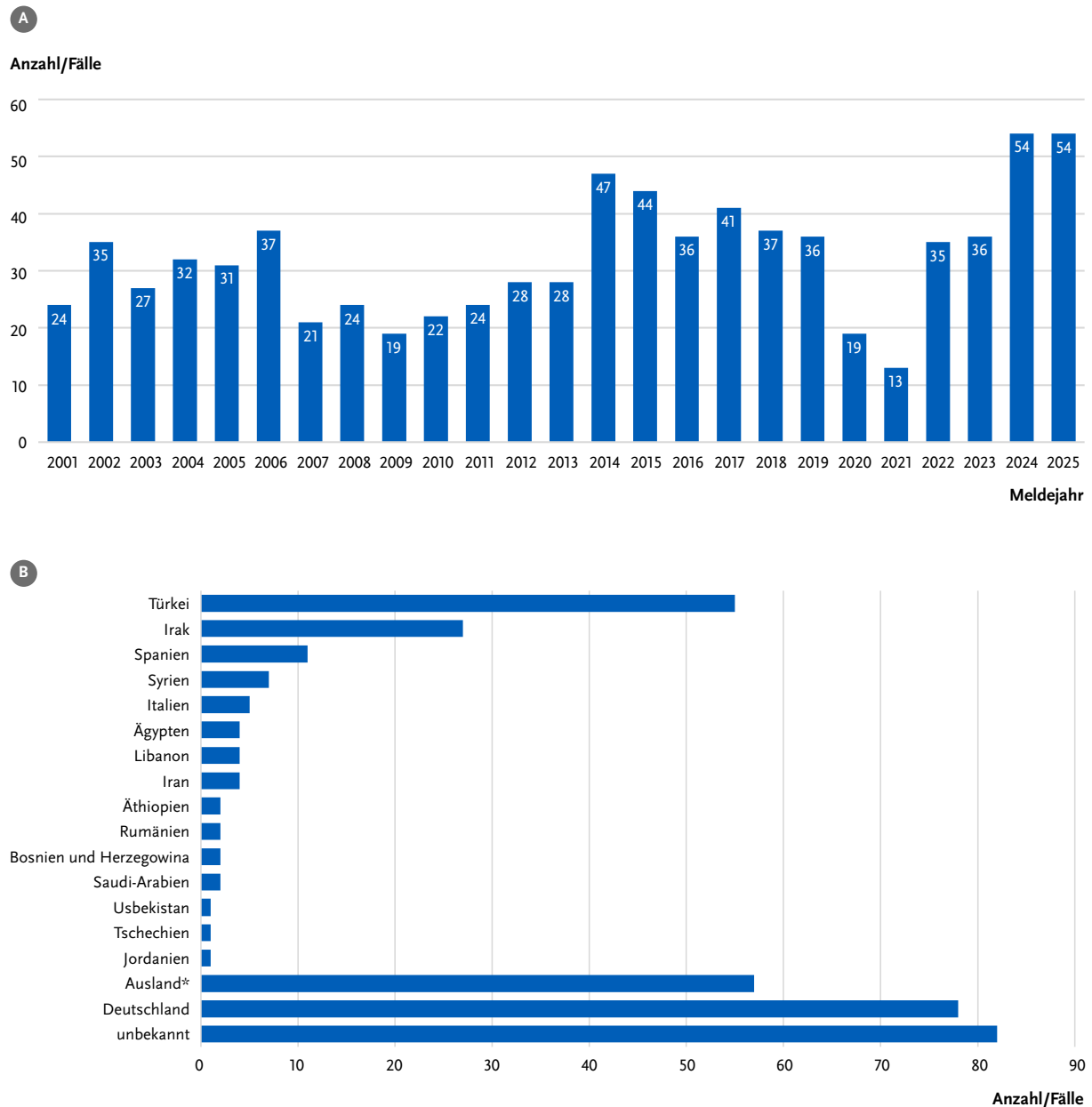


Abbildung | (A) Brucellose-Fälle in Deutschland seit 2001. Daten aus der SurvStat@RKI-Datenbankabfrage vom 6.2.2026.

(B) Vermuteter Infektionsursprung von Brucellose-Fällen in Deutschland. Mehrere Angaben pro Fall sind möglich.

Daten aus den [Infektionsepidemiologischen Jahrbüchern](#) einschließlich der Jahre 2014 bis 2023 ergänzt mit Daten des KL. Hinweis: Fälle mit Angabe Deutschland als Infektionsursprung, sind möglicherweise unzureichend untersucht/anamnestiziert und sind entweder auf eine länger zurückliegende Reise in ein Endemiegebiet, verbunden mit einer chronischen Infektion, oder auf den Verzehr kontaminierter, nach Deutschland importierter Lebensmittel zurückzuführen. Autochthone Infektionen sind in Deutschland extrem selten (s. [Zange et al. 2019](#)).

* Ausland ohne nähere Angabe zum Reiseland.

Mit seinen Kompetenzen dient das KL Brucella als erster Ansprechpartner in der Laborlandschaft in Deutschland zur Bestätigung einer Brucellose. Neben der Therapieberatung gehört zu jedem bestätigten Brucellose-Fall auch eine Beratung der Einsender, der zuständigen Betriebsärztinnen und -ärzte

bzw. des Öffentlichen Gesundheitsdienstes zu Fragen der Hygiene und des Umgangs mit Personal nach Exposition gegenüber *Brucella* spp. sowie zur Probennahme, zum Probentransport und zu Versandbedingungen für Einsendungen von Diagnostikproben.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Zange S, Pillukat MH, Wohlfart K, Stich A, Maidhof HP, Seidel M, Lang D, Mantel E. A rare complication in humans of a rare disease in Germany: a case of bilateral tubo-ovarian abscesses caused by *Brucella melitensis*. Infection. 2026 Feb 27. doi: 10.1007/s15010-026-02749-3
- ▶ Dematheis F, Papaparaskevas J, Matuschek E, Wahab T, Fröding I, Mori M, Fancello T, Jensen VK, Johansen TB, Solheim M, Melzer F, Elschner MC, Manzulli V, Galante D, Mantel E, Grunow R, Kahlmeter G, Jacob D, Zange S. Defining epidemiological cutoff values for *Brucella melitensis*: an European multicentre study. Clin Microbiol Infect. 2026 Jan;32(1):95-101. doi: 10.1016/j.cmi.2025.09.001.
- ▶ Dematheis F, Walter MC, Lang D, Antwerpen M, Scholz HC, Pfalzgraf MT, Mantel E, Hinz C, Wölfel R, Zange S. Machine Learning Algorithms for Classification of MALDI-TOF MS Spectra from Phylogenetically Closely Related Species *Brucella melitensis*, *Brucella abortus* and *Brucella suis*. Microorganisms. 2022 Aug 17;10(8):1658. doi: 10.3390/microorganisms10081658
- ▶ Tscherne A, Mantel E, Boskani T, Budniak S, Elschner M, Fasanella A, Feruglio SL, Galante D, Giske CG, Grunow R, Henczko J, Hinz C, Iwaniak W, Jacob D, Kedrak-Jablonska A, Jensen VK, Johansen TB, Kahlmeter G, Manzulli V, Matuschek E, Melzer F, Nuncio MS, Papaparaskevas J, Pelerito A, Solheim M, Thomann S, Tsakris A, Wahab T, Weiner M, Zoeller L and Zange S. Adaptation of *Brucella melitensis* Antimicrobial Susceptibility Testing to the ISO 20776 Standard and Validation of the Method. Microorganisms. 2022 Jul 20;10(7):1470. doi: 10.3390/microorganisms10071470
- ▶ Zange S, Schneider K, Georgi E, Scholz HC, Antwerpen MH, Walter MC, Zoeller L, von Buttlar H, Borde JP. A headache with surprising outcome: first case of brucellosis caused by *Brucella suis* biovar 1 in Germany. Infection. 2019 May 9. doi: 10.1007/s15010-019-01312-7
- ▶ Georgi E, Walter MC, Pfalzgraf MT, Northoff BH, Holdt LM, Scholz HC, Zoeller L, Zange S, Antwerpen MH. Whole genome sequencing of *Brucella melitensis* isolated from 57 patients in Germany reveals high diversity in strains from Middle East. PLoS One. 2017 Apr 7;12(4):e0175425. doi: 10.1371/journal.pone.0175425

Konsiliarlabor für *Coxiella burnetii*

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für *Coxiella burnetii*](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Larissa Dangel (kommissarisch)
- ▶ **Institut**
Ministerium für Soziales, Gesundheit und Integration, Landesgesundheitsamt Baden-Württemberg
- ▶ **Adresse**
Nordbahnhofstraße 135, 70191 Stuttgart
- ▶ **E-Mail**
larissa.dangel@sm.bwl.de
- ▶ **Telefon**
+49 711 25859-306

Coxiella (C.) burnetii ist ein obligat intrazelluläres Bakterium und der Erreger des Q-Fiebers, einer weltweit vorkommenden Zoonose, die vor allem durch inhalative Aufnahme kontaminierter Aerosole aus der Nutztierhaltung (insbesondere Schaf-, Ziegen- und Rinderbeständen) übertragen wird. Neben sporadischen Erkrankungen kommt es immer wieder zu größeren Ausbrüchen beim Menschen. Das Konsiliarlabor für *C. burnetii* bietet eine umfassende labordiagnostische Abklärung humaner Q-Fieber-Erkrankungen an. Hierzu zählen insbesondere serologische Untersuchungen (ELISA, phasenspezifische Antikörperdiagnostik mittels indirekter Immunfluoreszenz), die eine Differenzierung zwischen akuter und chronischer Infektion ermöglichen. Insbesondere bei chronischen Verlaufsformen (z. B. Endokarditis) bedarf es einer frühzeitigen Diagnose mit gezielter Therapie und regelmäßigen Verlaufskontrollen. Ebenso ist die Abklärung einer Q-Fieber-Infektion während der Schwangerschaft aufgrund des erhöhten Abortrisikos eine besondere Fragestellung. Weiterhin bietet das Konsiliarlabor molekularbiologische Verfahren (PCR) zum direkten Erregernachweis an. Neben der Routinediagnostik berät das Konsiliarlabor behandelnde Ärztinnen und Ärzte, andere Labore sowie Gesundheitsämter

bei der Befundinterpretation, Diagnostik und bei Therapieempfehlungen. Im Rahmen von Ausbruchsgeschehen unterstützt das Labor durch gezielte Diagnostik und trägt zur Bewertung von Expositionsrisiken bei. Das Konsiliarlabor ist am Landesgesundheitsamt Baden-Württemberg angesiedelt und arbeitet eng mit dem Arbeitsbereich Infektions-epidemiologie zusammen. In diesem Rahmen wurden in den letzten Jahren deutschlandweit Gesundheitsbehörden bei Ausbruchsgeschehen unterstützt. Das Konsiliarlabor arbeitet in engem Austausch interdisziplinär mit Veterinärbehörden auf Landes- und Bundesebene zusammen. Im Rahmen eines über mehrere Förderphasen laufenden BMBF-Forschungsvorhabens (Q-GAPS) mit One-Health-Ansatz wurde u. a. ein gemeinsamer interdisziplinärer Q-Fieber-Leitfaden erarbeitet und veröffentlicht. Weiterhin verfügt das Labor im Landesgesundheitsamt über einen S3-Laborbereich, der im Rahmen von biologischen Lagen die direkte Diagnostik von S3-Erregern wie auch *C. burnetii* ermöglicht. Ein Zellkulturanzuchtverfahren wurde etabliert und kann bei Bedarf angewandt werden.

Public-Health-Relevanz

Infektionen mit *C. burnetii* sind aufgrund ihres zoonotischen Potenzials, der ausgeprägten Umweltresistenz des Erregers sowie seiner Fähigkeit, durch aerogene Übertragung großflächige Ausbrüche in der Bevölkerung zu verursachen, von erheblicher Bedeutung für den Öffentlichen Gesundheitsdienst. Das Risiko chronischer Verläufe und das Abortrisiko während einer Infektion in der Schwangerschaft zeigen die Relevanz dieser Erkrankung v. a. im Rahmen von Ausbrüchen auf. Eine frühzeitige labordiagnostische Sicherung akuter Infektionen ist auch aufgrund der häufig unspezifischen Symptomatik essenziell zur Bewertung des Infektionsgeschehens. Das zuständige Gesundheitsamt ist somit frühzeitig in der Lage, weitere Maßnahmen zur Intervention einzuleiten. Hierzu zählt die Benachrichtigungspflicht der zuständigen Veterinärbehörden gemäß § 27 IfSG, um auch gezielte Maßnahmen im Tierbestand einzuleiten.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Winter, F., Konrad M., Schoneberg, C., Bauer B.U., Berens C., Campe A., Frangoulidis D., Helbich A., Knittler M.R., Lührmann A., Mertens-Scholz K., Fischer S.F., Ganter, M., M., Runge, M. (2023) Q-GAPS Q-Fieber Leitfaden
- ▶ Dangel, L., Koempf, D., & Fischer, S. F. (2020). Comparison of Different Commercially Available Enzyme-Linked Immunosorbent Assays with Immunofluorescence Test for Detection of Phase II IgG and IgM Antibodies to *Coxiella burnetii*. *Journal of clinical microbiology*, 58(2), e00951-19. <https://doi.org/10.1128/JCM.00951-19>
- ▶ Jeske, R., Dangel, L., Sauerbrey, L., Frangoulidis, D., Teras, L. R., Fischer, S. F., & Waterboer, T. (2021). Development of High-Throughput Multiplex Serology to Detect Serum Antibodies against *Coxiella burnetii*. *Microorganisms*, 9(11), 2373. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9112373>
- ▶ Bauer, B. U., Knittler, M. R., Andrack, J., Berens, C., Campe, A., Christiansen, B., Fasemore, A. M., Fischer, S. F., Ganter, M., Körner, S., Makert, G. R., Matthiesen, S., Mertens-Scholz, K., Rinkel, S., Runge, M., Schulze-Luehrmann, J., Ulbert, S., Winter, F., Frangoulidis, D., & Lührmann, A. (2023). Interdisciplinary studies on *Coxiella burnetii*: From molecular to cellular, to host, to one health research. *International journal of medical microbiology : IJMM*, 313(6), 151590. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2023.151590>
- ▶ Wagner-Wiening, C., Brockmann, S., & Kimmig, P. (2006). Serological diagnosis and follow-up of asymptomatic and acute Q fever infections. *International journal of medical microbiology : IJMM*, 296 Suppl 40, 294–296. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2006.01.045>

Konsiliarlabor für Leptospiren

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
[Konsiliarlabor für Leptospiren](#)
- ▶ **Leitung**
Dr. Martin Richter
Dr. Kaya Stollberg (Vertretung)
- ▶ **Institut**
Bundesinstitut für Risikobewertung
- ▶ **Adresse**
Max-Dohrn-Str. 8–10, 10589 Berlin
- ▶ **E-Mail**
kl-leptospira@bfr.bund.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18412-24500/-27

Die Leptospirose ist eine Zoonose mit weltweiter Bedeutung, die durch die Infektion mit pathogenen Bakterien der Gattung *Leptospira* spp. verursacht wird. Entscheidend für die Verbreitung der Leptospirose sind vor allem wildlebende Kleinsäuger wie Nagetiere, die als Hauptreservoir des Erregers gelten. Aber auch Haus- und Nutztiere, wie z. B. Ferkel, Hunde, Schweine und Rinder, können eine mögliche Infektionsquelle darstellen. Tiere können den Erreger in hoher Anzahl mit dem Urin ausscheiden, auch wenn sie selbst keine Symptomatik zeigen. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt in der Regel durch indirekten Kontakt, z. B. zu mit belasteten Ausscheidungen kontaminiertem Wasser oder Schlamm, oder durch direkten Kontakt mit dem Urin infizierter Tiere über kleine Hautverletzungen oder die Schleimhäute. Mensch-zu-Mensch-Übertragungen sind selten.

Das klinische Bild der Leptospirose ist ausgesprochen vielseitig und reicht von milden grippeähnlichen Symptomen bis hin zu fulminant verlaufenden Erkrankungen, die innerhalb weniger Tage zum Tode führen können. Neben den grippeähnlichen Symptomen werden die Symptome der Leptospirose laut Weltgesundheitsorganisation (WHO) in drei weitere klinische Kategorien eingeordnet:

i) Morbus Weil (Nierenversagen, Ikterus und Splenomegalie), ii) Meningitis/Meningoenzephalitis und iii) pulmonale Hämorrhagien mit respiratorischer Insuffizienz.¹

In Deutschland besteht gemäß § 7 Abs. 1 Infektionsschutzgesetz eine Meldepflicht für den direkten oder indirekten Nachweis humanpathogener Leptospiren, soweit der Nachweis auf eine akute Infektion hinweist. Pro Jahr wurden von 2001 bis 2024 zwischen 37 und über 300 Leptospirosefälle gemeldet (siehe Abbildung). Aufgrund der häufig unspezifischen klinischen Symptomatik ist jedoch von einer hohen Dunkelziffer auszugehen. Weiterhin lässt sich eine steigende Tendenz der gemeldeten Leptospirosefälle beobachten. Ein wichtiger Grund hierfür ist das vermehrte Auftreten autochthon übertragener Fälle. Ein Effekt des Klimas auf die steigenden Fallzahlen ist nicht auszuschließen. Insbesondere höhere Temperaturen und Niederschlagsmengen sowie häufiger auftretende Extremwetterereignisse könnten zu einem erhöhten Infektionsrisiko führen, da Leptospiren unter feuchten und warmen Bedingungen besonders gut in der Umwelt überleben und sich unter günstigen Bedingungen dort auch vermehren können.

Bestimmte Berufsgruppen wie z. B. Kanalarbeiter/-arbeiterinnen und Feldarbeiter/-arbeiterinnen, Stallpersonal, Tierärztinnen und Tierärzte sowie Metzgerinnen und Metzger sind aufgrund des Kontakts mit dem Urin infizierter Tiere besonders gefährdet. Auch Freizeitaktivitäten wie Reisen (v. a. in die Tropen), Wassersport in Binnengewässern sowie die Heimtierhaltung gewinnen als mögliche Risiken für eine Leptospirose zunehmend an Bedeutung und stellen somit auch wichtige Bindeglieder für die Nachverfolgung im Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) dar. Die jüngsten Ausbrüche in Deutschland wurden mit Erntearbeiten auf Erdbeerbefeldern, mit Outdoor-Sportveranstaltungen (z. B. Triatlons) oder der Heimtierrattenhaltung in Verbindung gebracht.^{2–6}

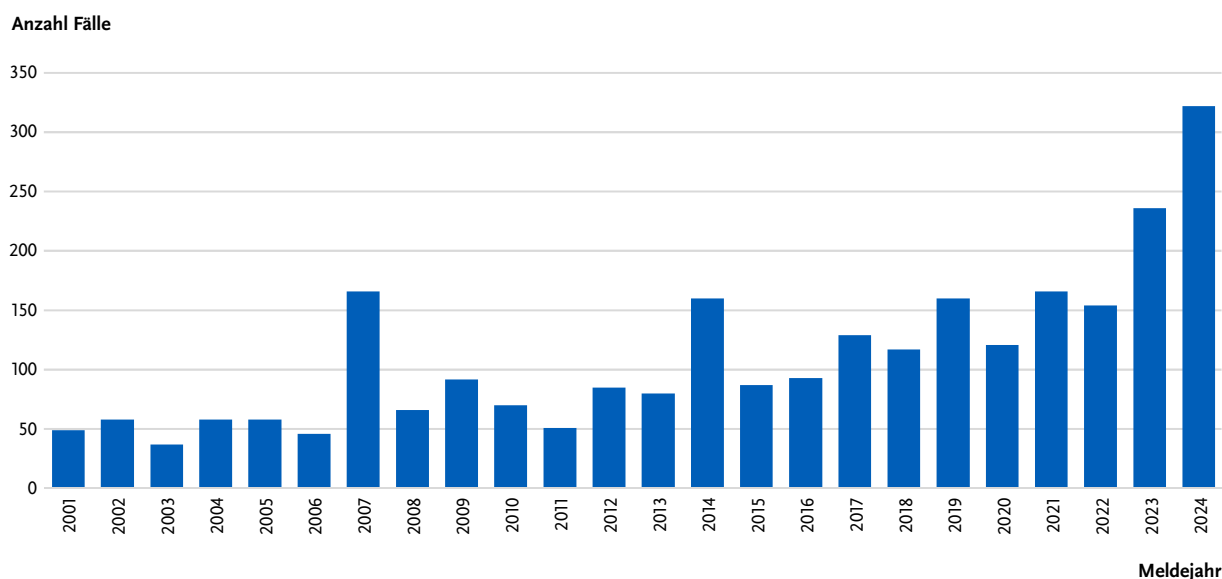


Abbildung | Anzahl der in Deutschland gemeldeten Leptospirosefälle im Zeitraum 2001–2024

Zu den Arbeitsschwerpunkten des Konsiliarlabors für Leptospiren gehören neben der Unterstützung des ÖGD bei Ausbruchuntersuchungen die Beratung zu Fragen der mikrobiologischen Diagnostik und Erregertypisierung, der indirekte und direkte Nachweis des Erregers mittels Mikroagglutinationstest (Referenzmethode), ELISA, PCR, Kultivierung, die Erregertypisierung mittels PCR-basierter Metho-

den und nachfolgender Sequenzierung, die Beratung zu Anforderungen an Untersuchungsmaterial und Versandbedingungen, Methodenetablierung und -validierung zum Nachweis von Leptospiren sowie die Forschung zum Vorkommen und zur Bedeutung von Leptospiren beim Menschen, bei Reservoirtieren und in der Umwelt.

Literatur

- 1 Terpstra, W. J. (2003). Human leptospirosis: guidance for diagnosis, surveillance and control. World Health Organization.
- 2 Brockmann S, Piechotowski I, Bock-Hensley O, Winter C, Oehme R, Zimmermann S, Hartelt K, Luge E, Nöckler K, Schneider T, Stark K, Jansen A. Outbreak of leptospirosis among triathlon participants in Germany, 2006. *BMC Infect Dis.* 2010;10:91.
- 3 Desai S, van Treeck U, Lierz M, Espelage W, Zota L, Sarbu A, Czerwinski M, Sadkowska-Todys M, Avdicová M, Reetz J, Luge E, Guerra B, Nöckler K, Jansen A. Resurgence of field fever in a temperate country: an epidemic of leptospirosis among seasonal strawberry harvesters in Germany in 2007. *Clin Infect Dis.* 2009;48(6):691-7.
- 4 Fiecek B, Chmielewski T, Sadkowska-Todys M, Czerwinski M, Zalewska G, Roguska U, Tylewska-Wierzbanska S. An outbreak of leptospirosis imported from Germany to Poland. *Adv Clin Exp Med.* 2017;26(3):415-9.
- 5 Dreesman J, Hamschmidt L, Toikkanen S, Runge M, Lüsse B, Freise J, Ehlers J, Nöckler K, Knorr C, Keller B, Mayer-Scholl A. Leptospirose-Ausbruch bei Saisonarbeitern in der Erdbeerernte in Niedersachsen, 2014. *Das Gesundheitswesen.* 2016;78(04).
- 6 Nau LH, Emirhar D, Obiegala A, Mylius M, Runge M, Jacob J, Bier N, Nöckler K, Imholt C, Below D,

Princk C, Dreesman J, Ulrich R, Pfeffer M, Mayer-Scholl A. Leptospirose in Deutschland: Aktuelle Erkenntnisse zu Erregerspezies, Reservoirwirten und Erkrankungen bei Mensch und Tier. Bundesgesundheitsblatt – Gesundheitsforschung – Gesundheitsschutz. 2019;62(12):1510-21.

- 7 Stollberg KC, Metz J, John A, Heinmüller P, Luge E, Bahn P, Diescher S, Böhmer MM, Richter MH. Bundeslandübergreifender Leptospirose-Ausbruch in Zusammenhang mit der Haltung von Farbratten. *Epid Bull* 2024;27:3-9.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Alinaitwe L, Aturinda, CJ, Lubega A, Kivali V, Bugeza J, Wainaina M, Richter MH, Hoona JJ, Roesel K, Mayer-Scholl A, Cook EAJ, Kankya C, Dürr S. Cross-sectional serosurvey of *Leptospira* species among slaughter pigs, goats, and sheep in Uganda. *PLOS Neglected Tropical Diseases* 2024 (18) 3. e0012055. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012055>.
- ▶ Vorsicht beim Kuschneln! Ein aktueller Überblick zu Heimtierratten-übertragenen Zoonoseerregern. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 2024 (137). S. 1-17. <https://doi.org/10.2376/1439-0299-2024-7>.
- ▶ Molecular detection and typing of pathogenic *Leptospira* species from livestock and small mammals in Uganda. *Epidemiology and Infection* 2025; 153:e50. <https://doi.org/10.1017/S0950268825000044>.
- ▶ Survival time of *Leptospira kirschneri* on strawberries. *PLoS ONE* 2020 15 (8): e0237466. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0237466>.
- ▶ Estimation of the sensitivity and specificity of a *Leptospira* spp. in-house ELISA through Bayesian modelling. *International Journal of Medical Microbiology* 2015 (305) 7. S. 756-761. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2015.08.029>.

Konsiliarlabor für Hantaviren

KONTAKTDATEN

- ▶ **Webseite**
Konsiliarlabor für Hantaviren
- ▶ **Leitung**
Dr. Daniel Bourquain
- ▶ **Institut**
Robert Koch-Institut, Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene 1
- ▶ **Adresse**
Seestraße 10, 13353 Berlin
- ▶ **E-Mail**
KL-Hantaviren@rki.de
- ▶ **Telefon**
+49 30 18754-3825/-5111

Hantaviren sind als Zoonoseerreger weltweit von Bedeutung. In Europa verursachen Hantaviren beim Menschen eine fiebrige, grippeähnliche Erkrankung, die bei schweren Verläufen durch akute Nierenfunktionsstörungen bis hin zum Nierenversagen charakterisiert ist. Die Erkrankung ist seit 2001 gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) meldepflichtig.

Da Hantaviren über Speichel, Urin und Kot infizierter Nagetiere ausgeschieden werden, stellt der Kontakt mit virushaltigen Exkrementen den typischen Infektionsweg dar. In Deutschland sind bisher neun verschiedene Hantavirus-Spezies beschrieben worden von denen vier mit Erkrankungen des Menschen assoziiert werden. Fast alle in Deutschland gemeldeten Hantavirus-Erkrankungen gehen auf Infektionen mit Puumalaviren zurück. Diese treten insbesondere in Endemieregionen im westlichen und südlichen Teil Deutschlands auf, was sich mit der bekannten Verbreitung der Viren in Rötelmäusen deckt. Im Nordosten Deutschlands sind Infektionen mit Dobrava-Belgrad-Viren von Bedeutung, welche über die Brandmaus übertragen werden. Ebenfalls können Infektionen mit Seoul-viren über Ratten und mit Tulaviren über Feldmäuse

erfolgen. Mensch-zu-Mensch Übertragungen wurden bisher nur für Andesviren in Südamerika dokumentiert und werden in Europa nicht beobachtet. Die Zahl der Krankheitsfälle beim Menschen schwankt in Europa von Jahr zu Jahr, abhängig von Größe und Infektionsstatus der Nagetierpopulationen. Hantavirus-Infektionen können das ganze Jahr über auftreten, die meisten Erkrankungen werden aber von April bis September beobachtet.

Das Konsiliarlabor (KL) für Hantaviren ist seit Januar 2026 am Robert Koch-Institut im Zentrum für Biologische Gefahren und Spezielle Pathogene 1 (ZBS1) angesiedelt. Am KL stehen Methoden für die serologische und molekulare Diagnostik sowie die Typisierung von Hantavirus-Infektionen bereit und werden ständig weiterentwickelt. Die Primärdiagnostik einer Hantavirus-Infektion erfolgt in der Regel serologisch, hierzu werden am KL Immunoblots und ELISA-Tests (IgM, IgG) auf Basis der Nukleokapsidproteine autochthoner Hantavirus-Spezies eingesetzt. Ebenfalls stehen Tests für relevante Virus-spezies aus Amerika und Asien bereit, welche bei Verdacht auf eine reiseassoziierte Erkrankung von Bedeutung sind. Für Bestätigungstests werden Immunfluoreszenztests verwendet. Aufgrund der ausgeprägten serologischen Kreuzreaktivität ist eine genaue Typisierung der Hantavirus-Spezies aber serologisch nur über einen Neutralisationstest und molekularbiologisch über Sequenzierung bzw. erregerspezifische Polymerase-Kettenreaktion (PCR) möglich.

Zur molekularen Diagnostik und Virustypisierung werden am KL für Hantaviren sowohl generische Suchtests (Pan-Hantavirus-PCR) als auch im ZBS1 entwickelte Virusspezies-spezifische qRT-PCR (*qRT: quantitative Reverse Transcription*) verwendet. Zur molekularepidemiologischen Analyse von Ausbruchsstämmen wird die Sequenzierung viraler Genome bzw. Genombereiche in Kooperation mit dem Genom-Kompetenzzentrum des RKI angeboten. Die serologischen und molekularen Diagnostikleistungen des KL für Hantaviren werden überregional

angeboten. Hierzu zählt insbesondere auch die Bestätigung serologischer Primärbefunde, die Typisierung der für die jeweilige Infektion ursächlichen Hantaviren sowie die Identifizierung möglicher Infektionsorte und -quellen. Das KL bietet zudem Beratungsleistungen zur Hantavirus-Erkrankung für den Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD), Kliniken, die niedergelassene Ärzteschaft und Labore an.

Zu den Zielen des KL für Hantaviren zählt die Generierung epidemiologischer Daten zur Verbrei-

tung von Hantavirus-Infektionen in Deutschland, um Risikogebiete exakter und aktueller kartieren zu können. In Zusammenarbeit mit dem Friedrich-Loeffler-Institut wird die Verbreitung von Hantaviren in Nagetieren untersucht. Weiterhin zählt die Weiterentwicklung diagnostischer Methoden und die Erforschung von krankheitsauslösenden Mechanismen zu den KL-Aufgaben. Forschungsk Kooperationen und die Einsendung relevanter klinischer Materialien sind daher nach Absprache willkommen.

Literatur

- 1 Kramski M, Meisel H, Klempa B, Krüger DH, Pauli G, Nitsche A. Detection and typing of human pathogenic hantaviruses by real-time reverse transcription-PCR and pyrosequencing. *Clin Chem*. 2007 Nov;53(11):1899-905. doi: 10.1373/clinchem.2007.093245. Epub 2007 Aug 23. PMID: 17717126.
- 2 Witkowski PT, Bourquain D, Bankov K, Auste B, Dabrowski PW, Nitsche A, Krüger DH, Schaade L. Infection of human airway epithelial cells by different subtypes of Dobrava-Belgrade virus reveals gene expression patterns corresponding to their virulence potential. *Virology*. 2016 Jun;493:189-201. doi: 10.1016/j.virol.2016.03.018. Epub 2016 Apr 6. PMID: 27058765.
- 3 Bourquain D, Bodenstein C, Schürer S, Schaade L. Puumala and Tula Virus Differ in Replication Kinetics and Innate Immune Stimulation in Human Endothelial Cells and Macrophages. *Viruses*. 2019 Sep 14;11(9):855. doi: 10.3390/v11090855. PMID: 31540120; PMCID: PMC6784088.
- 4 Bourquain D, Luttermann C. Hantaviruses and innate immunity. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift*. 2025 Jan;138, 1–13. doi: 10.2376/1439-0299-2024-13
- 5 Schwarzer-Sperber HS, Petrich A, Schade M, Nilson N, Chibrac-Ahad L, Lehmann MJ, Paulick K, Weiss S, Dluzak T, Bourquain D, Witkowski PT, Krüger DH, Herrmann A, Schwarzer R. Remodelling of P-bodies and the cytoskeleton by Orthohantavirus puumalaense (Puumala virus). *J Gen Virol*. 2026 Feb;107(2):002220. doi: 10.1099/jgv.0.002220. PMID: 41678361; PMCID: PMC12900389.

Konsiliarlabor für Bornaviren

KONTAKTDATEN

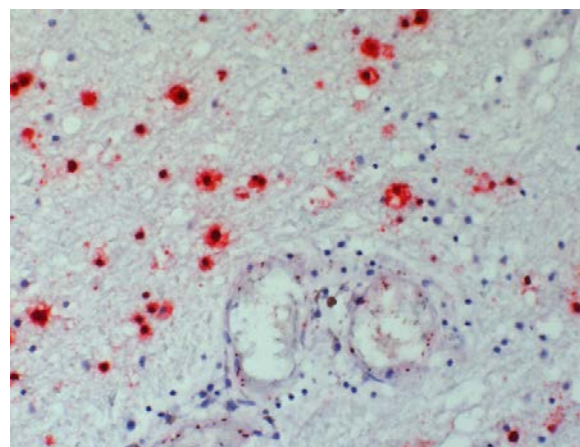
- ▶ **Webseite**
Konsiliarlabor für Bornaviren
- ▶ **Leitung**
Prof. Dr. med. Dennis Tappe
- ▶ **Institut**
Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin
- ▶ **Adresse**
Bernhard-Nocht-Straße 74, 20359 Hamburg
- ▶ **E-Mail**
labordiagnostik@bnitm.de
- ▶ **Telefon**
+49 40 285380-211/-499

Das Konsiliarlabor für Bornaviren wurde zum Januar 2023 erstmalig vom Bundesministerium für Gesundheit nach Empfehlung durch das Robert Koch-Institut benannt. Vorausgegangen war der zweifelsfreie Nachweis der Humanpathogenität von Bornaviren: 2015 wurde erstmals das Variegated Squirrel Bornavirus 1 (VSBV-1) als Ursache letaler Enzephalitiden bei Haltern exotischer Baumhörnchen in Ostdeutschland identifiziert; 2018 erfolgte der Nachweis des Borna Disease Virus 1 (BoDV-1) als weiterer Auslöser von Enzephalitiden. Es folgte die Meldepflicht für den direkten Nachweis zoonotischer Bornaviren im Rahmen des Infektionsschutzgesetzes gemäß § 7 im Jahr 2020. Während die genaue Herkunft von VSBV-1 immer noch unklar ist, kommt BoDV-1 autochthon in Deutschland vor, mit Feldspitzmäusen als (einem) natürlichen Wirt.

Die Laborleistungen des Konsiliarlabors für Bornaviren, hauptsächlich serologische Methoden (Immunfluoreszenztest [IFT], Immunoblot, *Enzyme-linked Immunosorbent Assay* [ELISA]), molekularbiologische Tests (Reverse-Transkriptase-PCR [RT-PCR]) inklusive *Next-Generation Sequencing* zur Virus-Vollgenomsequenzierung und bioinformatischen Analysen für Clusterzuordnungen, als auch gewebsbasierte Techniken (*in situ*-Hybridisierung

und Immunhistochemie) werden überregional angeboten. Einsendungen kommen aus dem gesamten Bundesgebiet mit Schwerpunkt auf BoDV-1-endemische Regionen (Bayern, Baden-Württemberg, Thüringen, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Brandenburg). Zusätzlich werden regelmäßig Einsendungen aus der Schweiz und Österreich, ebenfalls Endemiegebiete, bearbeitet. Es zeigen sich sehr hohe Spezifitäten und, je nach Untersuchungsmaterial, etwas niedrigere Sensitivitäten der Testsysteme für beide bekannten zoonotischen Bornaviren. Die Tests wurden im Rahmen der Reakkreditierung nach DIN ISO 15189 im Jahr 2025 als qualitativ hochwertig bestätigt.

Humane BoDV-1-Infektionen sind sehr selten, pro Jahr werden 0–7 neue Fälle diagnostiziert, mit einer anzunehmenden deutlichen Untererfassung. Fälle sind bisher nur aus Deutschland bekannt, ein signifikanter Anteil der knapp 55 bekannten Fälle wurde retrospektiv aus archivierten Materialien diagnostiziert. Bisher zeigen sich isolierte Einzelfälle und lokal-geografische Häufungen bzw. Cluster an menschlichen Infektionen mit Schwerpunkten in Bayern und im westlichen Brandenburg, jedoch keine Ausbruchssituationen mit mehr als zwei Infizierten. Als einziger Risikofaktor konnte bisher nur



In situ-Hybridisierung von BoDV-1-RNA im Nervengewebe (rote Färbung = infizierte Zelle).

die Wohnlage im Endemiegebiet, oft am Ortsrand oder inmitten von Feldern, im Rahmen einer Fall-Kontrollstudie mit einer *odds ratio* von 11 eruiert werden.

Bei der humanen Bornavirus-Infektion sind viele Aspekte noch unklar. So sind weder das Transmissionsereignis oder die Eintrittspforte der Erreger, noch etwaige kurative Therapiemöglichkeiten oder gezielte Vorsichtsmaßnahmen geklärt bzw. etabliert. Neben den laborbasierten diagnostischen Verfahren standen daher die vergangenen Jahre ganz im Zeichen der systematischen Analyse der klinischen Symptomatik und dem Ausbau und zeitnahen Einsatz von Diagnostik sowie der Etablierung eines externen *Drug Monitorings* antiviraler Substanzen, um eine Grundlage für Behandlungsversuche zu erschaffen. Hierbei zeigte sich, dass orales Favipiravir in das zentrale Nervensystem gelangt, die Dosis jedoch kontinuierlich überwacht und ggfs. deutlich gesteigert werden muss. Zusätzlich

zur antiviralen Therapie ist vermutlich eine Immunsuppression nötig, da zoonotische Bornaviren nicht zytolytisch sind, und überschießende Immunreaktionen in der Pathogenese eine Rolle spielen. Grundsätzlich entsteht der Verdacht auf eine Infektion jedoch zu spät: Patientinnen und Patienten sind bereits schwerstkrank, bevor Diagnostik und in Abhängigkeit davon Therapieversuche eingeleitet werden können.

Die Frage nach einer möglichen Impfpräventabilität ist aufgrund der Schwere der Infektion und eingeschränkter Therapiemöglichkeiten offensichtlich. Die komplexen immunologischen Mechanismen von BoDV-1 erschweren jedoch eine etwaige Impfstoffentwicklung. Zudem erscheint eine gezielte Impfung vor oder nach einer Exposition unrealistisch, da die genauen Expositionsereignisse weiterhin unbekannt sind. Daher konzentrieren sich Präventionsansätze weiterhin bisher auf Aufklärungskampagnen und Risikofaktoranalysen.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Is vaccination a feasible public health strategy against fatal Borna disease virus 1 (BoDV-1) encephalitis? An epidemiological perspective. Pörtner K, Frank C, Wilking H, Stark K, Herden C, Beer M, Rubbenstroth D, Tappe D. *PLoS Pathog.* 2025 Oct 13;21(10):e1013571.
- ▶ First therapeutic drug monitoring of experimental favipiravir in Borna disease virus 1 (BoDV-1) encephalitis patients reveals significant gaps in antiviral treatment: a pilot investigation. Paal M, Habler K, Ewert A, Vogeser M, Grosse L, Liefertüchter V, Tauber SC, Schiefer J, Allartz P, Tappe D, Pörtner K. *Eur J Med Res.* 2025 Oct 4;30(1):928.
- ▶ Highly specific serological diagnosis of Borna disease virus 1 (BoDV-1) and variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1) encephalitis by novel antibody isotype assay with multiple viral antigens. Schlegel M, Allartz P, Wenzel A, Faupel T, Loester K, Tappe D. *J Clin Virol.* 2025 Jun;178:105803.
- ▶ Clinical analysis of bornavirus encephalitis cases demonstrates a small time window for etiological diagnostics and treatment attempts, a large case series from Germany 1996-2022. Pörtner K, Wilking H, Frank C, Stark K, Wunderlich S, Tappe D. *Infection.* 2025 Feb;53(1):155-164.
- ▶ Risk factors for Borna disease virus 1 encephalitis in Germany - a case-control study. Pörtner K, Wilking H, Frank C, Böhmer MM, Stark K, Tappe D. *Emerg Microbes Infect.* 2023 Dec;12(1):e2174778.

Konsiliarlabor für Tollwut

KONTAKTDATEN

- ▶ **Leitung**
Dr. Conrad Freuling
- ▶ **Institut**
Friedrich-Loeffler-Institut
- ▶ **Adresse**
Südufer 10, 17489 Greifswald – Insel Riems
- ▶ **E-Mail**
Conrad.Freuling@fli.de
- ▶ **Telefon**
+49 383517 1660/1659

Tollwut zählt trotz verfügbarer Präventionsmaßnahmen weiterhin zu den tödlichsten Infektionskrankheiten weltweit. Insbesondere das klassische Rabiesvirus (RABV) verursacht jährlich noch immer etwa 60.000 humane Todesfälle, vor allem in Asien und Afrika. In Deutschland gilt die terrestrische Tollwut als eliminiert. Dennoch besteht weiterhin ein relevantes Risiko – insbesondere nach Auslandsaufenthalten mit Tierkontakten in Endemiegebieten oder durch den Kontakt mit Fledermäusen, die das natürliche Reservoir für die meisten Lyssaviren darstellen.

Da die Erkrankung nach Symptombeginn nahezu immer tödlich verläuft, besteht ein hoher Bedarf an fachkundiger Beratung zur Impfprophylaxe und spezialisierter Diagnostik. Seit dem 1. Januar 2026 übernimmt das Friedrich-Loeffler-Institut die Aufgaben des Konsiliarlabors für Tollwutdiagnostik in der Humanmedizin. Durch die Einbindung des Instituts als WHO-Kooperationszentrum sowie als Referenzlabor der Weltorganisation für Tiergesundheit (WOAH) und der Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen (FAO) wird der One-Health-Ansatz konsequent umgesetzt. Die enge Verzahnung von Human- und Veterinärmedizin ermöglicht eine umfassende Bewertung epidemiologischer Entwicklungen sowie hochwertige Diagnostik und unterstützt eine evidenzbasierte Risikoeinschätzung.

Das Leistungsspektrum des Konsiliarlabors umfasst die Durchführung spezialisierter Labordiagnostik zum Nachweis von Lyssavirusinfektionen beim Menschen unter hohen Qualitätsstandards (ISO-Akkreditierung). Hierzu zählen molekularbiologische Verfahren wie Pan-Lyssa- und Lyssavirus-spezies-spezifische RT-qPCRs, immunfluoreszenzbasierte Nachweismethoden, die Virusisolierung in Zellkultur sowie weiterführende Sequenzanalysen zur Typisierung und phylogenetischen Einordnung von Viren. Ergänzend stehen moderne bildgebende Verfahren einschließlich der konfokalen Laserscanning-Mikroskopie zur Verfügung. Diese Methoden ermöglichen eine hochsensitive Diagnostik sowie weiterführende Untersuchungen zur Pathogenese und Viruscharakterisierung.

Neben der analytischen Diagnostik versteht sich das Konsiliarlabor insbesondere als Beratungs- und Kompetenzzentrum für medizinische Einrichtungen, diagnostische Laboratorien und Gesundheitsbehörden. Es unterstützt bei der klinischen Ein-

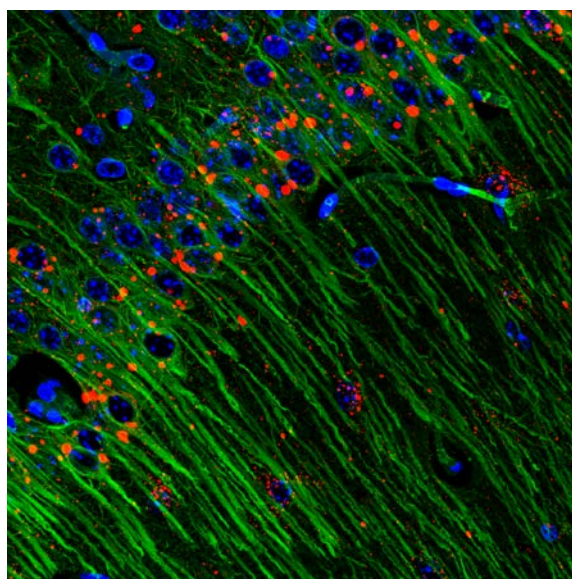


Abbildung | Immunfluoreszenzdetektion von Tollwutvirus im infizierten Gehirn mittels konfokaler Laserscanningmikroskopie.

Rot: Rabiesvirus-(RABV-)Nukleoprotein; Blau: Zellkerne; Grün: Neurofilamente. Aufnahme: Stefan Finke.

schätzung von Verdachtsfällen, der Auswahl geeigneter Untersuchungsmaterialien sowie bei Fragen zur Arbeitssicherheit und zum Infektionsschutz. Gesundheitsämter und andere Behörden werden bei der Interpretation diagnostischer Befunde, der Risikokommunikation und der Planung notwendiger Maßnahmen beraten.

Ein besonderer Schwerpunkt liegt auf der Bewertung epidemiologischer Entwicklungen auf Grund-

lage internationaler Surveillancedaten. Über das *Rabies Bulletin Europe* stehen aktuelle und belastbare Daten zur Verbreitung verschiedener Lyssaviren in Europa zur Verfügung, die eine fundierte Risikobewertung und evidenzbasierte Handlungsempfehlungen ermöglichen. Darüber hinaus engagiert sich das Konsiliarlabor in Forschung, Qualitätssicherung sowie der internationalen Vernetzung im Bereich der Tollwutdiagnostik und -bekämpfung.

Ausgewählte Publikationen

- ▶ Hurmuzache M, Gradinaru MA, Bărbuceanu F, Moțiu R, Popescu R, Lutic A, *et al.* Death in the EU/EEA from autochthonous human rabies, Romania, July 2025: a call for action. *Euro Surveill.* 2025;30. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2025.30.43.2500794>. PMID: 41170571.
- ▶ Fooks AR, Cliquet F, Finke S, Freuling C, Hemachudha T, Mani RS, *et al.* Rabies. *Nat. Rev. Dis. Primers.* 2017;3:17091. <https://doi.org/10.1038/nrdp.2017.91>.
- ▶ Müller FT, Freuling CM. Rabies control in Europe: an overview of past, current and future strategies. *Rev. Sci. Tech.* 2018;37:409–419. <https://doi.org/10.20506/rst.37.2.2811>. PMID: 30747138.
- ▶ Kling K, Külper-Schick W, Boeckel G, Burchard G, Feldt T, Freuling C, *et al.* Empfehlungen der Ständigen Impfkommission (STIKO) und der Deutschen Gesellschaft für Tropenmedizin, Reisemedizin und Globale Gesundheit e. V. (DTG) zu Reiseimpfungen. *Epid Bull* 2025;14:1–212.
- ▶ Reinhardt F, Wendt S, Pfeffer M, Freuling C, Müller T, Lübbert C. Rabies in Europe: Epidemiology, Clinical Management, and Prevention. *Dtsch Arztebl Int.* 2026. <https://doi.org/10.3238/arztebl.m2025.0220>. PMID: 41400432.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

33. Woche 2026 (Datenstand: 19. August 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
	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.
Baden-Württemberg	61	2.887	2.524	25	633	663	12	334	246	23	3.424	4.816	9	1.307	1.782
Bayern	137	4.777	4.053	28	978	1.011	14	399	355	50	5.890	7.327	35	2.361	3.425
Berlin	34	1.507	1.355	4	250	220	2	159	166	9	3.379	2.383	3	1.324	1.475
Brandenburg	45	1.242	1.080	12	181	177	1	105	112	11	3.375	2.705	8	1.792	2.190
Bremen	11	281	238	4	30	25	1	29	35	6	478	382	5	288	146
Hamburg	12	764	758	1	84	115	3	106	102	0	1.744	1.336	1	551	738
Hessen	69	2.307	2.025	21	423	479	19	341	321	21	3.132	3.952	9	1.430	1.747
Mecklenburg-Vorpommern	34	1.127	810	4	130	127	3	116	131	0	1.900	1.764	5	864	1.297
Niedersachsen	81	2.943	2.493	20	480	473	10	545	510	30	4.178	5.192	37	1.753	3.675
Nordrhein-Westfalen	242	8.514	7.100	41	1.081	1.082	29	765	776	72	8.597	13.317	39	3.395	5.473
Rheinland-Pfalz	91	1.885	1.824	20	344	352	11	214	162	23	2.159	3.530	10	803	1.835
Saarland	25	507	534	4	58	77	3	74	54	5	523	860	1	119	755
Sachsen	133	2.549	2.136	15	325	369	10	213	186	70	4.580	5.443	27	2.934	2.562
Sachsen-Anhalt	88	1.166	927	7	226	223	4	117	96	44	2.608	2.944	10	898	2.028
Schleswig-Holstein	35	1.258	954	8	133	140	9	198	162	8	2.342	1.708	12	786	751
Thüringen	65	1.319	947	11	415	374	5	148	121	18	2.449	2.798	17	1.201	1.744
Deutschland	1.163	35.033	29.758	225	5.771	5.907	136	3.863	3.535	390	50.758	60.457	228	21.806	31.623

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.
Baden-Württemberg	2	67	78	29	1.208	1.374	27	593	744	7	287	359	14	21.357	33.272
Bayern	1	70	109	28	1.623	2.190	19	814	983	8	345	367	15	31.304	71.829
Berlin	1	24	37	15	527	907	8	312	336	7	202	199	5	7.918	15.413
Brandenburg	0	20	25	6	138	191	0	72	108	3	77	61	1	11.236	18.141
Bremen	0	4	7	6	135	203	3	44	68	2	44	48	0	993	1.190
Hamburg	0	9	23	7	373	805	4	140	167	0	94	146	2	4.565	9.910
Hessen	3	42	57	24	575	823	10	369	367	5	263	291	11	10.901	20.795
Mecklenburg-Vorpommern	0	18	12	1	95	92	5	51	61	1	40	34	3	11.743	13.276
Niedersachsen	2	63	73	17	869	1.166	7	389	474	3	205	184	12	14.835	28.486
Nordrhein-Westfalen	2	120	125	44	1.965	2.792	26	963	1.253	10	526	580	23	34.216	64.017
Rheinland-Pfalz	2	17	33	21	497	677	9	218	236	4	121	152	5	9.181	16.820
Saarland	0	8	10	1	102	157	0	83	100	0	22	32	0	1.891	3.211
Sachsen	1	22	32	10	221	250	4	154	143	3	72	103	8	21.793	43.138
Sachsen-Anhalt	1	11	10	6	157	242	1	72	83	1	55	56	6	11.320	26.011
Schleswig-Holstein	0	17	16	7	202	353	2	147	204	2	60	60	3	6.714	10.636
Thüringen	2	17	18	3	99	126	1	52	81	1	60	51	4	10.822	17.786
Deutschland	17	529	665	225	8.786	12.348	126	4.473	5.408	57	2.473	2.723	112	210.789	393.931

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.
Baden-Württemberg	1	9	18	1	15	13	0	0	0	41	1.015	569	21	2.031	2.284
Bayern	0	6	40	0	15	46	0	1	0	107	3.178	882	39	3.304	4.165
Berlin	0	2	12	1	9	11	0	0	0	1	158	144	5	644	751
Brandenburg	0	1	4	0	2	9	0	0	0	0	191	241	7	349	481
Bremen	0	0	1	0	0	2	0	0	0	0	8	19	8	87	94
Hamburg	0	2	3	2	6	4	0	0	0	1	180	105	4	303	513
Hessen	0	12	19	0	14	18	0	1	1	6	385	297	17	616	608
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	1	0	0	0	0	0	0	8	228	128	1	118	168
Niedersachsen	0	13	16	0	14	23	0	0	0	2	230	295	21	989	897
Nordrhein-Westfalen	0	13	42	0	36	71	0	0	1	10	972	700	49	2.832	2.618
Rheinland-Pfalz	1	6	10	1	7	12	0	0	0	3	489	253	4	448	559
Saarland	0	0	1	0	2	1	0	0	0	0	52	113	3	125	88
Sachsen	0	0	11	0	7	13	0	0	0	39	903	480	8	1.151	1.378
Sachsen-Anhalt	0	0	3	0	3	1	0	0	0	13	433	491	4	115	137
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	7	5	0	0	0	4	97	98	7	436	379
Thüringen	0	0	1	0	3	2	0	0	0	4	427	430	2	376	264
Deutschland	2	64	182	5	140	231	0	2	2	239	8.946	5.245	200	13.924	15.384

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

	<i>Acinetobacter</i> ¹			Enterobacterales ¹			<i>Clostridioides difficile</i> ²			MRSA ³			COVID-19 ⁴		
	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025	2026		2025
	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.	33.	1.–33.	1.–33.
Baden-Württemberg	3	70	60	17	787	792	3	67	65	2	71	68	11	2.931	3.793
Bayern	1	74	64	15	630	776	4	150	178	2	80	89	18	4.979	6.395
Berlin	2	52	46	15	377	475	1	21	32	0	47	40	3	1.409	2.358
Brandenburg	0	11	5	7	184	123	0	64	69	0	16	22	5	1.727	1.593
Bremen	0	1	3	0	31	20	0	7	11	0	5	13	0	126	212
Hamburg	0	16	15	6	249	289	2	23	26	1	30	36	5	512	1.224
Hessen	0	36	41	20	717	772	2	81	69	2	62	66	10	1.826	2.898
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	6	2	93	76	1	32	36	0	12	16	1	1.125	1.260
Niedersachsen	2	36	24	15	534	500	5	91	114	2	76	86	3	2.005	2.756
Nordrhein-Westfalen	2	124	121	34	1.296	1.628	8	295	441	2	212	200	17	4.897	8.238
Rheinland-Pfalz	3	25	13	7	216	306	3	51	70	0	24	27	4	1.542	1.951
Saarland	0	5	7	2	32	44	0	7	19	0	15	6	0	499	593
Sachsen	1	20	9	3	209	212	3	167	219	2	42	40	11	2.673	3.214
Sachsen-Anhalt	0	22	6	6	152	124	3	76	53	0	32	30	6	1.284	1.664
Schleswig-Holstein	1	28	18	10	159	161	0	41	33	1	16	16	5	1.248	1.620
Thüringen	0	5	8	2	103	115	1	34	31	0	32	23	4	1.239	1.009
Deutschland	15	525	446	161	5.769	6.413	36	1.207	1.466	14	772	778	103	30.022	40.778

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

2 *Clostridioides-difficile*-Erkrankung, schwere Verlaufsform

3 Methicillin-resistenter *Staphylococcus aureus*, invasive Infektion

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

Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2026		2025
	33.	1.–33.	1.–33.
Adenovirus-Konjunktivitis	0	149	234
Bornavirus-Erkrankung	0	7	2
Botulismus	0	4	5
Brucellose	1	26	39
Candidozyma auris, invasive Infektion	0	11	9
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	195	112
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	74	101
Denguefieber	5	430	624
Diphtherie	0	27	33
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	10	460	518
Giardiasis	30	1.527	1.834
Haemophilus influenzae, invasive Infektion	20	886	1.106
Hantavirus-Erkrankung	5	176	196
Hepatitis D	0	47	52
Hepatitis E	71	3.707	3.520
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	2	58	54
Kryptosporidiose	59	1.341	1.386
Legionellose	45	1.184	1.352
Lepra	0	1	1
Leptospirose	6	109	113
Listeriose	15	391	409
Malaria	26	603	546
Meningokokken, invasive Infektion	1	157	227
Mpox	15	339	378
Nicht-Cholera-Vibrionen-Erkrankung	11	67	53
Ornithose	0	16	15
Paratyphus	0	17	15
Pneumokokken, invasive Infektion	79	6.640	7.771
Q-Fieber	0	51	65
RSV-Infektion (Respiratorisches Synzytial-Virus)	9	66.855	65.276
Shigellose	53	1.866	1.553
Trichinellose	0	0	2
Tularämie	4	120	106
Typhus abdominalis	0	34	51
West-Nil-Fieber*	1	6	5
Yersiniose	32	2.757	2.511
Zikavirus-Erkrankung	0	9	13

In der wöchentlich veröffentlichten aktuellen Statistik werden die gemäß IfSG an das RKI übermittelten Daten zu meldepflichtigen Infektionskrankheiten veröffentlicht. Es werden nur Fälle dargestellt, die in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen sind, dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden und die Referenzdefinition erfüllen (s. www.rki.de/falldefinitionen).

* reiseassoziierte und autochthone WNV-Fälle

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