



Epidemiologisches Bulletin

12. April 2018 / Nr. 15

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Hantavirus-Infektionen in Deutschland – ein Rückblick auf das Ausbruchsjahr 2017

Neues aus dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren

Im Jahr 2017 hat das Robert Koch-Institut (RKI) 1.713 Fälle von Hantavirus-Infektionen in Deutschland registriert (Stand: Februar 2018). Damit lag die Fallzahl um ein Mehrfaches über den jährlichen Durchschnittszahlen seit Einführung der Meldepflicht im Jahr 2001. Lediglich in den Jahren 2007 (1.687 Fälle), 2010 (2.016 Fälle) und 2012 (2.825 Fälle) gab es ähnlich hohe oder noch höhere Fallzahlen. (<https://survstat.rki.de>).

Hantavirus-Infektionen sind Zoonosen.¹ Die Viren werden von infizierten kleinen Säugetieren auf den Menschen übertragen. Bei infizierten Säugetieren (z. B. Mäusen) können im Speichel, Urin und Kot Hantaviren nachgewiesen werden bzw. darin mehrere Tage, auch in getrocknetem Zustand, infektiös bleiben. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt durch die Inhalation virus-haltiger Aerosole (z. B. aufgewirbelter Staub), oder (selten) durch Bisse infizierter Labortiere. Auch eine Übertragung durch Lebensmittel, die mit Ausscheidungen infizierter Nagetiere kontaminiert wurden, wird als möglich erachtet.

Ein großer Teil der Hantavirus-Infektionen verläuft asymptomatisch bzw. mit unspezifischen Symptomen, so dass häufig keine diagnostische Abklärung veranlasst wird. Bei erkrankten Personen sind die initialen klinischen Leitsymptome plötzlich auftretendes, hohes Fieber sowie massiver Kopf-, Bauch- und Flankenschmerz, gastrointestinale Beschwerden, oft auch Sehstörungen. Nach einer hypotensiven Phase kann es zum Organversagen kommen, insbesondere der Niere oder (vor allem bei Infektion durch in Amerika zirkulierenden Hantaviren) der Lunge. In dieser Phase können Hämodialyse und/oder extrakorporale Oxygenierung lebensrettend sein. Die Schwere des klinischen Bildes hängt wesentlich vom Typ des Hantavirus ab (s. nachfolgend), durch das die Infektion erfolgt² (www.rki.de/ratgeber > Hantaviren).

Für die Auslösung von Hantavirus-Infektionen sind in Deutschland zwei Hantavirus-Typen verantwortlich: das Puumalavirus und das Dobrava-Belgrad-Virus (Genotyp Kurkino). Während die Fallzahlen durch Kurkinovirus-Infektionen über die Jahre auf gleichem Niveau nachweisbar bleiben, sind Infektionen mit dem Puumalavirus für die massive Fallzahlerhöhung in den Ausbruchsjahren verantwortlich (s. unten).

Warum kommt es in bestimmten Jahren zu einem deutlichen Ansteigen der Hantavirus-Infektionen? „Ausbruchsjahre“ des Hantavirus sind solche, in denen in bestimmten Gebieten Deutschlands eine hohe Dichte an infizierten Rötelmäusen vorliegt und somit die Übertragungswahrscheinlichkeit auf den Menschen steigt. Die Voraussetzungen dafür werden u. a. witterungsabhängig schon im jeweiligen Vorjahr geschaffen: Bei guter Fruktifikation der Bäume gibt es eine gute Ernährungs- und Vermehrungsgrundlage für Nagetiere

Diese Woche 15/2018

Hantavirus-Infektionen in Deutschland – ein Rückblick auf das Ausbruchsjahr 2017

Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten
12. Woche 2018

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 14. KW 2018



(„Buchenmast“). Die Witterungsbedingungen des nachfolgenden Winters haben zudem einen Einfluss darauf, wie viele paarungsfähige Tiere überleben und das folgende Jahr („Ausbruchsjahr“) erreichen. Diese Zusammenhänge machen auch verständlich, warum der Laubwald-Anteil in einem geografischen Gebiet einen Einfluss auf die Nahrungsverfügbarkeit für die Nager, die Nagerdichte und schließlich das Infektionsrisiko des Menschen hat.³

Molekularepidemiologie des Puumalavirus

Das **Puumalavirus** kann in der **Rötelmaus** (*Myodes glareolus*), die zu den Wühlmäusen gehört, nachgewiesen werden. Ausbruchgebiete mit humanen Krankheitsfällen sind der Westen und Süden Deutschlands einschließlich des Bayerischen Waldes. Im Norden und Osten des Landes treten dagegen Puumalavirus-Infektionen in der Regel nicht auf. Dies ist offensichtlich dadurch bedingt, dass hier andere genetische (östliche und karpatische) Linien der Rötelmaus existieren, welche kein Puumalavirus beherbergen. Im Gegensatz dazu ist die sogenannte westliche genetische Linie der Rötelmaus, die im Westen und Süden des Landes lebt, mit dem Puumalavirus infiziert und stellt somit eine Infektionsquelle für Menschen dar.⁴

Molekularepidemiologische Untersuchungen der viralen Nukleinsäure-Sequenzen, die in den verschiedenen Ausbruchgebieten im Westen und Süden Deutschlands aus Patienten und Rötelmäusen amplifiziert und charakterisiert wurden, zeigen eine hohe Übereinstimmung aller Sequenzen innerhalb eines bestimmten geografischen Gebietes und eine klare molekulare Abgrenzbarkeit zu Viren aus den anderen Regionen. Die Puumalavirus-Genome bilden also verschiedene molekularphylogenetische Cluster entsprechend der Haupt-Ausbruchgebiete Bayerischer Wald, Schwäbische Alb, Spessart, Nordost-Hessen, Teutoburger Wald und Münsterland. Innerhalb eines Ausbruchgebietes lassen sich die Virusstämme weiter differenzieren, so dass am Ende der Infektionsort eines Menschen an Hand des Vergleiches der molekulargenetischen Signatur seines Virus mit denen der lokalen Rötelmäuse relativ genau definierbar ist.⁵

Molekularepidemiologie des Dobrava-Belgrad-Virus, Genotyp Kurkino

Hantavirus-Erkrankungen durch Infektionen mit dem Dobrava-Belgrad-Virus kommen im Norden und Osten Deutschlands vor, die Fallzahlen sind jedoch deutlich geringer verglichen mit Puumalavirus-Infektionen. Nach bisherigen Erkenntnissen kommt es auch nicht zu ausgesprochenen „Ausbruchsjahren“; die Zahl der registrierten Fälle in den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern, Berlin, Brandenburg, Schleswig-Holstein, Hamburg, Bremen sowie den nördlichen Landkreisen von Niedersachsen ist über die Jahre weitgehend konstant (<https://survstat.rki.de>). Die wenigen registrierten Fälle aus anderen Regionen Deutschlands sind sehr wahrscheinlich durch vorangegangene Aufenthalte in den genannten Bundesländern bedingt; in mehreren Fällen konnte dies durch Befragung der Patienten (von Gesundheitsämtern oder dem Konsiliarlabor) bestätigt werden.

Die taxonomische Spezies **Dobrava-Belgrad-Virus** umfasst 3 humanpathogene Genotypen, die von verschiedenen Mäuse-reservoirs (die alle dem Genus *Apodemus* angehören) beherbergt werden und eine unterschiedliche Humanvirulenz aufweisen.⁶ In Zentraleuropa tritt der **Genotyp Kurkino** auf, der mit der **Brandmaus** (*Apodemus agrarius*) assoziiert ist. Humane Infektionen mit dem Kurkinovirus verlaufen überwiegend mild bis moderat, und damit klinisch ähnlich wie die durch Puumalavirus.⁷ Die Brandmaus kommt in Asien und Osteuropa vor, in Mitteleuropa bildet Nordost-Deutschland ihr westlichstes Ausbreitungsgebiet. Dies erklärt, warum Kurkinovirus-Infektionen bisher im Süden und Westen Deutschlands nicht auftreten.

Es scheint, dass die Patienten mit Kurkinovirus-Infektion eine sehr kurze Virämie haben und dass der Virustiter im Blut nur gering ist. (Bei Infektionen mit den Dobrava-Belgrad-Genotypen Dobrava und Sochi werden dagegen Virämien von bis zu 40 Tagen und Viruslasten bis zu 1 Million Kopien/ml berichtet.) In vielen Fällen sind Patienten mit einer Kurkinovirus-Infektion zum Zeitpunkt der Hospitalisierung bereits wieder avirämisch. Dennoch gelang es bei einigen der Patienten, virale Nukleinsäure zu amplifizieren und zu charakterisieren. Wie im Falle des Puumalavirus gibt es eine sehr enge genetische Verwandtschaft zwischen Kurkinoviren von lokalen Brandmäusen auf der einen Seite und im jeweiligen geografischen Gebiet infizierten Patienten auf der anderen Seite sowie eine molekulare Unterscheidbarkeit zu Kurkinovirus-Nukleotidsequenzen aus weiter entfernten Orten. Dies spricht wie im Falle der Puumalavirus-Epidemiologie für eine räumliche Divergenz der Nukleotidsequenzen.⁷

Weitere und neu entdeckte Hantaviren in Deutschland

Neben dem Puumalavirus und dem Dobrava-Belgrad-Virus (Genotyp Kurkino) ist in Deutschland das **Tulavirus** verbreitet, das von der **Feldmaus** (*Microtus arvalis*) beherbergt wird. Es gibt in Deutschland und Europa vereinzelte Beschreibungen von Hantavirus-Erkrankungen nach Infektion mit dem Tulavirus, aber insgesamt wird das Virus bisher eher als apathogen und humanmedizinisch nicht relevant eingeschätzt.

In den letzten Jahren wurde das Dogma, dass Nagetiere die üblichen Wirte für Hantaviren seien, aufgebrochen. Inzwischen sind neue phylogenetische Gruppen von Hantaviren entdeckt worden, die mit Spitzmäusen (dies sind keine Nagetiere, sondern Insektenfresser), Maulwürfen und Fledermäusen assoziiert sind. Etliche der in Europa vorkommenden „Nicht-Nager-Hantaviren“ wurden auch in Deutschland detektiert.³ Das Seewisvirus wurde in der Waldspitzmaus an verschiedenen Orten in Deutschland nachgewiesen. In der Zwergspitzmaus kommt das Asikkalavirus vor, das an einem Fangort in Sachsen gefunden wurde. In Brandenburg wurde das Brugesvirus (Wirt: Europäischer Maulwurf) nachgewiesen. Es ist davon auszugehen, dass auch Fledermaus-assoziierte Hantaviren in Deutschland vorkommen. So wurde kürzlich in der

benachbarten Tschechischen Republik im Großen Abendsegler ein Fledermaus-assoziiertes Hantavirus identifiziert. Es ist bisher nicht bekannt, inwiefern die mit Insektenfressern (Spitzmaus, Maulwurf) und Fledermäusen assoziierten Hantavirus-Typen humane Infektionen und Erkrankungen verursachen können. In Afrika haben wir erste Ergebnisse zu humanen Infektionen durch Spitzmaus-assoziierte Hantaviren erhoben, die auf spezifischen serologischen Untersuchungen basieren.⁸ Der klare Beweis einer Humanpathogenität solcher Viren durch Nachweis entsprechender Virusgenome im Patienten steht aber noch aus.

Diagnostik von Hantavirus-Infektionen

Die Basisdiagnostik wird mit serologischen Methoden zum Nachweis von IgG- und IgM-Antikörpern durchgeführt. Zahlreiche Enzymimmunoassay-(EIA-), Immunfluoreszenztest-(IFT-) und Blot-Assays sind kommerziell verfügbar. INSTAND e.V. bietet seit 2009 zweimal jährlich Ringversuche zur Qualitätssicherung der Hantavirus-Serologie an. Eine detaillierte Auswertung der erhobenen Daten zeigt, dass die Diagnostik und die Interpretation der Ergebnisse in den letzten Jahren zuverlässiger geworden sind.⁹ Molekular-diagnostische Testungen sind in der Regel nicht notwendig, sollten aber insbesondere bei hoch positiven oder isolierten IgM-Befunden die Frage nach einer ganz frischen Hantavirus-Infektion beantworten und dienen zur molekularen Virustypisierung. Für diese Untersuchungen wird das konservierte Polymerasegen (L-Segment) als Target genutzt.¹⁰

Etwas kontrovers wird der Wert von serologischen Hantavirus-Schnelltesten diskutiert. Wie für viele andere Schnellteste gilt auch hier, dass eine eindeutig positive Reaktion bei einem Patienten mit entsprechender Symptomatik innerhalb eines Ausbruchsgeschehens einen hohen positiv-prädiktiven Wert aufweist. In der Klinik hingegen gibt es offenbar ein weiteres Argument für die Durchführung solcher Tests. Bei einem akuten thrombozytopenischen Nierenversagen sind die wichtigsten Differentialdiagnosen eine progressive Glomerulonephritis (z. B. Lupus-Nephritis), eine thrombotische Mikroangiopathie (z. B. hämolytisch-urämisches Syndrom) oder systemische Infektionen (z. B. Leptospirose oder Hantavirus-Infektion). In Endemiegebieten kann ein positiver Hantavirus-Schnelltest innerhalb von wenigen Minuten die Diagnose einer frischen Hantavirus-Infektion anzeigen, so dass den Patienten bei entsprechender Befundkonstellation eine Nierenpunktion mit den entsprechenden Risiken erspart werden kann. Obwohl zu erwartende Kreuzreaktionen zwischen verschiedenen Hantaviren klinisch keine Relevanz haben, sollte dennoch eine serologische und ggf. molekulare Bestätigungsuntersuchung in jedem Fall durchgeführt werden.

Einschleppung von Hantavirus-Infektionen nach Deutschland

Neben den Patienten mit Hantavirus-Infektionen durch einheimische Viren sehen wir auch immer wieder importierte Infektionen aus Gegenden, in denen andere Reservoirwirte und Hantaviren vorkommen. Da die entsprechen-

den Antikörper mit den Antigenen einheimischer Viren kreuzreagieren können, ist eine wirklich sichere Diagnose (Typisierung) solcher Infektionen nur durch Amplifikation und Sequenzanalyse viraler Genomabschnitte im akuten Stadium der Erkrankung möglich.

Ein 2014 beobachteter Fall betraf die Infektion einer 20-jährigen russischen Frau mit dem Sochi-Virus (dies ist ein Genotyp des Dobrava-Belgrad-Virus, der von der Schwarzmeereswaldmaus, *Apodemus ponticus*, beherbergt wird und beim Menschen zu schweren klinischen Verläufen mit hoher Letalität führt)¹¹. Die Patientin hatte sich im südlichen europäischen Russland (Gebiet Krasnodar am Schwarzen Meer) infiziert und wurde in Deutschland diagnostiziert und behandelt. Der klinische Verlauf war ausgesprochen schwer, die Patientin benötigte wegen ihrer progressiven respiratorischen Insuffizienz eine Intensivtherapie. Infolge des akuten Nierenversagens musste sie sechsmal hämodialysiert werden.¹²

Der zweite Fall betraf eine Erkrankung durch das Seoul-Virus. Dieses Hantavirus ist mit Ratten (*Rattus rattus*, *Rattus norvegicus*) assoziiert und kommt vor allem in Asien vor. Es wird postuliert, dass Ratten an Bord von Schiffen zur weltweiten Ausbreitung des Virus und damit zu menschlichen Infektionen beitragen. Wir haben 2017 den ersten Fall einer Seoulvirus-Infektion bei einem 70-jährigen Deutschen anhand molekularbiologischer Diagnostik nachgewiesen (mit serologischen Methoden war keine Abgrenzung des verursachenden Erregers gegenüber verwandten Hantaviren möglich). Der Erkrankte hatte sich mit hoher Wahrscheinlichkeit während seines Urlaubs in Indonesien infiziert. Die Erkrankung verlief, wie für Seoulvirus-Infektionen typisch, initial mit Fieber, schweren gastrointestinalen Beschwerden und Zeichen einer Leberbeteiligung. Die Nierenfunktionsstörung war eher leicht und es wurde keine Hämodialyse notwendig. Auffällig war ein protrahierter klinischer Verlauf über insgesamt sechs Wochen.¹³

Neues zur Übertragungsweise des Virus

Üblicherweise geht man davon aus, dass Hantaviren vom Reservoirtier auf den Menschen aerogen übertragen werden, also über virushaltige Aerosole (s. Einleitung). Deshalb bildet in den überwiegenden Fällen die menschliche Lunge die Eintrittspforte für das Virus. Ausschließlich im Falle des Andesvirus (Südamerika) sind in Einzelfällen Mensch-zu-Mensch-Übertragungen postuliert worden, außerdem sind Bisse durch infizierte Tiere als Infektionsursache bekannt.

Kürzlich konnten wir am Beispiel des Puumalavirus zeigen, dass Hantaviren im menschlichen Magensaft überleben, sich in menschlichen Darmepithel-Zellen vermehren und entsprechende Zellverbände durchdringen können, sowie Versuchstiere nach gastraler Einbringung des Virus infiziert werden.¹⁴ Wenn es sich bestätigt, dass neben der Lunge auch der Darm als Eintrittspforte dient, also die Infektion des Menschen auch durch Verschlucken des Virus erfolgen kann, hätte dies weitreichende Auswirkungen auf die Empfehlungen zur Infektionsprophylaxe.

Neues zu Hantavirus-Infektionen bei Kindern

In Deutschland sind weniger als 2% der Patienten mit Hantavirus-Erkrankung im Kindesalter. Kinder sind also im Patientenkollektiv deutlich unterrepräsentiert (www.rki.de/jahrbuch). Dies ist auch in Russland der Fall, wo – wie in Deutschland – Infektionen mit dem Puumalavirus die epidemiologische Situation dominieren (<http://rosпотребнадзор.ru/activities/statistical-materials>). Außerdem ist bekannt, dass in Puumalavirus-endemischen Regionen in den (wenigen) betroffenen Kindern eine Hantavirus-Erkrankung klinisch milder verläuft als bei Erwachsenen.

Auf der anderen Seite konnte gezeigt werden, dass Infektionen mit höher virulenten Hantaviren (wie dem Genotyp Sochi des Dobrava-Belgrad-Virus im südlichen europäischen Russland, dem Sin-Nombre-Virus in Nordamerika und dem Andesvirus in Südamerika) zu einem weitaus höheren Anteil von Kindern unter den Patienten führen, außerdem verlaufen die entsprechenden Hantavirus-Erkrankungen ähnlich schwer wie bei Erwachsenen. Es scheint also, dass die Betroffenheit von Kindern durch Hantavirus-Infektionen vom Grad der Virulenz der entsprechenden Hantaviren abhängt. Die Hantavirus-Infektion sollte also auch bei Kindern in Fällen von unklarem Fieber und Nieren-/Lungenfunktionsstörung differentialdiagnostisch in Betracht gezogen werden.¹⁵

Literatur

1. Kruger DH, Figueiredo LT, Song JW, Klempa B: Hantaviruses – globally emerging pathogens. *J Clin Virol* 2015;64:128–36
2. Kruger DH, Ulrich RG, Hofmann J: Hantaviruses as zoonotic pathogens in Germany. *Dtsch Arztebl Int* 2013;110(27–28):461–7
3. Reil D, Binder F, Freise J, et al.: Hantaviren in Deutschland: Aktuelle Erkenntnisse zu Erreger, Reservoir, Verbreitung und Prognosemodellen. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr*, Manuskript in Revision
4. Drewes S, Ali HS, Sachsenhofer M, et al.: Host-associated absence of human Puumala virus infections in Northern and Eastern Germany. *Emerg Infect Dis* 2017;23(1):83–6
5. Ettinger J, Hofmann J, Enders M, et al.: Multiple synchronous outbreaks of Puumala virus, Germany, 2010. *Emerg Infect Dis* 2012;18(9):1461–4
6. Klempa B, Avsic-Zupanc T, Clement J, et al.: Complex evolution and epidemiology of Dobrava-Belgrade hantavirus: definition of genotypes and their characteristics. *Arch Virol* 2013;158(3):521–9
7. Hofmann J, Meier M, Enders M, et al.: Hantavirus disease in Germany due to infection with Dobrava-Belgrade virus genotype Kurkino. *Clin Microbiol Infect* 2014;20(10):O648–O655
8. Heinemann P, Tia M, Alabi A, et al.: Human infections by non-rodent-associated hantaviruses in Africa. *J Infect Dis* 2016;15;214(10):1507–11
9. Hofmann J, Grunert HP, Donoso-Mantke O, et al.: Does proficiency testing improve the quality of hantavirus serodiagnostics? Experiences with INSTAND EQA schemes. *Int J Med Microbiol* 2015;305(7):607–11
10. Klempa B, Fichet-Calvet E, Lecompte E, et al.: Hantavirus in African wood mouse, Guinea. *Emerg Infect Dis* 2006;12(5):838–40
11. Kruger DH, Tkachenko EA, Morozov VG, et al.: Life-threatening Sochi virus infections, Russia. *Emerg Infect Dis* 2015;21(12):2204–8
12. Krautkramer E, Nusschag C, Baumann A, et al.: Clinical characterization of two severe cases of hemorrhagic fever with renal syndrome (HFRS) caused by hantaviruses Puumala and Dobrava-Belgrade genotype Sochi. *BMC Infect Dis* 2016;14;16(1):675
13. Hofmann J, Weiss S, Kuhns M, et al.: Human Seoul virus infection in Indonesia imported to Germany. *Emerg Infect Dis* 2018;24(6):000–000 (in press)
14. Witkowski PT, Perley CC, Brocato RL, et al.: Gastrointestinal tract as entry route for hantavirus infection. *Front Microbiol* 2017;8:1721
15. Dzagurova TK, Tkachenko EA, Ishmukhametov AA, et al.: Severe hantavirus disease in children. *J Clin Virol* 2018;31;101:66–8

- *Prof. Jörg Hofmann | **Prof. Detlev H. Krüger | ***Dr. Martin Løyen
 *Institut für Virologie, Nationales Konsiliarlabor für Hantaviren, Charité
 **Klinik für Innere Medizin und Nephrologie/Dialyse, Herz-Jesu-Krankenhaus Münster-Hiltrup
 Korrespondenz: detlev.krueger@charite.de
 ■ Vorgeschlagene Zitierweise:
 Hofmann J, Krüger DH, Løyen M: Hantavirus-Infektionen in Deutschland – ein Rückblick auf das Ausbruchsjahr 2017.
Epid Bull 2018;15:143–146 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-018

Konsiliarlabor für Hantaviren

Institution: Institut für Virologie
 Charité – Universitätsmedizin Berlin
 Charitéplatz 1
 10117 Berlin

Leitung: Prof. Dr. Jörg Hofmann
Telefon: +49 (0)30 405 026–351
Fax: +49 (0)30 405 026–616
E-mail: joerg.hofmann@charite.de

Ansprechpartner: Prof. Dr. Detlev H. Krüger
Telefon: +49 (0)30 450 525–092
Fax: +49 (0)30 450 525–907
E-mail: detlev.krueger@charite.de

Ansprechpartner: Dr. Sabrina Weiß
Telefon: +49 (0)30 450 525–089
Fax: +49 (0)30 450 525–907
E-mail: sabrina.weiss@charite.de

Leistungsübersicht

- ▶ Antikörpernachweis bei Hantavirusinfektion einschließlich serologischer Bestätigungstests (IgM ELISA, IgG ELISA, IFT, Westernblot);
- ▶ Neutralisationstest zur Typisierung des Erregers (Serotypen Dobrava-Belgrad, Puumala, Hantaan; Seoul, Tula, SinNombre, Andes, Sangassou);
- ▶ Genomnachweis durch RT-PCR für Hantaviren allgemein (genuspezifisch) sowie für die einzelnen Virustypen (speziesspezifisch), Sequenzanalysen;
- ▶ Molekularepidemiologische Herkunftsanalyse von Ausbruchstämmen;
- ▶ Voraussetzungen (Stufe-3-Sicherheitslaboratorium) zur Virusanzucht vorhanden;
- ▶ Beratung zu klinischen Verdachtsfällen und zur Bedeutung von virusdiagnostischen Untersuchungsergebnissen.
- ▶ Informationen zur epidemiologischen Situation, zur Virusbelastung von Nagerreservoirs sowie zur Infektionsprophylaxe

Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt

Der Gesundheitsdienst und das für Reise- und Sicherheitshinweise sowie Reisewarnungen zuständige Krisenreaktionszentrum des Auswärtigen Amtes weisen darauf hin, dass bei einem Aufenthalt in Brasilien einschließlich seiner Inseln darauf geachtet wird, dass alle Reisenden gegen Gelbfieber geimpft sind.

Im Februar und März wurden über die Auslandsvertretungen in Rio de Janeiro und London zwei Deutsche gemeldet, die sich auf dem Bundesstaat Rio de Janeiro vorgelagerten, touristisch-hoch-frequentierten Insel Ilha Grande mit Gelbfieber infiziert hatten. Ein Patient wurde noch in Brasilien behandelt und überlebte den schweren Verlauf der Erkrankung ohne Folgen. Der zweite Patient verstarb, nachdem er noch im Transit auf dem Flughafen London so schwer erkrankte, dass er vor Ort in London intensivmedizinisch behandelt werden musste. Eine weitere Deutsche erkrankte nach ihrer Rückkehr in Frankfurt und erholte sich vollständig.* Bei allen drei Patienten wurde die Diagnose durch eine Polymerase-Kettenreaktion (PCR) gesichert. Alle drei hatten sich im etwa selben Zeitraum im Februar 2018 auf der Ilha Grande aufgehalten.

Nach 1999 sind dies die ersten deutschen Staatsbürger von denen bekannt ist, dass sie an Gelbfieber erkrankten.

Gelbfieber wird durch tagstechende Aedes-Mücken übertragen. Das Virus zirkuliert normalerweise zwischen Mücken und Affen in den Regenwaldregionen. Die beiden überlebenden Patienten berichteten über vielfache Mückenstiche bei Trekkingaktivitäten auf der Insel und erkrankten jeweils nach einer Inkubationszeit von 5 Tagen. Die bereits seit 2017 durch das Auswärtige Amt intensivierten Gelbfieber-Impfhinweise für Brasilien und die bestehenden Impfpfehlungen für Brasilien, insbesondere für das Reiseprofil, waren den beiden überlebenden Patienten nicht bekannt.

Die drei an Gelbfieber erkrankten Patienten waren nicht geimpft und hatten auch keine reisemedizinische Beratung in Anspruch genommen.

Diese Fälle zeigen erneut, dass eine sorgfältige Reisevorbereitung auch für bekannte und viel besuchte touristische Ziele und die Beachtung der aktuellen Hinweise auf der Homepage des Auswärtigen Amtes (www.auswaertiges-amt.de/de/ReiseUndSicherheit/reisemedizin) wichtig bleiben.

Wir danken Dr. Strattner, Hospital Integrado da Gavea/Rio de Janeiro, Dr. Weigand, Praxis für Reise- und Tropenmedizin/Frankfurt und Dr. Anna Checkley, Hospital for Tropical Diseases/London für die Details zur Krankheitsgeschichte der Patienten.

* Der klinische Verlauf einer Gelbfieber-Erkrankung kann sehr unterschiedlich sein. Bei der Mehrzahl der Infizierten kommt es zu asymptomatischen Verläufen oder auch zu Erkrankungen mit einer relativ milden Symptomatik. Bei etwa 15% der Erkrankten entwickelt sich, zum Teil nach einer kurzen Besserung, innerhalb kurzer Zeit eine sogenannte toxische Phase mit schwerem Krankheitsbild.

- Dr. Gerhard Boecken | Gesundheitsdienst des Auswärtigen Amtes
Korrespondenz: gerhard.boecken@diplo.de
- Vorgeschlagene Zitierweise:
Boecken G: Drei Deutsche nach Aufenthalt in Brasilien an Gelbfieber erkrankt.
Epid Bull 2018;15:147 | DOI 10.17886/EpiBull-2018-019

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

12. Woche 2015 (Datenstand: 11. April 2018)

Land	Darmkrankheiten											
	Campylobacter-Enteritis			EHEC-Erkrankung (außer HUS)			Salmonellose			Shigellose		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.
Baden-Württemberg	59	1.112	978	5	44	32	11	177	142	2	15	7
Bayern	102	1.412	1.317	8	53	61	25	291	273	2	6	11
Berlin	35	444	423	2	24	26	7	60	87	0	20	8
Brandenburg	19	292	312	1	13	15	2	58	81	0	2	2
Bremen	4	91	78	1	7	4	0	9	15	0	0	2
Hamburg	10	277	278	0	5	13	3	57	46	1	8	10
Hessen	45	839	697	0	11	10	11	134	100	0	14	6
Mecklenburg-Vorpommern	25	275	237	0	5	13	3	61	58	0	1	0
Niedersachsen	43	922	827	2	41	58	18	244	184	0	2	1
Nordrhein-Westfalen	205	3.021	3.604	2	43	66	20	412	420	1	7	13
Rheinland-Pfalz	51	629	644	5	21	29	11	135	94	0	4	3
Saarland	9	219	226	0	4	0	3	14	21	0	0	0
Sachsen	42	825	773	3	38	34	11	159	125	0	8	6
Sachsen-Anhalt	10	254	246	0	28	21	6	110	86	0	0	0
Schleswig-Holstein	23	310	358	2	12	20	6	49	71	0	0	0
Thüringen	19	368	359	1	14	10	6	108	96	0	2	3
Deutschland	701	11.291	11.358	32	363	413	143	2.078	1.899	6	89	72

Land	Darmkrankheiten														
	Yersiniose			Norovirus-Gastroenteritis ⁺			Rotavirus-Gastroenteritis			Giardiasis			Kryptosporidiose		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.
Baden-Württemberg	3	26	26	131	1.750	3.366	15	198	766	6	68	77	0	5	5
Bayern	2	52	85	218	3.842	4.241	20	347	1.770	14	128	130	2	10	19
Berlin	2	17	19	74	1.681	1.586	53	373	606	6	90	96	1	21	28
Brandenburg	6	30	26	56	1.352	1.347	48	445	987	2	17	28	1	5	11
Bremen	0	0	6	6	212	89	1	43	85	0	7	10	0	2	1
Hamburg	0	5	10	31	679	612	25	159	504	1	29	37	2	10	13
Hessen	3	41	24	86	1.388	1.682	23	205	628	0	46	39	2	17	26
Mecklenburg-Vorpommern	1	20	14	85	1.639	1.262	36	284	455	1	20	20	0	21	20
Niedersachsen	1	42	53	135	2.629	2.311	32	284	941	0	23	49	0	20	14
Nordrhein-Westfalen	7	90	100	358	6.160	8.698	82	706	1.668	7	93	126	4	39	33
Rheinland-Pfalz	0	27	18	107	1.456	2.723	9	141	296	4	31	29	0	1	4
Saarland	0	6	0	17	409	810	2	16	187	0	3	4	0	2	1
Sachsen	8	109	93	166	2.929	2.884	222	1.556	1.500	6	59	55	3	16	13
Sachsen-Anhalt	5	32	39	88	1.772	1.595	38	485	664	0	14	35	0	16	13
Schleswig-Holstein	3	12	14	63	991	863	13	137	397	1	13	17	0	2	3
Thüringen	1	60	48	127	1.650	1.745	158	866	686	2	17	12	0	3	6
Deutschland	42	569	575	1.748	30.546	35.820	777	6.246	12.143	50	658	764	15	190	210

In der wöchentlich veröffentlichten **aktuellen Statistik** wird auf der Basis des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) aus dem RKI zeitnah zum Auftreten meldepflichtiger Infektionskrankheiten berichtet. Drei Spalten enthalten jeweils **1. Meldungen**, die die Referenzdefinition erfüllen, in der ausgewiesenen Meldewoche im Gesundheitsamt eingegangen und dem RKI bis zum angegebenen Datenstand übermittelt wurden (s. <http://www.rki.de> > Infektionsschutz > Infektionsschutzgesetz > Falldefinitionen sowie im *Epidemiologischen Bulletin* 6/2015), **2. Kumulativwerte im laufenden Jahr**, **3. Kumulativwerte des entsprechenden Vorjahreszeitraumes**. Die Kumulativwerte ergeben sich aus der Summe übermittelter Fälle aus den ausgewiesenen Meldewochen, jedoch ergänzt um nachträglich erfolgte Übermittlungen, Korrekturen und Löschungen.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

12. Woche 2015 (Datenstand: 11. April 2018)

Land	Virushepatitis und weitere Krankheiten														
	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Meningokokken, invasive Infektion			Tuberkulose		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.
Baden-Württemberg	4	22	12	11	166	118	14	190	147	1	16	14	7	161	203
Bayern	3	25	27	24	322	209	13	268	225	1	15	15	16	171	207
Berlin	0	16	69	4	43	29	7	71	53	1	5	4	6	95	98
Brandenburg	0	7	8	0	12	23	4	25	9	1	5	4	6	41	41
Bremen	0	2	1	0	2	1	0	8	0	0	0	1	1	13	8
Hamburg	1	3	6	2	13	12	1	34	31	1	6	0	1	44	43
Hessen	0	19	28	7	111	89	8	132	80	0	7	10	11	138	141
Mecklenburg-Vorpommern	0	2	3	0	7	13	0	3	9	0	2	2	3	21	24
Niedersachsen	0	13	20	2	40	19	8	91	77	1	6	6	7	80	71
Nordrhein-Westfalen	3	77	55	13	143	67	30	291	201	3	27	12	28	271	285
Rheinland-Pfalz	0	8	10	5	61	30	7	47	48	0	6	9	6	57	60
Saarland	0	3	5	1	3	4	1	4	5	1	1	1	0	15	15
Sachsen	0	1	10	3	35	86	3	35	44	0	7	5	3	28	51
Sachsen-Anhalt	0	3	7	2	13	5	1	22	14	0	2	1	3	25	27
Schleswig-Holstein	0	3	7	5	33	22	5	59	63	0	5	2	1	26	45
Thüringen	0	3	2	0	3	1	1	22	10	0	1	0	1	16	32
Deutschland	11	207	270	79	1.007	729	103	1.302	1.016	10	111	86	100	1.203	1.351

Land	Impfpräventable Krankheiten														
	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017	2018		2017
	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.	12.	1.–12.	1.–12.
Baden-Württemberg	1	13	35	0	13	19	0	0	0	12	221	376	79	1.150	1.061
Bayern	0	18	13	3	47	48	1	1	0	55	996	937	87	1.292	1.708
Berlin	0	8	34	0	4	8	0	0	0	10	134	268	30	385	548
Brandenburg	0	2	1	0	2	5	0	0	0	16	186	259	4	128	212
Bremen	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	16	36	3	63	203
Hamburg	0	4	5	0	1	5	0	0	0	6	103	186	14	128	130
Hessen	1	8	55	1	12	22	0	0	0	24	284	303	19	299	349
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	1	4	0	0	0	6	106	182	2	48	49
Niedersachsen	0	3	2	1	13	19	0	0	1	20	253	252	27	451	414
Nordrhein-Westfalen	6	30	149	2	27	55	0	3	4	40	557	818	93	1.016	1.267
Rheinland-Pfalz	0	0	6	0	8	5	0	0	1	10	180	205	26	181	199
Saarland	0	0	2	0	2	2	0	0	0	5	64	26	3	23	20
Sachsen	0	4	54	0	2	4	0	0	1	12	228	196	52	608	448
Sachsen-Anhalt	0	1	2	0	0	4	0	0	0	24	362	112	7	95	119
Schleswig-Holstein	0	1	5	0	7	8	0	0	0	15	158	104	23	199	211
Thüringen	0	0	4	0	1	3	0	0	0	15	303	233	10	154	130
Deutschland	8	92	368	7	141	212	1	4	7	271	4.152	4.494	480	6.222	7.069

* Es werden ausschließlich laborbestätigte Fälle von Norovirus-Gastroenteritis in der Statistik ausgewiesen.

Allgemeiner Hinweis: LK Prignitz, LK Teltow-Fläming und das Zentrum für tuberkulosekranke und -gefährdete Menschen in Berlin verwenden veraltete Softwareversionen, die nicht gemäß den aktuellen Falldefinitionen des RKI gemäß § 11 Abs. 2 IfSG bewerten und übermitteln.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten, Deutschland

12. Woche 2015 (Datenstand: 11. April 2018)

Krankheit	2018	2018	2017	2017
	12. Woche	1.–12. Woche	1.–12. Woche	1.–52. Woche
Adenovirus-Konjunktivitis	0	139	143	717
Brucellose	0	7	4	41
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	6	7	33
<i>Clostridium-difficile</i> -Erkrankung, schwere Verlaufsform	48	675	750	2.805
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit *	0	3	16	72
Denguefieber	9	90	116	635
FSME	0	2	4	485
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	4	25	95
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	20	292	249	811
Hantavirus-Erkrankung	0	53	181	1.731
Hepatitis D	0	11	3	33
Hepatitis E	68	760	519	2.943
Influenza	21.555	242.646	92.031	95.953
Legionellose	15	213	157	1.281
Leptospirose	0	14	15	128
Listeriose	7	122	163	770
Methicillin-resistenter <i>Staphylococcus aureus</i> (MRSA), invasive Infektion	47	553	717	2.798
Ornithose	0	2	4	11
Paratyphus	0	4	7	44
Q-Fieber	3	18	15	107
Trichinellose	0	0	1	2
Tularämie	0	3	4	52
Typhus abdominalis	0	10	16	78

* Übermittelte Fälle insgesamt, bisher kein Fall einer vCJK

Neu erfasste Erkrankungen von besonderer Bedeutung**Diphtherie**Niedersachsen, 70 Jahre, weiblich (*C. ulcerans*, Hautdiphtherie)**Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 14. Kalenderwoche (KW) 2018****Zusammenfassende Bewertung der epidemiologischen Lage**

Die Aktivität der ARE ist in der 14. KW 2018 bundesweit deutlich gesunken, die Werte des Praxisindex lagen in der 14. KW insgesamt im Bereich der ARE-Hintergrund-Aktivität. Die Werte der Konsultationsinzidenz sind insgesamt und in allen Altersgruppen gesunken.

Internationale Situation**Ergebnisse der europäischen Influenzasurveillance**

Von den Ländern, die für die 13. KW 2018 Daten an TESSy sandten, berichteten 33 Länder über eine niedrige und 12 Länder (darunter auch Deutschland) über eine mittlere Influenza-Aktivität.

Weitere Informationen und Karten zur Influenza-Intensität und -ausbreitung, zum Trend und zum dominierenden Influenztyp bzw. -subtyp sind abrufbar unter: www.flunewseurope.org/.

Literaturhinweis

Das europäische Influenznetzwerk (*European Influenza Surveillance Network*) hat die Saison 2016/2017 und die aktuelle Saison 2017/2018 in einer Veröffentlichung verglichen und bewertet. Auffällig ist trotz der unterschiedlichen, hauptsächlich zirkulierenden Viren die Betroffenheit älterer Menschen mit schweren Krankheitsverläufen und Todesfällen in beiden Saisons. Der Artikel (in englischer Sprache) ist abrufbar unter: www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.13.18-00146.

Quelle: Wochenbericht der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI für die 14. KW 2018
<https://influenza.rki.de>

Impressum**Herausgeber**

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Tel.: 030.18 754-0
E-Mail: EpiBull@rki.de

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

Redaktion

► Dr. med. Jamela Seedat (v. i. S. d. P.)

Tel.: 030.18 754-23 24

E-Mail: Seedatj@rki.de

Dr. rer. nat. Astrid Milde-Busch (Vertretung)

► Redaktionsassistentin: Francesca Smolinski

Tel.: 030.18 754-24 55

E-Mail: SmolinskiF@rki.de

Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

Das Epidemiologische Bulletin

gewährleistet im Rahmen des infektionsepidemiologischen Netzwerks einen raschen Informationsaustausch zwischen den verschiedenen Akteuren – den Ärzten in Praxen, Kliniken, Laboratorien, Beratungsstellen und Einrichtungen des öffentlichen Gesundheitsdienstes sowie den medizinischen Fachgesellschaften, Nationalen Referenzzentren und den Stätten der Forschung und Lehre – und dient damit der Optimierung der Prävention. Herausgeber und Redaktion erbitten eine aktive Unterstützung durch die Übermittlung allgemein interessierender Mitteilungen, Analysen und Fallberichte. Das Einverständnis mit einer redaktionellen Überarbeitung wird vorausgesetzt.

Das *Epidemiologische Bulletin* erscheint in der Regel wöchentlich (50 Ausgaben pro Jahr). Die Printversion wurde zum Jahresende 2016 eingestellt. Wir bieten einen E-Mail-Verteiler an, der wöchentlich auf unsere neuen Ausgaben hinweist. Gerne können Sie diesen kostenlosen Verteiler in Anspruch nehmen. Die Anmeldung findet über unsere Internetseite (s. u.) statt.

Die Ausgaben ab 1996 stehen im **Internet** zur Verfügung: www.rki.de/epidbull

Hinweis: Inhalte externer Beiträge spiegeln nicht notwendigerweise die Meinung des Robert Koch-Instituts wider.

Nachdruck

mit Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu werblichen Zwecken. Belegexemplar erbeten. Die Weitergabe in elektronischer Form bedarf der Zustimmung der Redaktion.

ISSN (Online) 2569-5266