

ROBERT KOCH INSTITUT



AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN
ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

9
2020

27. Februar 2020

Epidemiologisches Bulletin

**Virologische und klinische Informationen
zu Hepatitis C in Laboren in Deutschland**

Inhalt

Verfügbarkeit von virologischen und klinischen Informationen zu Hepatitis C in Routine-Laboren in Deutschland – Ergebnisse einer Laborbefragung zur Hepatitis-C-Diagnostik und -Meldung nach Infektionsschutzgesetz 3

Die meisten HCV-Infektionen nehmen einen chronischen Verlauf ohne klinisch apparent zu werden. Der Nachweis hängt in erster Linie von der Labordiagnose ab. Folgen sind Leberzirrhose und hepatozelluläres Karzinom. Seit 2014 sind antivirale Medikamente zugelassen, mit denen chronische Infektionen geheilt werden können. Ziel der vorliegenden Studie war es, zu untersuchen, welche virologischen und klinischen Informationen in HCV-diagnostizierenden Laboren in Deutschland verfügbar sind.

Komplexe Themen mit multisektoralen und interdisziplinären Simulationsübungen testen – Zwei Table-Top-Exercises zum Infektionsmanagement im Luftverkehr 12

Ziel von HyFly ist es, Infektionsketten im Luftverkehr zu identifizieren, zu verstehen und möglichst zu unterbrechen. In diesem Rahmen hat das RKI zwei *Table-Top-Exercises* entwickelt, die genutzt werden können, um in Deutschland das Infektionsmanagement im Luftverkehr zu üben.

Die Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI erweitert die virologische Surveillance um SARS-CoV-2 14

Die AGI hat prospektiv im Rahmen ihrer Sentinelfunktion eine Untersuchung auf SARS-CoV-2 in das Spektrum der zu untersuchenden Erreger integriert.

Informationen des RKI zu COVID-19-Erkrankungen (neue und aktualisierte Dokumente) 14

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 15

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 8. KW 2020 18

Impressum

Herausgeber

Robert Koch-Institut
Nordufer 20, 13353 Berlin
Telefon 030 18754-0

Redaktion

Dr. med. Jamela Seedat
Telefon: 030 18754-23 24
E-Mail: SeedatJ@rki.de

Redaktionsassistentz:

Francesca Smolinski
Telefon: 030 18754-24 55
E-Mail: EpiBull@rki.de
Claudia Paape, Judith Petschelt (Vertretung)

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



Verfügbarkeit von virologischen und klinischen Informationen zu Hepatitis C in Routine-Laboren in Deutschland

Ergebnisse einer Laborbefragung zur Hepatitis-C-Diagnostik und -Meldung nach IfSG

1. Einführung

Weltweit haben schätzungsweise 62–80 Millionen Menschen eine chronische Hepatitis-C-Virus-(HCV-)Infektion.^{1,2} Die meisten HCV-Infektionen (55–85%) nehmen einen chronischen Verlauf und schreiten über viele Jahre fort, ohne klinisch apparent zu werden. Der Nachweis einer HCV-Infektion hängt daher in erster Linie von der Labor- (und nicht von der klinischen) Diagnose ab. Langfristige Folgen chronischer HCV-Infektionen sind die Entwicklung einer Leberzirrhose und eines hepatozellulären Karzinoms.^{3,4,6} Es gibt keinen Impfstoff gegen HCV und eine frühere Infektion schützt nicht vor einer erneuten HCV-Infektion. Während ein großer Teil der HCV-Infektionen mit der Interferon-basierenden Therapie bis vor wenigen Jahren nicht geheilt werden konnte, wurden seit 2014 mehrere hoch wirksame direkt wirkende antivirale Medikamente (DAA) zugelassen, mit denen die meisten chronischen HCV-Infektionen geheilt werden können.^{4,5} In der Folge ist eine Änderung der Epidemiologie von HCV-Infektionen möglich geworden. Im Jahr 2016 wurde von der [Weltgesundheitsorganisation \(WHO\)](#) eine globale Strategie verabschiedet, um die Eliminierung von Hepatitis B und C als Bedrohung der öffentlichen Gesundheit bis 2030 zu erreichen. Darin sind die Länder aufgerufen, ausgehend von einer Baseline im Jahr 2015, die Inzidenz chronischer Infektionen bis 2030 um 90% und die Mortalität um 65% zu senken.⁷ Die Behandlung infizierter Menschen, auch als Prävention in Bevölkerungsgruppen mit erhöhter Prävalenz (wie Drogengebrauchenden), sog. *treatment as prevention*, wurde zum Schlüssel der Hepatitis-C-Kontrolle. Die Verbesserung von Testraten und nachfolgende Behandlung einer diagnostizierten Infektion sind die wichtigsten Strategien zur Eliminierung von HCV in Ländern wie Deutschland.⁸ Darüber hinaus bleiben

die Sicherheit von Blutprodukten, die Injektionssicherheit im medizinischen Bereich und die Schadensminimierung bei Menschen, die Drogen injizieren, wichtige Präventionsstrategien.^{2,8}

1.1 Begründung für die Erhebung virologischer Informationen zu HCV

Derzeit ist das Hepatitis-C-Surveillancesystem in Deutschland noch nicht vollständig an die o. g. Veränderungen angepasst. Zwar haben sich die Testverfahren und die zur Verfügung stehenden virologischen Marker im Rahmen der klinischen Versorgung von Hepatitis-C-Infizierten in den letzten Jahren an die verbesserte Heilbarkeit von Hepatitis C angepasst, jedoch werden derzeit nur wenige Laborinformationen zum Nachweis von HCV (direkter und indirekter Erregernachweis) in der Melde- und Übermittlungssoftware erfasst. Auch ist es in der Praxis schwierig, über das Meldesystem gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) zuverlässige Informationen zum wahrscheinlichen Übertragungsweg zu erhalten. Von den im Jahr 2018 im Rahmen der nationalen Surveillance an das [Robert Koch-Institut \(RKI\)](#) übermittelten neu diagnostizierten HCV-Infektionen wurde der wahrscheinliche Übertragungsweg nur bei 22% der Fälle angegeben.^{9,10}

Da wertvolle Zusatzinformationen, wie z. B. die Eigenschaften zirkulierender Viren, derzeit noch nicht ausreichend erfasst werden, kann die Analyse von Trends in der HCV-Übertragung, die Evaluation von HCV-Präventions- und Kontrollmaßnahmen und die Bewertung des Entstehens/Auftretens von Resistenzen gegen DAA nur eingeschränkt vorgenommen werden. Die prospektive Erfassung und Beobachtung von zirkulierenden HCV-Geno- und Subtypen würde es ermöglichen, Cluster frischer Infektionen zu identifizieren.¹¹ Präventions- und Be-

kämpfungsmaßnahmen könnten durch eine bessere Identifizierung von Risikopopulationen sowie durch die Erkennung von HCV-Stämmen, die aus anderen Ländern nach Deutschland importiert werden, besser ausgerichtet werden.¹² Es sollte konsequent angestrebt werden, dass diese Daten von den Laboren in der Meldung angegeben werden, um Wissenslücken zu Übertragungswegen von HCV auf der Basis bereits vorliegender Daten zu füllen.

Bisher werden keine Informationen über die antivirale Behandlung von HCV-Infektionen und die Medikamentenresistenz an das RKI übermittelt. Angesichts der Eliminierungsstrategie von HCV, könnten Informationen zu Behandlung, DAA-Resistenzen und resistenzassoziierte Substitutionen (RAS) helfen, die Surveillance zu intensivieren und das Ziel einer Eliminierung von HCV zu erreichen.¹³ In Deutschland werden solche RAS vom Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für HCV untersucht*. Auch andere Labore führen Resistenzdiagnostik durch, jedoch erfolgt keine zentrale Erfassung, so dass unklar ist, wie weit verbreitet Resistenzen sind.

Neben den oben beschriebenen virologischen Informationen wäre es außerdem sinnvoll, Informationen über Re-Infektionen von HCV im nationalen Surveillancesystem zu erfassen. Seitdem eine HCV-Infektion heilbar ist, sind Re-Infektionen ins Blickfeld gerückt, insbesondere bei Hochrisikogruppen wie Männern, die Sex mit Männern haben (MSM), Menschen, die Drogen injizieren, bzw. jene, die im sexuellen Kontext Drogen konsumieren (d. h. „chemsex“ praktizieren).¹⁴

1.2 Surveillance von HCV-Infektionen in Deutschland

Neben der Möglichkeit, rechtzeitig Infektionsschutzmaßnahmen einleiten zu können, um die weitere Übertragung zu verhindern, ist ein weiteres wichtiges Ziel der HCV-Surveillance, die Entwicklung der Inzidenz und Prävalenz von HCV-Infektionen in Deutschland zu erfassen. Gemäß § 9 Abs. 3 IfSG muss dem Gesundheitsamt (GA) die Meldung der Ärzte (§ 6 IfSG) und Labore (§ 7 IfSG) innerhalb von 24

Stunden vorliegen. Das Labor meldet alle direkten oder indirekten Nachweise von HCV, der Arzt meldet den Verdacht auf, die Erkrankung und den Tod an einer akuten Virushepatitis. Die Meldepflicht besteht nicht, wenn dem Meldepflichtigen ein Nachweis vorliegt, dass die Meldung bereits erfolgt ist und andere als die bereits gemeldeten Angaben nicht erhoben wurden.

Am Gesundheitsamt werden die Informationen aus den Arzt- und Labormeldungen zusammengeführt und nach Falldefinition bewertet.¹⁵ Nur Meldungen von aktiven oder virämischen HCV-Infektionen, d. h. basierend auf dem direkten Nachweis von HCV-Ribonukleinsäure (RNA, z. B. durch PCR) oder dem *core*-Antigen (cAg, z. B. durch ELISA), erfüllen die Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung der Falldefinition und werden an die zuständige Landesbehörde (in pseudonymisierter Form) und dann an das RKI auf Bundesebene übermittelt.

Das GA ist für die Ermittlung von zusätzlichen Informationen verantwortlich und leitet ggf. Infektionsschutzmaßnahmen ein. Die Mehrheit der GÄ übermittelt Meldungen mit Hilfe der vom RKI bereitgestellten Software SurvNet@RKI,¹⁶ 45 % der GA verwenden andere kommerzielle Softwareprodukte.⁹ Demografische, klinische und epidemiologische Informationen werden in der SurvNet-Datenbank zusammengeführt, müssen jedoch nicht obligatorisch ausgefüllt werden. Insbesondere Angaben zum Übertragungsweg sind wegen des z. T. lange zurückliegenden oder unklaren Infektionszeitpunktes zum Teil unvollständig.^{9,10,17} Die Angaben zu Laborparametern, die an das RKI übermittelt werden, beschränken sich derzeit auf den verwendeten diagnostischen Test und das Untersuchungsmaterial.¹⁰

Inwieweit Surveillancedaten für die in Deutschland lebenden HCV-Infizierten repräsentativ sind, ist nicht bekannt. Da es sich bei einer HCV-Infektion um eine chronische Krankheit handelt, hängt die Meldung stark von den Testaktivitäten ab. Populationen wie Inhaftierte oder Obdachlose werden möglicherweise aufgrund eines eingeschränkten Zugangs zu medizinischer Versorgung weniger gut abgebildet.¹⁸

* Prof. R. Stefan Roß, Leiter des Nationalen Referenzzentrums für Hepatitis C: „Bericht zur Evaluation des Nationalen Referenzzentrums für Hepatitis C auf der Grundlage seiner Tätigkeit in den Jahren 2017 und 2018“. Essen, 31. Januar 2019.
Anmerkung der Redaktion: Das NRZ für Hepatitis C wurde 2020 neu berufen (siehe Kasten auf Seite 11).

1.3 Bisherige Anpassung der nationalen HCV-Surveillance

Auf der Meldebene: Mit der gesetzlichen Änderung der Meldepflicht im Juli 2017 wurde klargestellt, dass Labore gesetzlich verpflichtet sind, alle Erregernachweise einschließlich neu generierter Informationen über eine bestehende Infektion, z. B. den HCV-Genotyp, zu melden (§ 8 Abs. 3 Satz 1 IfSG & § 9 Abs. 2 Satz 1 IfSG).¹⁹ Diese Angaben werden derzeit jedoch noch nicht systematisch in der Software erfasst.

Auf Ebene der Gesundheitsämter: Vor 2015 umfasste die HCV-Falldefinition alle Nachweise, also auch indirekte Nachweise von HCV. Seitdem chronische HCV-Infektionen zunehmend geheilt werden können, ist eine Erfassung der Antikörper-positiven, jedoch nicht virämischen Fälle nicht mehr sinnvoll. Die Falldefinition wurde am 1.1.2015 entsprechend angepasst. Seitdem erfüllen von den gemeldeten Fällen nur noch solche die Falldefinition, bei denen ein direkter HCV-Erregernachweis vorliegt, der eine aktive, virämische Infektion nachweist.¹⁵

1.4 Ziele

Dem RKI ist nicht bekannt, welche virologischen Zusatzinformationen (zu HCV-Geno- und Subtyp, Resistenz, Therapie und Re-Infektion) im Rahmen der routinemäßigen Patientenversorgung in Laboren bereits verfügbar sind,²⁰ und mit welchem Aufwand diese Daten im Meldesystem erfasst werden können. Als erster Schritt zu einer umfassenderen HCV-Surveillance hat die vorliegende Studie das Ziel, zu erfassen, welche virologischen und klinischen Informationen derzeit in HCV-Diagnoselaboren in Deutschland verfügbar sind, um zu bewerten, inwiefern diese Daten routinemäßig in die Meldung nach IfSG aufgenommen werden können.

2. Methoden

2.1 Studienpopulation

Im März/April 2019 führten wir eine Querschnittsstudie in Laboren in Deutschland zu den HCV-Diagnosen im Jahr 2018 durch. Die Freigabe durch den Datenschutzbeauftragten des RKI erfolgte vor Beginn dieser Studie. Ohne ein nationales Register der

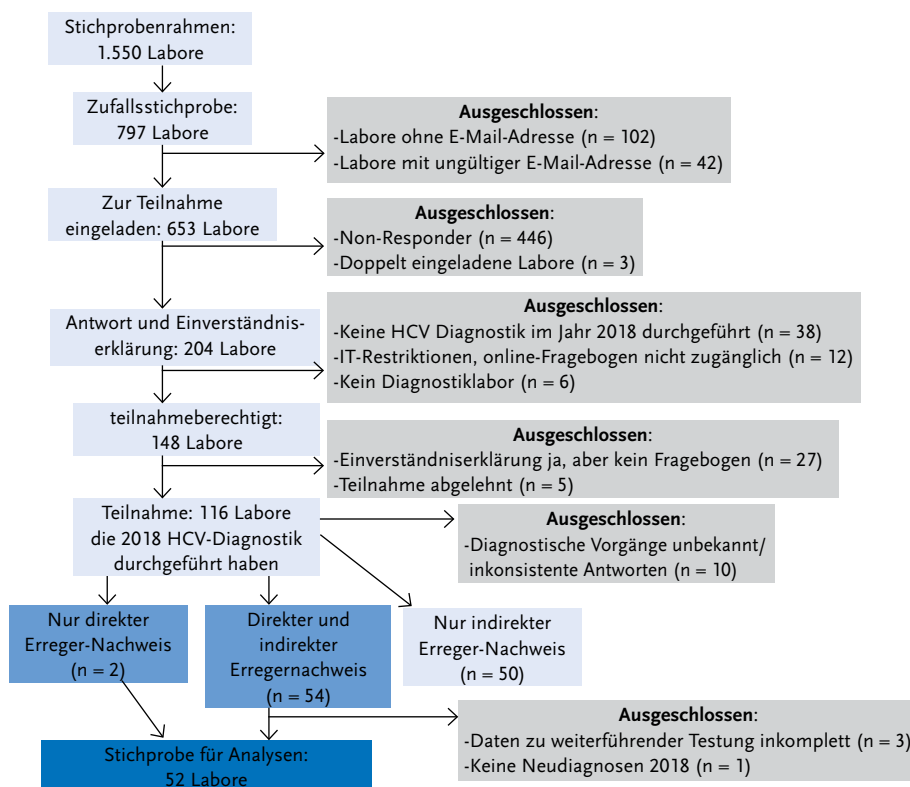


Abb. 1 | Flussdiagramm zur Auswahl der teilnehmenden Labore, Laborbefragung zur Hepatitis-C-Diagnostik und -Meldung in Deutschland 2018

HCV-diagnostizierenden Labore war es nicht möglich, diese Labore im Vorfeld zu identifizieren. Wir haben daher zufallsgeneriert Labore aus einer umfassenden Liste mit 337 HIV-meldenden Laboren ausgewählt, ergänzt durch Labore, die andere Infektionskrankheiten melden. Einzelne Labore, die zu einem Laborkonsortium gehören, wurden ebenfalls einbezogen. Der endgültige Stichprobenrahmen bestand aus 1.550 Laboren (s. Abb. 1, S. 5). Die Brutto-Stichprobenberechnung, die auf der Schätzung eines Anteils (z. B. von Laboren mit Informationen zum Genotyp) mit einer Genauigkeit von 0,1 beruhte, eine Heterogenität zwischen den Laboren berücksichtigte und eine Rücklaufquote von 30 % annahm, ergab $n = 667$ einzuladende Labore. Nach Ausschluss von Laboren ohne E-Mail-Adresse wurden 653 Labore per E-Mail eingeladen, an der Studie teilzunehmen. Die für die Meldung von Erregernachweisen nach IfSG verantwortliche Person wurde gebeten, einen Online-Fragebogen (VOXCO Acuity4Survey) auszufüllen. Einschlusskriterien waren, dass das Labor über 1) eine gültige E-Mail-Adresse (entweder des einzelnen Labors oder der Laborkette, zu der das Labor gehört) verfügt, 2) die Einwilligung (elektronisch) erteilt und 3) im Jahr 2018 HCV-Tests durchgeführt hat.

2.2 Fragebogen

Der Online-Fragebogen wurde einem Vortest unterzogen und mehrfach angepasst. Es wurden Informationen über die Art des Labors, die angewendeten Standarddiagnoseverfahren, die Anzahl der durchgeführten HCV-Tests, den Anteil der HCV-positiven Tests, die Meldung nach IfSG, die Verfügbarkeit von Informationen zu HCV-Genotyp und -Subtyp, molekularen Sequenzdaten, DAA-Resistenz, HCV-Behandlung und Re-Infektion erhoben. Quantitative Angaben wie die Anzahl der Testungen und der Positivenanteil wurden in Kategorien abgefragt. Alle Fragen bezogen sich auf das Jahr 2018.

2.3 Datenanalyse

Allgemeine diagnostische Verfahren wurden für alle Labore beschrieben, die die Einschlusskriterien erfüllten (s. Abschnitt Studienpopulation) und an der Umfrage teilnahmen. Labore, die angaben, direkte Erregernachweise zu führen, wurden für die Hauptanalyse ausgewählt. Dabei handelte es sich um Labore (s. Abb. 1, S. 5), die:

1. berichteten, 2018 routinemäßig auf virämische Infektionen getestet zu haben (d. h. ≥ 1 direkter HCV-Test/Woche),
2. vollständige Angaben zu virologischen Informationen gemacht haben und
3. die im Jahr 2018 mindestens eine HCV-Infektion diagnostiziert hatten.

Die Hauptanalyse bestand aus einer Beschreibung der virologischen und klinischen Hintergrundinformationen, die diesen Laboren zur Verfügung standen.

3. Ergebnisse

3.1 Auswahl der Labore für weitere Analysen und allgemeine Diagnoseverfahren

Von den 653 eingeladenen Laboren aus der Stichprobe antworteten 204 (31%) und 116 (18%) erfüllten die Einschlusskriterien. Von diesen lieferten 106 Labore (92%) vollständige Daten über die grundlegenden Laborverfahren, wobei 104/106 berichteten, dass sie indirekte und 56/106 dass sie direkte Nachweisverfahren, nämlich PCR, anwenden. Von diesen 56 Laboren lieferten 3 keine vollständigen Informationen über die Verfügbarkeit virologischer Informationen, und ein weiteres Labor hatte 2018 keine HCV-Infektion diagnostiziert. Somit wurden 52 Labore in die weitere Analyse eingeschlossen (s. Abb. 1, S. 5).

3.2 Teilnehmende Labore

Die meisten in die Analyse eingeschlossenen Labore (23/52) waren Privatlabore oder waren an ein Krankenhaus angebunden (17/52). Außerdem beteiligten sich Labore des ÖGD und Blutbanken an der Befragung. Von den 52 teilnehmenden Laboren gehörten 14 zu einem Laborverbund (s. Tab. 1). Es berichteten 14,

Anzahl der Labore			
Labortyp	Individuelles Labor	Teil eines Laborverbundes	Gesamt
Privat	13	10	23
Krankenhaus	16	1	17
ÖGD	4	0	4
Blutspende	4	0	4
Andere	1	3	4
Gesamt	38	14	52

Tab. 1 | Charakteristiken der in die Hauptanalyse eingeschlossenen Labore, Laborbefragung zur Hepatitis-C-Diagnostik und -Meldung in Deutschland

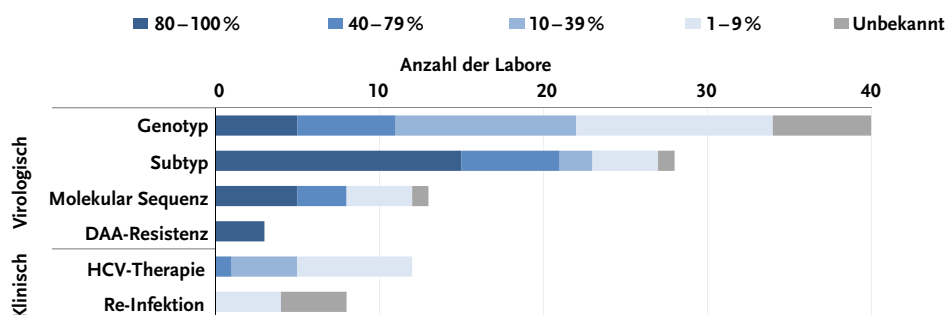


Abb. 2 | Berichtete Verfügbarkeit von virologischen und klinischen Hintergrundinformationen in HCV-diagnostizierenden Laboren, Laborbefragung zur Hepatitis-C-Diagnostik und -Meldung in Deutschland 2018

Die horizontalen Balken zeigen die Anzahl der 52 Labore an, die Informationen über die Parameter auf der y-Achse haben. Für jeden dieser Parameter sollten die Labore angeben/schätzen, zu welchem Anteil der im Jahr 2018 diagnostizierten virämischen HCV-Infektionen diese Information vorlag.

dass sie Proben an ein Partnerlabor schickten, um den HCV-Infektionsstatus im Jahr 2018 zu bestimmen; hauptsächlich für Anti-HCV-Immunooblots (9/14), (quantitative) PCR (7/14) oder Genotypisierungen (6/14). Die meisten Labore (46/52) berichteten, dass sie quantitative PCR und einige (6/52), dass sie nur qualitative PCR im eigenen Haus durchführten. Ein HCV-cAg-ELISA wurde in 4/52 Laboren in Kombination mit PCR benutzt.

Von den 50 Laboren, für die ermittelt werden konnte, wie viele direkte HCV-Erregernachweise im Jahr 2018 pro Woche durchgeführt wurden, berichteten 22: 1–9, 21: 10–99, 5: 100–999 und 2: 1.000–9.999 direkte HCV-Erregernachweise pro Woche. Der Positivenanteil dieser Tests im Jahr 2018 wurde von 40 Laboren angegeben und lag in 11 Laboren < 1% der Tests, in 7 Laboren bei 1–9%, in 18 Laboren bei 10–39%, und in 5 Laboren bei 40–59% der Tests. 41 Labore hatten die Anzahl virämischer HCV-Infektionen, die sie diagnostiziert hatten, quantifiziert. Von diesen schätzten 6 Labore 1–4, 6 weitere 5–9, 18: 10–49, 5: 50–99, 4: 100–499 und 2: 500–999 virämische Infektionen im Jahr 2018. Unter der Annahme, dass keine Infektion in mehreren Laboren diagnostiziert wurde, haben 41 Labore im Jahr 2018 1.866–5.449 HCV-Infektionen nachgewiesen.

Zusätzlich wurde nach der Anzahl durchgeführter Tests im Vorjahr (2017) gefragt. Von den 116 Laboren, die die Einschlusskriterien erfüllten, hatten 106 diese Fragen beantwortet, und von diesen berichteten 72, dass sie 2018 ähnlich viele Screeningtestungen auf HCV durchgeführt hätten wie im Vorjahr, 19 gaben an, 2018 geringfügig mehr Screeningtests, und 12 geringfügig weniger Screeningtests durchgeführt zu

haben als im Vorjahr. Von einem Labor wurde berichtet, im Jahr 2018 deutlich mehr und von 2 Laboren, deutlich weniger gescreent zu haben als im Jahr 2017.

Auch die Anzahl der direkten Erregernachweise von HCV hat sich nach Angabe der 52 Labore, die in die weiterführenden Analysen eingeschlossen wurden, von 2017 auf 2018 nicht wesentlich geändert.

3.3 Verfügbarkeit von virologischen Informationen

Informationen über den HCV-Genotyp standen in 40/52 und über den HCV-Subtyp in 28/40 Laboren im Jahr 2018 zur Verfügung. Von den Laboren mit Informationen zum Subtyp verfügten 13/28 Labore über Sequenzdaten (s. Abb. 2). Insgesamt wurden HCV-Geno- und Subtypisierungen von 20 Laboren durchgeführt, 12 sequenzierten das Genom. Zusätzlich zu diesem Verfahren berichteten 3 Labore, dass sie immer auf DAA-Resistenz testen, entweder im Bereich NS3, NS5A und NS5B (n = 2) oder NS5A allein (n = 1).

Von den o. g. 40 Laboren, die über Informationen zum HCV-Genotyp verfügten, konnten 28 die Zeitdauer zwischen Diagnose einer virämischen HCV-Infektion und den Ergebnissen der Genotypisierung angeben. Ein Labor berichtete überhaupt keine Verzögerung, 15 schätzten eine maximale Verzögerung von einer Woche, 7 eine Verzögerung von 1–2 Wochen, 4 eine Verzögerung von 2–4 Wochen und 1 Labor eine Verzögerung von 1–3 Monaten.

3.4 Verfügbarkeit von klinischen Hintergrundinformationen

Die meisten Labore (44/52) gaben an, Informationen zu einer vorher (z. B. von einem anderen Labor) diagnostizierten HCV-Infektion zu haben. Allerdings lag

diese Information nicht regelmäßig vor. 26/52 Labore gaben an, nur manchmal über diese Informationen zu verfügen. Wenn diese Informationen verfügbar waren, basierten sie generell auf früheren Testergebnissen in der eigenen Datenbank des Labors und nicht auf Informationen des überweisenden Arztes.

Es wurde berichtet, dass Informationen über eine HCV-Behandlung in 12/52 und über eine HCV-Re-Infektion in 8/52 Laboren verfügbar waren (s. Abb. 2, S. 7). Von den 4 Laboren, die den Prozentsatz der Re-Infektionen unter allen im Jahr 2018 diagnostizierten virämischen HCV-Infektionen quantifizieren konnten, schätzten 3 diesen Prozentsatz auf < 1% und 1 Labor auf 5–9%. Von den 8 Laboren mit Informationen zur Re-Infektion berichteten 4, dass sie die Information vom Arzt des Patienten erhalten hätten, und 7, dass sie dies auch aus einer internen Datenbank mit früheren Testergebnissen ableiteten: 6 Labore leiteten dabei die Information von einer neu-positiven PCR ab, nachdem die Viruslast unter der Nachweisgrenze gelegen hatte, 7 nach Genotypisierung und Diagnose eines neuen Genotyps beim aktuellen Nachweis, während 4 Labore – falls der Genotyp gleich war – auch molekulare Sequenzdaten verwendeten, um festzustellen, ob es sich um eine Re-Infektion handelte. Von den 8 Laboren mit Informationen zur Re-Infektion hatten 7 die Anzahl der diagnostizierten virämischen HCV-Infektionen quantifiziert oder geschätzt, und kamen für das Jahr 2018 auf insgesamt 726–2.108 Infektionen.

3.5 Meldung des HCV-Genotyps und der Re-Infektion an das Gesundheitsamt

Von den o. g. 20 Laboren, die Geno- und Subtypisierungen durchführten, beantworteten 15 die Frage, wie oft sie diese Informationen gemeldet hatten. Die Mehrheit (9/15) gab an, diese Informationen nie zu melden, 4 Labore manchmal und 2 immer. Die Hauptgründe für die Nichtmeldung des Genotyps waren neben dem zu hohen Zeitaufwand (4/9 Labore), dass die Gesetzesgrundlage im IfSG nicht ausreichend bekannt war (2/9).

Von den o. g. 7 Laboren, die den bekannten HCV-Re-Infektionsstatus anhand eigener Informationen kannten, berichteten 3 Labore, dass sie diese HCV-Infektionen als Re-Infektionen gemeldet hatten: 1 Labor, dass es die HCV-Infektion ohne die Information, dass es

sich um eine Re-Infektion handelte, gemeldet hatte, und 1 Labor, dass es keine HCV-Re-Infektionen gemeldet hatte. Bei den anderen war die Meldung der Re-Infektion nicht bekannt oder unsicher.

4. Diskussion

Ziel der vorliegenden Studie war es, zu untersuchen, welche virologischen und klinischen Hintergrundinformationen derzeit in HCV-diagnostizierenden Laboren in Deutschland verfügbar sind. Unter den antwortenden Laboren verwendete die Hälfte direkte Nachweismethoden und erzeugte so Daten, die den Kriterien für die labordiagnostische Bestätigung von Hepatitis-C-Fällen gemäß Falldefinition entsprechen. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass in den meisten Laboren Daten über HCV-Geno- und -Subtyp verfügbar sind, entweder durch eigene Geno- und Subtypisierung oder durch Zusammenarbeit mit einem weiteren Labor. Etwa ein Drittel der Labore, die direkte HCV-Erregernachweise führen, generierte weitergehende virologische Daten, jedoch nur wenige zur DAA-Resistenz. Informationen zum Therapiestatus und Re-Infektion konnten nur wenige Labore aus der eigenen Datenbank ableiten. Daher fehlte den Laboren häufig klinische Hintergrundinformation (Re-Infektion, HCV-Behandlung oder ob die diagnostizierte HCV-Infektion bereits diagnostiziert wurde). Diese Informationen liegen den einsendenden Ärzten häufig vor, und von einigen teilnehmenden Laboren wurde vorgeschlagen, dass einsendende Ärzte diese an die Labore und an das lokale GA weitergeben könnten, um die Versorgung von HCV-Patienten und die Surveillance zu verbessern. Einige der Labore berichteten, dass sie den HCV-Genotyp melden. Diese Angaben werden jedoch derzeit nicht systematisch vom GA auf die Landes- und Bundesebene übermittelt. Nur unter bestimmten Bedingungen, z. B. bei einem Ausbruch, der mehrere Bundesländer betrifft, werden diese Informationen weitergegeben.

Die Zahl der durchgeführten Screeningtests auf HCV-Antikörper sowie die Zahl der direkten Erregernachweise hat sich nach Angabe der teilnehmenden Labore zwischen 2017 und 2018 kaum verändert. Nur wenige Labore berichteten signifikante Änderungen in der Anzahl der Testungen. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass der seit der 2. Jah-

reshälft 2017 beobachtete Anstieg der an das RKI übermittelten HCV-Infektionen mit direktem Erregernachweis eher auf eine Änderung des Meldeverhaltens der Labore als auf vermehrte Testung zurückzuführen ist. Gemäß § 7 Abs. 1 Satz 1 Nr. 22 IfSG besteht seit Juli 2017 eine Meldepflicht für den Nachweis von HCV unabhängig vom klinischen Bild und Infektionsstadium.¹⁹ Keine Meldepflicht besteht nur, wenn die Infektion bereits gemeldet wurde und keine neuen Befunde hinzugekommen sind und wenn eine abgelaufene Infektion nachgewiesen wurde (vorhandene Antikörper bei fehlender Virämie). Diese Änderung hat vermutlich den deutlichen Anstieg der Meldungen und auch wiederholte Meldungen einer Infektion verursacht.¹⁰

Im April 2018 ist die sog. „Laborreform“, nach der die Konditionen für den Wirtschaftlichkeitsbonus bei Laboruntersuchungen anfordernden Ärzten geändert wurden, in Kraft getreten und ein Nachlassen von HCV-Screeninguntersuchungen war befürchtet worden. Eine kumulative Auswertung der Daten von ~200 akkreditierten Laboren in Deutschland für die Quartale I–III 2018 zeigte einen Abfall der Anzahl angeforderter HCV-Screeningtests im Vergleich zu dem selben Zeitraum im Vorjahr.²³ In der vorliegenden Studie berichtete lediglich ein teilnehmendes Labor im Jahr 2018 deutlich weniger Proben auf HCV gescreent zu haben als im Vorjahr. Möglicherweise wurden in unsere Studie andere Labore eingeschlossen, so dass wir zu anderen Ergebnissen kamen. Da die Anzahl der gemeldeten und übermittelten direkten Erregernachweise im Jahr 2018 im Vergleich zum Vorjahr jedoch angestiegen ist,¹⁰ scheinen die Auswirkungen der Laborreform auf nationaler Ebene weniger tiefgreifend zu sein als befürchtet.

Eine der Limitationen dieser Studie ist, dass es keinen vollständigen Stichprobenrahmen HCV-diagnostizierender Labore in Deutschland gibt, so dass es nicht möglich war, die tatsächliche Rücklaufquote zu bestimmen und die Repräsentativität der beteiligten Labore zu bewerten. Darüber hinaus war es nicht möglich, Laboreinzugsgebiete zu bestimmen. Labore, die an HCV-Surveillance interessiert sind, haben möglicherweise eher teilgenommen. Dennoch war es möglich, die Verfügbarkeit virologischer und klinischer Hintergrundinformationen in einer heterogenen Stichprobe von Laboren zu erfassen. Darüber hinaus ist es wichtig

zu berücksichtigen, dass eine relativ kleine Anzahl von Laboren einen relativ großen Teil der auftretenden HCV-Infektionen zu diagnostizieren scheint. Selbst wenn nur 8 Labore über Informationen zur HCV-Re-Infektion berichteten, schätzen wir, dass diese im Jahr 2018 insgesamt etwa 700–2.100 HCV-Infektionen diagnostiziert hatten. Das entspricht bis zu einem Drittel der 5.891 im Jahr 2018 gemeldeten und an das RKI übermittelten Hepatitis-C-Infektionen.⁹

5. Fazit

Basierend auf den Informationen der Labore, die an dieser Studie teilnahmen, regen wir an, Informationen über HCV-Geno- und -Subtyp, DAA-Resistenz und Re-Infektion im Surveillancesystem systematisch zu erfassen. Dies könnte durch die Integration dieser Parameter in das zukünftige Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) erfolgen.²¹ Zwar gaben einige Labore an, bereits teilweise diese Informationen gemeldet zu haben, andere gaben aber an, dass die Meldung virologischer Zusatzdaten zu ressourcenintensiv wäre. Daher ist es wichtig, sicherzustellen, dass Labore auf möglichst einfachem Wege diese zusätzlichen Informationen melden können, da durch DEMIS diese Informationen automatisiert über Schnittstellen aus dem Laborinformationssystem erfolgen sollen und somit die Meldewege vereinfacht und Meldeaufwände reduziert werden.²¹ Darüber hinaus wird DEMIS auch die Kommunikation zwischen dem meldenden Arzt und dem GA erleichtern,²² was dazu beitragen kann, umfassendere klinische Informationen zu erhalten.

Die vorgeschlagenen Änderungen haben das Potenzial, die Beobachtung von Trends der HCV-Infektionen auf nationaler Ebene zu vertiefen und umfassender zu gestalten und würden nicht nur ermöglichen, die für HCV gefährdeten Bevölkerungsgruppen besser zu identifizieren und gezieltere Präventions- und Bekämpfungsmaßnahmen zu ergreifen, sondern auch, den Anteil der DAA-Resistenz bei neu diagnostizierten HCV-Infektionen in Deutschland zu überwachen. Möglicherweise können diese Veränderungen auch die Identifizierung von HCV-Ausbrüchen lokal erleichtern (z. B. bei ungewöhnlichen HCV-Genotypen).

Literatur

- 1 The Polaris Observatory HCV Collaborators: Global prevalence and genotype distribution of hepatitis C virus infection in 2015: a modelling study. *The Lancet Gastroenterology & Hepatology*. 2017; 2 (3): 161–176
- 2 Global hepatitis report 2017: Geneva: WHO, Department of HIV and Global Hepatitis Programme; 2017
- 3 WHO: Hepatitis C 2019 [updated 9 Jul 2019. Available from: www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-c
- 4 Webster DP, Klenerman P, Dusheiko GM: Hepatitis C. *Lancet* 2015;385(9973):1124–35
- 5 Carrat F, Fontaine H, Dorival C et al.: Clinical outcomes in patients with chronic hepatitis C after direct-acting antiviral treatment: a prospective cohort study. *Lancet* 2019;393(10179):1453–64
- 6 Hajarizadeh B, Grebely J, Dore GJ: Epidemiology and natural history of HCV infection. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol* 2013;10(9):553–62
- 7 WHO: Global Health Sector Strategy on Viral Hepatitis 2016–2021 towards ending viral hepatitis. Geneva: WHO 2016
- 8 BMG, BMZ: Strategie zur Eindämmung von HIV, Hepatitis B und C und anderen sexuell übertragbaren Infektionen. Bis 2030 – Bedarfsorientiert · Integriert · Sektorübergreifend. 2016
- 9 RKI: [Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018](#). Berlin: Robert Koch-Institut 2019
- 10 Meurs L, Dudareva S, Diercke M et al.: Hepatitis-C-Meldedaten nach IfSG, 2016 – 2018: Auswirkungen der Änderungen von Falldefinition und Meldepflicht. *Epid Bull.* 2019;30:275–85. DOI 10.25646/6206.2
- 11 Toyoda H, Kumada T, Takaguchi K et al.: Changes in hepatitis C virus genotype distribution in Japan. *Epidemiol Infect* 2014;142(12):2624–8
- 12 ECDC: [EU/EEA capacity for the surveillance of hepatitis B and C using molecular methods](#). Stockholm: ECDC 2018
- 13 Popping S, Cento V, Garcia F et al.: The need for a European hepatitis C programme monitoring resistance to direct-acting antiviral agents in real life to eliminate hepatitis C. *Journal of virus eradication* 2018;4(3):179–81
- 14 Rossi C, Butt ZA, Wong S et al.: Hepatitis C virus reinfection after successful treatment with direct-acting antiviral therapy in a large population-based cohort. *J Hepatol* 2018;69(5):1007–14
- 15 RKI: [Falldefinitionen des Robert Koch-Instituts zur Übermittlung von Erkrankungs- oder Todesfällen und Nachweisen von Krankheitserregern: gemäß § 4 Abs. 2 des Gesetzes zur Verhütung und Bekämpfung von Infektionskrankheiten beim Menschen \(Infektionsschutzgesetz - IfSG\)](#). 2016 ed. Berlin
- 16 Faensen D, Claus H, Benzler J et al.: SurvNet@RKI – a multistate electronic reporting system for communicable diseases. *Euro surveillance* 2006;11(4):100–3
- 17 Simeonova Y: Vorgehen, Schwierigkeiten und Verbesserungsbedarfe bei der Hepatitis-B- und Hepatitis-C-Meldung nach dem Infektionsschutzgesetz aus Sicht der Gesundheitsämter. Qualitative Experteninterviews mit ausgewählten Gesundheitsämtern. Hamburg, Deutschland: Hamburg University of Applied Sciences 2018
- 18 Zimmermann R, Meurs L, Schmidt D et al.: Zur Situation bei wichtigen Infektionskrankheiten in Deutschland. Hepatitis C im Jahr 2017. *Epid Bull.* 2018;29:271–81. DOI 10.17886/EpiBull-2018-035
- 19 [Infektionsschutzgesetz vom 20. Juli 2000 \(BGBl. I S. 1045\), das durch Artikel 1 des Gesetzes vom 17. Juli 2017 \(BGBl. I S. 2615\) geändert worden ist \(2000\)](#)
- 20 Sarrazin C, Zimmermann T, Berg T et al.: S3-Leitlinie Prophylaxe, Diagnostik und Therapie der Hepatitis-C-Virus (HCV)-Infektion. AWMF-Register-No.: 021/012. *Z Gastroenterol* 2018; 56 (7): 756–838
- 21 Diercke M: Deutsches Elektronisches Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS). *Epid Bull.* 2017;30:291–293. DOI 10.17886/EpiBull-2017-039
- 22 Seidel J, Diercke M: Häufig gestellte Fragen zum Deutschen Elektronischen Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS). *Epid Bull.* 2018;39:423–5. DOI 10.17886/EpiBull-2018-048
- 23 Kramer J, Wolfram I, Früh U, Bätz O, Berg T, Wiegand J: Laboratory reform counteracts the WHO hepatitis C elimination strategy in Germany. *J Viral Hepat.* 2019; 00: 1–3. <https://doi.org/10.1111/jvh.13188>

Autorinnen und Autoren

^{a)} Dr. Lynn Meurs | ^{c)} Stefan Albrecht | ^{b)} Prof. Dr. Claus-Thomas Bock | ^{d)} Sandra Dudareva | ^{d)} Dr. Viviane Bremer | ^{d)} Dr. Ruth Zimmermann

^{a)} Robert Koch-Institut | European Programme for Intervention Epidemiology Training (EPIET) European Centre for Disease Prevention and Control, Stockholm, Schweden

^{b)} Robert Koch-Institut | Abt. 1 Infektionskrankheiten | FG 15 Virale Gastroenteritis- und Hepatitisreger und Enteroviren

^{c)} Robert Koch-Institut | Abt. 2 Epidemiologie und Gesundheitsmonitoring | FG 21 Epidemiologisches Daten- und Befragungszentrum |

^{d)} Robert Koch-Institut | Abt. 3 Infektionsepidemiologie | FG 34 HIV/AIDS und andere sexuell oder durch Blut übertragbare Infektionen

Korrespondenz: ZimmermannR@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Meurs L, Albrecht S, Bock CT, Dudareva S, Bremer V, Zimmermann R: Verfügbarkeit von virologischen und klinischen Informationen zu Hepatitis C in Routine-Laboren in Deutschland – Ergebnisse einer Laborbefragung zur Hepatitis-C-Diagnostik und -Meldung nach Infektionsschutzgesetz.

Epid Bull 2020;9:3–11 | DOI 10.25646/6520

Interessenkonflikt

Die Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Danksagung

Die Autoren danken den teilnehmenden Laboren für ihre Beteiligung an der Erhebung. Herzlichen Dank an Dr. Martin Obermeier und Team und Dr. Dagmar Emrich und Team für ihre Unterstützung bei der Testung des Fragebogens und ihre wertvollen Beiträge zum Inhalt und zur Gestaltung des Fragebogens. Theresa Brüll danken wir für ihre technische Unterstützung und die Übersetzung des Artikels, Dr. Sooria Balasegaram für die kritische Überprüfung von Studienverfahren und -ergebnissen und Michaela Diercke für die Durchsicht des gesamten Artikels.

Nationales Referenzzentrum (NRZ) für Hepatitis-C-Viren

Erreger	Hepatitis-C-Viren
Institution	Institut für Virologie Universitätsklinikum Düsseldorf Universitätsstr. 1 40225 Düsseldorf
Homepage	https://www.uniklinik-duesseldorf.de/patienten-besucher/klinikeninstitutezentren/institut-fuer-virologie/nationales-referenzzentrum-fuer-hepatitis-c-viren
Ansprechpartner	Prof. Dr. med. Jörg Timm (Leitung) Dr. rer. nat. Andreas Walker (stellv. Leitung) Dr. rer. nat. Nadine Lübke Dr. med. Martin Obermeier
E-Mail	NRZ-HCV@med.uni-duesseldorf.de
Telefon	0211. 81 12225

Leistungsübersicht

- ▶ Abgabe von Referenzvirusstämmen (Typen und Subtypen)
- ▶ Nähere Charakterisierung von HCV-Isolaten, die mit den z. Z. üblichen Methoden der HCV-Genotypisierung nicht eingeordnet werden können oder die keine übliche Immunantwort zeigen
- ▶ Übernahme spezieller diagnostischer Aufgaben (z. B. im Rahmen der Bestimmung von Infektionsquellen durch Sequenzvergleiche)
- ▶ Unterstützung und Durchführung von Untersuchungen zum Beobachten der Verbreitung von Resistenzmutationen gegen antivirale Substanzen
- ▶ Unterstützung und Durchführung von Untersuchungen zur Unterscheidung von Therapieversagen und Re-Infektionen
- ▶ Unterstützung und Durchführung von Untersuchungen zur molekularen Epidemiologie von HCV

Komplexe Themen mit multisektoralen und interdisziplinären Simulationsübungen testen

Zwei *Table-Top-Exercises* zum Infektionsmanagement im Luftverkehr

Das Verbundvorhaben HyFly¹ ist ein im Rahmen des Konsortiums „InfectControl 2020 – Neue Anti-infektionsstrategien“ vom Bundesministerium für Bildung und Forschung gefördertes Drittmittel-Projekt mit einer Laufzeit von September 2016 bis Mai 2020. Das interdisziplinäre Verbundvorhaben besteht aus verschiedenen Partnern aus Wissenschaft und Wirtschaft.

Ziel von HyFly ist es, Infektionsketten im Luftverkehr zu identifizieren, zu verstehen und möglichst zu unterbrechen. Übertragungswege und Risikofaktoren für Übertragungen sollen identifiziert und bewertet sowie konkrete Handlungsempfehlungen abgeleitet werden, um Infrastruktur und Management im Luftverkehr infektionssicherer zu planen.

Im Bereich des Notfallmanagements und der Bereitschaftsplanung an Flughäfen sowie auch in der Implementierung der Internationalen Gesundheitsvorschriften (IGV)² haben sich Simulationsübungen etabliert, um eine angemessene und koordinierte Reaktion auf mögliche Gefahren für die Öffentliche Gesundheit zu üben.

In diesem Rahmen hat das Fachgebiet für Surveillance des Robert Koch-Instituts (RKI), Abteilung für Infektionsepidemiologie zwei *Table-Top-Exercises* (TTX) entwickelt, die genutzt werden können, um in Deutschland das Infektionsmanagement im Luftverkehr zu üben.

Für die Erstellung der beiden TTX wurden Leitlinien zur Entwicklung von Simulationsübungen vom *European Centre for Disease Prevention and Control* (ECDC)³ und der *Weltgesundheitsorganisation* (WHO)⁴ sowie die „Adult Learning Theory“⁵ berücksichtigt. Die Verwendung realistischer Szenarien und eine problemorientierte Herangehensweise ermöglichen den Übungsteilnehmenden einen strukturierten Austausch von Wissen und Erfahrungen.

Beide TTX wurden in einem interdisziplinären Experten-Workshop pilotiert, evaluiert und in Folge überarbeitet.

Die erste TTX basiert auf einem realen Ereignis eines Fluggastes mit Verdacht auf eine offene Lungentuberkulose. Das Szenario wurde modifiziert, um den Einsatz verschiedener Maßnahmen des Infektionsmanagements während des Fluges sowie nach der Landung am Flughafen üben zu können. Die einzelnen Informationen und Fragen werden von einem Moderator in chronologischer Abfolge in die Übungsgruppe eingebracht und von den Teilnehmenden bearbeitet. Die TTX ist für bis zu 20 Teilnehmende aus den Bereichen Gesundheit, Transport und Flughafen ausgelegt.

Die zweite TTX zielt auf die praktische Implementierung eines EXIT-Screenings an einem IGV-benannten deutschen Flughafen im Falle eines dramatischen Infektionsgeschehens innerhalb Deutschlands ab. Sie ist als moderierte Diskussion für 8 bis 10 Teilnehmende aus dem Public-Health- und dem Flughafensektor konzipiert. Sie besteht aus fünf Modulen (Ressourcen, Screening-Methoden, mögliche Barrieren, Implementierung des EXIT-Screenings sowie interne/ externe Kommunikation), die nach lokalem Bedarf angepasst werden können.

Für jede der Übungen ist eine Übungsevaluation durch die Teilnehmenden vorgesehen.

Beide Übungen enthalten verschiedene Materialien, die bei der Vorbereitung, Durchführung und Evaluation unterstützen können.

Die Vorbereitung einer TTX erfordert wenige Wochen; die relevanten Akteure sollten möglichst schon in die Vorbereitung der jeweiligen TTX eingebunden werden. Die Übungszeit beträgt ca. 3

Stunden. Die Nachbereitungszeit hängt vom Umfang der resultierenden Maßnahmen (Bericht, Nachtreffen, etc.) ab. Die Ergebnisse der Übungen können zur Überarbeitung bzw. Erstellung z. B. von Standardvorgehensweisen genutzt werden.

Die Übungsmaterialien sind frei verfügbar und können weiter genutzt werden, da das didaktische Konzept eine Anpassung an lokale Gegebenheiten, Kapazitäten und Ressourcen ermöglicht. Insgesamt sind *Table Top Exercises*, verglichen zu anderen Übungsformaten, eine kostengünstige und ressour-

cenarme Möglichkeit, komplexe Themen multisektoral und interdisziplinär zu üben.

Eine Nachnutzung und Anpassung der zur Verfügung gestellten Materialien ist unter Beachtung der [Creative Commons Lizenzbedingung CC BY-NC 4.0](#) ausdrücklich erwünscht.

Die Materialien können auf der Webseite des RKI unter folgendem Link bezogen werden:

<https://www.rki.de/hyfly>.

Literatur

- 1 [Verbundprojekt HyFly – Effektive Strategien zur Kontrolle von und Umgang mit Ausbreitungswegen von Erregern im Luftverkehr](#). www.infectcontrol.de/de/hyfly.html (aufgerufen: 21.02.2020)
- 2 [World Health Organization \(WHO\): International Health Regulations \(2005\) – Third edition](#). (2016). <https://www.who.int/ihr/publications/9789241580496/en/> (aufgerufen: 21.02.2020)
- 3 [European Centre for Disease Prevention and Control \(ECDC\): Handbook on simulation exercises in EU public health settings – How to develop simulation exercises within the framework of public health response to communicable diseases](#). (2014). <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/handbook-simulation-exercises-eu-public-health-settings> (aufgerufen: 21.02.2020)
- 4 [World Health Organization \(WHO\): Simulation Exercise Manual](#). (2017). <https://www.who.int/ihr/publications/WHO-WHE-CPI-2017.10/en/> (aufgerufen: 21.02.2020)
- 5 [Malcolm Knowles: Self-directed learning: a guide for learners and teachers](#). Group & Organization Studies. (1977 paperbound); 2 (2): 256–257 <https://journals.sagepub.com/doi/abs/10.1177/105960117700200220> (aufgerufen: 21.02.2020)

Autorinnen und Autoren

Juliane Seidel | Roxana Gieseler | Dr. Ute Rexroth | Dr. Maria an der Heiden

Robert Koch-Institut | Abteilung für Infektionsepidemiologie | Fachgebiet für Surveillance

Korrespondenz: Seidelj@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autoren geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Vorgeschlagene Zitierweise

Seidel J, Gieseler R, Rexroth U, an der Heiden M: Komplexe Themen mit multisektoralen und interdisziplinären Simulationsübungen testen – Zwei Table-Top-Exercises zum Infektionsmanagement im Luftverkehr.

Epid Bull 2020;9:12–13 | DOI 10.25646/6521

Die Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI erweitert die virologische Surveillance um SARS-CoV-2

Das Sentinelsystem der Arbeitsgemeinschaft Influenza (AGI) mit seiner syndromischen Surveillance akuter respiratorischer Erkrankungen (ARE) und der virologischen Surveillance respiratorischer Erreger ist ein zentrales Instrument im Gesamtkonzept der Überwachung von Influenza und weiteren akuten Atemwegserkrankungen in Deutschland. Virologische Analysen zu den zirkulierenden Influenzaviren, humanen Rhinoviren, respiratorischen Synzytialviren, Parainfluenzaviren und humanen Metapneumoviren führen das Nationale

Referenzzentrum für Influenzaviren und das Konsiliarlabor für respiratorische Synzytialviren, Parainfluenzaviren und humane Metapneumoviren ganzjährig durch. Die AGI hat prospektiv im Rahmen ihrer Sentinelfunktion eine Untersuchung auf das neuartige Coronavirus (SARS-CoV-2) in das Spektrum der zu untersuchenden Erreger integriert. Aktuelle Informationen des Robert Koch-Instituts (RKI) zu Erkrankungen (COVID-19) ausgelöst durch das neuartige Coronavirus (SARS-CoV-2) sind zusammengestellt unter www.rki.de/covid-19.

Das RKI stellt umfangreiche Informationen zu Erkrankungen mit dem neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 unter www.rki.de/covid-19 zur Verfügung

Neu auf der RKI-Website publizierte Dokumente

Hinweise zum ambulanten Management von COVID-19-Verdachtsfällen: Zur Sicherstellung der Patientenversorgung und Verhinderung einer Weiterverbreitung von Infektionen, wird die diagnostische Abklärung von Verdachtsfällen empfohlen. In bestimmten Situationen, in denen eine stationäre Aufnahme unter klinischen Gesichtspunkten nicht notwendig ist, kann bei Erfüllung gewisser Voraussetzungen dies in der ambulanten Betreuung erfolgen. In dem Dokument finden sich Hinweise zu den Voraussetzungen für ein solches Vorgehen sowie zu Hygienemaßnahmen.

Risikobewertung zu COVID-19: Das RKI erfasst kontinuierlich die aktuelle Lage, bewertet Informationen und schätzt das Risiko für die Bevölkerung in Deutschland ein. Die Gefahr für die Gesundheit der Bevölkerung wird in Deutschland aktuell als gering bis mäßig eingeschätzt. Informationen zur regionalen oder lokalen Ebene geben die Landes- und kommunalen Gesundheitsbehörden.

SARS-CoV-2/COVID-19 in die Differentialdiagnose einbeziehen: Aufgrund der raschen Veränderungen bei den zu berücksichtigenden Risikogebieten weist das RKI darauf hin, dass es zur frühzeitigen Erkennung einer Infektion über die Abklärung von begründeten Verdachtsfällen (s. Falldefinition) hinaus geboten ist, SARS-CoV-2 bei Vorliegen einer entsprechenden Reiseanamnese oder Zeichen einer Virus pneumoniae unklarer Ursache in die differentialdiagnostischen Überlegungen frühzeitig einzubeziehen.

Coronavirus-Infektion und häusliche Quarantäne (Merkblatt für Betroffene): In Form eines Flyers werden Informationen zur Quarantäne aufgeführt. Zudem wird auf Rechte und Regeln für Betroffene, Versorgung und Verhalten eingegangen.

COVID-19 Musteranschreiben: Es werden verschiedene Musteranschreiben für Gesundheitsbehörden zur Verfügung gestellt (z. B. Kontaktnachverfolgungen bei Personen mit Reiseanamnese, Informationen an andere Gesundheitsbehörden und häuslicher Quarantäne).

Aktualisierte Dokumente

Flussschema: Dieses bietet eine Orientierungshilfe für Ärzte zur Verdachtsabklärung von COVID-19-Fällen und daraus folgende Maßnahmen. Das Flussschema wird fortwährend der aktuellen Situation angepasst.

Antworten auf häufig gestellte Fragen (FAQ) zum Coronavirus SARS-CoV-2 werden fortwährend aktualisiert.

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten

6. Woche 2020 (Datenstand: 26. Februar 2020)

Ausgewählte gastrointestinale Infektionen

	Campylobacter-Enteritis			Salmonellose			EHEC-Enteritis			Norovirus-Gastroenteritis			Rotavirus-Gastroenteritis		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.
Baden-Württemberg	49	387	524	22	148	96	3	14	18	185	1.065	1.369	8	71	93
Bayern	91	645	644	25	131	127	2	16	20	284	1.940	1.917	44	187	460
Berlin	29	227	263	5	35	40	4	13	12	66	554	811	7	45	410
Brandenburg	30	186	189	4	28	36	0	5	4	99	784	669	11	80	303
Bremen	3	30	35	0	4	8	1	2	0	5	37	50	1	11	10
Hamburg	14	154	183	1	14	36	0	2	4	19	217	289	12	34	185
Hessen	44	358	358	3	61	74	3	5	8	113	670	992	13	65	158
Mecklenburg-Vorpommern	30	141	127	6	21	46	2	6	3	102	556	591	5	30	120
Niedersachsen	49	482	441	19	101	131	5	23	22	233	1.223	1.636	22	107	232
Nordrhein-Westfalen	167	1.496	1.488	42	220	209	3	33	34	408	3.038	4.054	54	302	369
Rheinland-Pfalz	36	288	362	15	59	73	3	10	12	90	587	1.255	6	35	103
Saarland	13	108	87	0	13	7	0	0	3	16	124	199	5	22	16
Sachsen	48	401	476	14	91	80	3	7	15	218	1.403	1.446	30	237	471
Sachsen-Anhalt	24	142	154	8	55	38	3	14	10	151	838	837	19	59	110
Schleswig-Holstein	24	219	218	4	28	31	2	8	0	47	285	399	5	51	174
Thüringen	35	211	174	15	103	67	0	4	6	133	790	738	13	119	233
Deutschland	686	5.476	5.725	183	1.112	1.100	34	162	171	2.169	14.111	17.255	255	1.455	3.447

Ausgewählte Virushepatitiden und respiratorisch übertragene Krankheiten

	Hepatitis A			Hepatitis B			Hepatitis C			Tuberkulose			Influenza		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.	6.	1.-6.	1.-6.
Baden-Württemberg	0	4	9	42	179	207	24	106	137	8	65	45	3.105	7.978	4.159
Bayern	2	9	11	34	185	240	24	95	131	7	48	74	8.161	18.157	10.167
Berlin	1	7	13	8	72	47	5	36	31	10	48	45	666	2.091	1.829
Brandenburg	0	6	2	2	12	13	1	13	5	3	14	13	658	1.746	1.140
Bremen	0	1	1	2	11	14	0	3	4	3	12	7	20	83	73
Hamburg	0	1	7	6	17	18	0	11	23	6	19	29	395	1.779	1.072
Hessen	0	4	6	19	82	104	12	53	62	13	65	52	947	2.631	2.075
Mecklenburg-Vorpommern	1	2	4	1	2	4	1	2	5	0	8	5	447	972	1.407
Niedersachsen	1	5	4	13	74	78	16	64	61	6	36	38	924	2.541	1.523
Nordrhein-Westfalen	3	18	21	32	176	172	26	147	149	19	114	134	2.337	6.166	4.503
Rheinland-Pfalz	1	5	5	11	71	55	6	25	31	3	19	20	789	1.988	1.227
Saarland	0	0	1	2	11	12	2	5	6	0	2	4	147	422	83
Sachsen	0	2	0	13	31	28	2	16	27	5	18	19	2.962	7.278	4.179
Sachsen-Anhalt	0	0	1	3	11	24	1	7	17	0	5	21	626	1.528	1.966
Schleswig-Holstein	0	1	3	7	44	27	5	27	30	1	23	13	383	1.379	761
Thüringen	1	1	3	4	11	15	0	8	7	3	6	13	1.105	2.381	918
Deutschland	10	66	91	199	989	1.058	125	618	726	87	502	532	23.674	59.122	37.085

Allgemeiner Hinweis: 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.

Ausgewählte impfpräventable Krankheiten

	Masern			Mumps			Röteln			Keuchhusten			Windpocken		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	6.	1.–6.	1.–6.	6.	1.–6.	1.–6.	6.	1.–6.	1.–6.	6.	1.–6.	1.–6.	6.	1.–6.	1.–6.
Baden-Württemberg	11	19	8	4	20	3	0	0	0	18	117	123	96	576	582
Bayern	0	2	20	2	17	14	0	1	0	53	284	309	132	706	892
Berlin	0	0	3	5	21	4	0	0	0	4	41	34	25	151	233
Brandenburg	0	0	0	1	1	1	0	0	0	9	52	64	9	95	63
Bremen	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	7	8	5	24	33
Hamburg	0	0	2	0	4	1	0	0	0	0	28	65	16	90	51
Hessen	0	1	10	2	8	9	0	0	0	18	101	71	18	172	173
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	0	0	1	3	0	0	0	16	55	31	12	32	50
Niedersachsen	0	0	9	1	5	5	0	0	0	9	48	53	33	197	173
Nordrhein-Westfalen	0	0	59	2	11	9	0	0	0	29	145	195	93	510	596
Rheinland-Pfalz	1	5	2	0	4	5	0	0	0	11	48	69	15	108	93
Saarland	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	7	2	2	9	7
Sachsen	0	0	8	0	0	0	0	0	0	14	57	125	46	232	223
Sachsen-Anhalt	0	0	0	0	0	1	0	0	0	7	49	53	4	23	34
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	1	2	0	0	0	5	39	36	17	102	88
Thüringen	0	0	2	1	3	0	0	0	0	24	91	62	9	66	62
Deutschland	12	27	123	18	96	59	0	1	0	218	1.169	1.300	532	3.093	3.354

Erreger mit Antibiotikaresistenz und *Clostridioides-difficile*-Erkrankung

	Acinetobacter-Infektion oder -Kolonisation (Acinetobacter mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit ¹)			Enterobacteriaceae-Infektion oder -Kolonisation (Enterobacteriaceae mit Carbapenem-Nichtempfindlichkeit ¹)			Clostridioides-difficile-Erkrankung, schwere Verlaufsform			Methicillin-resistenter Staphylococcus aureus (MRSA), invasive Infektion		
	2020		2019	2020		2019	2020		2019	2020		2019
	6.	1.–6.	1.–6.	6.	1.–6.	1.–6.	6.	1.–6.	1.–6.	6.	1.–6.	1.–6.
Baden-Württemberg	3	10	4	7	59	43	2	11	35	1	4	10
Bayern	2	3	4	11	65	54	4	29	36	2	14	30
Berlin	0	7	8	1	41	36	2	13	6	2	10	6
Brandenburg	1	3	0	2	7	7	1	10	15	2	5	4
Bremen	1	1	2	1	2	5	0	0	0	1	2	3
Hamburg	0	0	10	3	10	11	0	1	2	1	4	3
Hessen	0	7	8	10	70	75	3	18	13	1	13	8
Mecklenburg-Vorpommern	0	1	0	1	5	1	0	3	12	0	3	8
Niedersachsen	0	5	7	3	37	20	7	33	23	2	23	27
Nordrhein-Westfalen	6	27	16	23	146	115	12	76	82	9	55	87
Rheinland-Pfalz	1	3	1	2	25	27	3	7	8	1	4	7
Saarland	0	0	0	0	4	5	0	0	0	0	2	0
Sachsen	1	3	3	3	24	25	3	19	18	4	8	27
Sachsen-Anhalt	0	1	2	4	16	17	0	19	19	1	5	11
Schleswig-Holstein	0	0	4	2	16	7	1	4	6	2	10	5
Thüringen	0	2	0	2	11	9	0	11	8	1	6	7
Deutschland	15	73	69	75	539	457	38	254	283	30	168	243

¹oder bei Nachweis einer Carbapenemase-Determinante

Weitere ausgewählte meldepflichtige Infektionskrankheiten

Krankheit	2020		2019
	6.	1.–6.	1.–6.
Adenovirus-Konjunktivitis	7	60	161
Botulismus	0	0	0
Brucellose	0	4	1
Chikungunyavirus-Erkrankung	0	13	6
Creutzfeldt-Jakob-Krankheit	0	5	9
Denguefieber	9	74	110
Diphtherie	1	2	1
Frühsommer-Meningoenzephalitis (FSME)	0	3	6
Giardiasis	41	268	516
<i>Haemophilus influenzae</i> , invasive Infektion	13	168	147
Hantavirus-Erkrankung	1	29	47
Hepatitis D	2	9	4
Hepatitis E	82	418	416
Hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS)	0	3	4
Kryptosporidiose	24	133	124
Legionellose	19	139	135
Lepra	0	0	0
Leptospirose	2	18	5
Listeriose	10	89	85
Meningokokken, invasive Erkrankung	5	40	39
Ornithose	0	3	2
Paratyphus	0	4	3
Q-Fieber	1	8	4
Shigellose	4	43	78
Trichinellose	0	1	0
Tularämie	0	3	2
Typhus abdominalis	0	6	7
Yersiniose	44	301	233
Zikavirus-Erkrankung	0	2	2

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).

Zur aktuellen Situation bei ARE/Influenza in der 8. Kalenderwoche (KW) 2020

Zusammenfassende Bewertung der epidemiologischen Lage

Die Aktivität der ARE ist in der 8. KW 2020 bundesweit gesunken, die Werte des Praxisindex lagen insgesamt im Bereich moderat erhöhter ARE-Aktivität.

Internationale Situation

Ergebnisse der europäischen Influenzasurveillance

Von 48 Ländern, die für die 7. KW 2020 Daten an TESSy sandten, berichteten 5 Länder über eine Aktivität unterhalb des nationalen Schwellenwertes, 19 Länder über eine niedrige, 16 Länder (darunter Deutschland) über eine moderate, 7 Länder über eine hohe Influenza-Aktivität und ein Land (Slowenien) über eine sehr hohe Influenza-Aktivität. Weitere Informationen sind abrufbar unter (www.flunewseurope.org/).

Quelle: Wochenbericht der Arbeitsgemeinschaft Influenza des RKI für die 8. KW 2020
<https://influenza.rki.de>