



Epidemiologisches Bulletin

13. Juni 2016 / Nr. 23

AKTUELLE DATEN UND INFORMATIONEN ZU INFektionsKRANKHEITEN UND PUBLIC HEALTH

Norovirus-Infektionen ein Rückblick auf das Jahr 2015

Erstmals Nachweis des neuen Genotyps GII.17

DOI 10.17886/EPIBULL-2016-038

Einleitung

Noroviren (NV) sind weltweit verbreitet und lösen die Mehrzahl der nicht bakteriellen akuten Gastroenteritiden (AGE) aus.¹ Infektionen mit NV können das ganze Jahr über auftreten, werden aber vermehrt in den Wintermonaten (Oktober bis März) nachgewiesen. Die Magen-Darm-Erkrankung manifestiert sich meist durch wässrige Durchfälle mit schwallartigem Erbrechen und Übelkeit. Vereinzelt können diese typischen Symptome aber auch fehlen, stattdessen klagen die Patienten über Fieber und Schüttelfrost. Die Infektion mit NV ist in der Regel selbstlimitierend, nach 72 Stunden klingen die Symptome vollständig ab. Bei immunsupprimierten Patienten werden häufig persistente NV-Infektionen beobachtet.² Die Übertragung der Viren erfolgt fäkal-oral, über Aerosole, durch Kontakt zu infizierten Personen, über Kontakte mit kontaminierten Flächen oder über kontaminierte Lebensmittel. NV-Infektionen gehören nach dem Infektionsschutzgesetz (IfSG) § 6 und § 7 zu den meldepflichtigen Erkrankungen. Seit 2010 wurden jährlich durchschnittlich 107.000 NV-Infektionen an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelt. Damit sind NV-Infektionen die am häufigsten gemeldete Infektionskrankheit in Deutschland.

Noroviren werden in sieben Genogruppen unterschieden, nur Viren der Genogruppen GI, GII und GIV sind humanpathogen. Die Genogruppen werden weiter in Genotypen unterteilt. Zurzeit sind mehr als 30 unterschiedliche Genotypen beschrieben.^{3,4} Die Population der NV ist ständigen Veränderungen unterworfen, wobei die Viren sich durch Anhäufung von Mutationen im Genom so weit voneinander unterscheiden können, dass neue Varianten entstehen (sogenannter genetischer Drift). Dies wird vor allem beim weltweit dominanten Genotyp GII.4 beobachtet. Alle 3 bis 4 Jahre tritt eine neue Driftvariante auf, die die vorherige vollständig verdrängt. Neben diesem genetischen Drift verändern sich Noroviren durch Rekombination. Dabei treten inter- und intragenotypische Rekombinanten auf. Neben diesen Veränderungen der Viren selbst kann sich auch die Zusammensetzung der NV-Population durch das gehäufte Auftreten von bislang seltenen detektierten Genotypen verändern. Diese Veränderungen werden vom Konsiliarlabor für Noroviren (KL NV) durch eine umfangreiche molekulare Surveillance analysiert und kommuniziert.

Norovirus-Infektionen im Jahr 2015

Ausbruchsgeschehen

Im Jahr 2015 wurden dem KL NV 273 vorgetestete NV-positive Proben aus insgesamt 129 Ausbrüchen zur Genotypisierung und Aufklärung von Infektionsketten zugesandt. Zusätzlich erhielt das KL NV 27 Proben von sporadischen Fällen einer AGE.

Diese Woche 23/2016

Norovirus-Infektionen ein Rückblick auf das Jahr 2015

Monatsstatistik nichtnamentlicher Meldungen ausgewählter Infektionen März 2016

Aktuelle Statistik meldepflichtiger Infektionskrankheiten 20. Woche 2016

Listeriose-Ausbruch in Süddeutschland

