

**Aus der Klinik für Infektiologie**

**der Universität zu Lübeck**

**Direktor: Prof. Dr. med. Jan Rupp**

---

Bewertung des Übertragungsrisikos von SARS-CoV-2 bei Beschäftigten der  
Tourismusbranche in einer stark frequentierten Touristenregion in Lübeck und der  
Lübecker Bucht

Inauguraldissertation

zur

Erlangung der Doktorwürde

der Universität zu Lübeck

- Aus der Sektion Medizin -

vorgelegt von

Henrike Luise Thießen

aus Achim

Lübeck 2025

1. Berichterstatter\*in: Prof. Dr. med. Jan Rupp

Ko-Betreuer\*in: Prof. Dr. med. Karl-Friedrich Klotz

2. Berichterstatter\*in: PD Dr. med. Christian Elsner

Tag der mündlichen Prüfung: 17.12.2025

Zum Druck genehmigt. Lübeck, den 18.12.2025

-Promotionskommission der Sektion Medizin-

# Inhaltsverzeichnis

|   |    |
|---|----|
| <b>1. Einleitung</b> .....  | 8  |
| 1.1 Coronaviren .....   | 8  |
| 1.1.1 Durch Coronaviren verursachte Epidemien.....                                | 9  |
| 1.2 COVID-19-Pandemie .....   | 10 |
| 1.2.1 Präventionsmaßnahmen und Pandemiebekämpfung .....                           | 12 |
| 1.2.2 COVID-19 .....  | 13 |
| 1.2.3 Übertragung und Ausbreitung von SARS-CoV-2.....                             | 15 |
| 1.2.4 „Superspreading-Events“ (SSE).....  | 16 |
| 1.3 Tourismussektor in Schleswig-Holstein während der COVID-19-Pandemie .....     | 17 |
| 1.4 Fragestellung/Zielsetzung.....  | 18 |
| <b>2. Material und Methoden</b> .....   | 19 |
| 2.1 Studiendesign.....  | 19 |
| 2.2 Studienteilnehmer .....   | 19 |
| 2.2.1 Das Ausbruchsgeschehen im Oktober 2020 .....                                | 21 |
| 2.2.2 Beschreibung der Kollektive .....   | 22 |
| 2.3 Studiendurchführung .....   | 23 |
| 2.4 Fragebogen.....   | 24 |
| 2.5 Nasen-/Rachenabstrich .....   | 25 |
| 2.6 Fingerkuppenblut zur Antikörpertestung.....                                   | 25 |
| 2.7 Statistische Methoden.....  | 26 |
| <b>3. Ergebnisse</b> .....  | 28 |
| 3.1 SARS-CoV-2-Inzidenzen und touristische Kennzahlen in Schleswig-Holstein ..... | 28 |
| 3.2 Demographische Daten des Gesamtkollektivs.....                                | 30 |
| 3.2.2 SARS-CoV-2-Testungen im Gesamtkollektiv .....                               | 32 |
| 3.3 Charakterisierung des Ausbruchskollektivs .....                               | 34 |
| 3.3.1 Demographische Daten des Ausbruchskollektivs.....                           | 36 |
| 3.3.2 Risikofaktoren für einen Clusterausbruch .....                              | 37 |

|  |           |
|--|-----------|
| 3.3.3 Symptombezogene Daten der SARS-CoV-2-Infizierten ..... | 40        |
| <b>4. Diskussion</b> .....                                   | <b>42</b> |
| 4.1 Antikörper .....   | 43        |
| 4.2 Risikofaktoren für die Übertragung von SARS-CoV-2.....   | 44        |
| 4.2.1 Wohnverhältnisse als Risikofaktor .....                | 44        |
| 4.2.2 Arbeitsbereich als Risikofaktor .....                  | 45        |
| 4.2.3 Sprachbarriere als Risikofaktor .....                  | 46        |
| 4.2.4 Zusammenleben mit Kindern als Risikofaktor .....       | 47        |
| 4.3 Symptome .....   | 48        |
| 4.4 Probenentnahme und Nachweismethoden .....                | 49        |
| 4.5 Limitationen.....  | 49        |
| 4.6 Ausblick .....   | 50        |
| <b>5. Zusammenfassung</b> .....                              | <b>52</b> |
| <b>6. Literaturverzeichnis</b> .....                         | <b>53</b> |
| <b>7. Anhang</b> .....                                       | <b>66</b> |
| 7.1 Abbildungsverzeichnis .....                              | 66        |
| 7.2 Tabellenverzeichnis .....                                | 67        |
| 7.3 Fragebogen.....  | 68        |
| <b>8. Danksagung</b> .....                                   | <b>69</b> |

## Abkürzungsverzeichnis

|                |   |
|----------------|---|
| ACE-2          | Angiotensin Converting Enzyme 2                     |
| AHA+L          | Abstand, Händedesinfektion, Alltagsmaske und Lüften |
| ARDS           | Acute Respiratory Distress Syndrome                 |
| BMI            | Body Mass Index                                     |
| COVID-19       | Coronavirus disease 2019                            |
| CSG            | Coronavirus Study Group                             |
| E-Gen          | Envelope-Gen  |
| ECMO           | Extracorporeal membrane oxygenation                 |
| ELISA          | Enzyme-linked Immunosorbent Assay                   |
| FFP2           | Filtering face piece der Schutzklasse 2             |
| FFP3           | Filtering face piece der Schutzklasse 3             |
| HCoV-229E      | Humanes Coronavirus 229E                            |
| HCoV-HKU1      | Humanes Coronavirus HKU1                            |
| HCoV-NL63      | Humanes Coronavirus NL63                            |
| HCoV-OC43      | Humanes Coronavirus OC43                            |
| ICTV           | International Committee on Taxonomy of Viruses      |
| IfSG           | Infektionsschutzgesetz                              |
| IgG            | Immunglobulin G                                     |
| MERS-CoV       | Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus        |
| MNS            | Mund-Nasen-Schutz                                   |
| NA             | nicht angegeben                                     |
| NCP            | Nukleokapsidprotein                                 |
| ORF1-Gen       | Open reading frame 1-Gen                            |
| PCR            | Polymerase chain reaction                           |
| R <sub>0</sub> | Basisreproduktionszahl                              |
| RKI            | Robert-Koch-Institut                                |
| RNA            | Ribonucleic acid                                    |
| RSV            | Respiratorisches Synzytial-Virus                    |
| RT-PCR         | Reverse transcription polymerase chain reaction     |
| SARS           | Severe Acute Respiratory Syndrome                   |
| SARS-CoV       | Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus       |
| SARS-CoV-1     | Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Typ 1 |
| SARS-CoV-2     | Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Typ 2 |

|       |   |
|-------|---|
| SE    | Standardabweichung                                |
| SPA   | “Sanus per aquam”, übersetzt: gesund durch Wasser |
| SSE   | Superspreading Events                             |
| UKSH  | Universitätsklinikum Schleswig-Holstein           |
| UNWTO | United Nations World Tourism Organization         |
| WHO   | World Health Organization                         |

**Genderhinweis:**

In dieser Arbeit wird aus Gründen der besseren Lesbarkeit die männliche Anrede verwendet. Die verwendeten Personenbezeichnungen beziehen sich – sofern nicht anders kenntlich gemacht – auf alle Geschlechter.

# 1. Einleitung

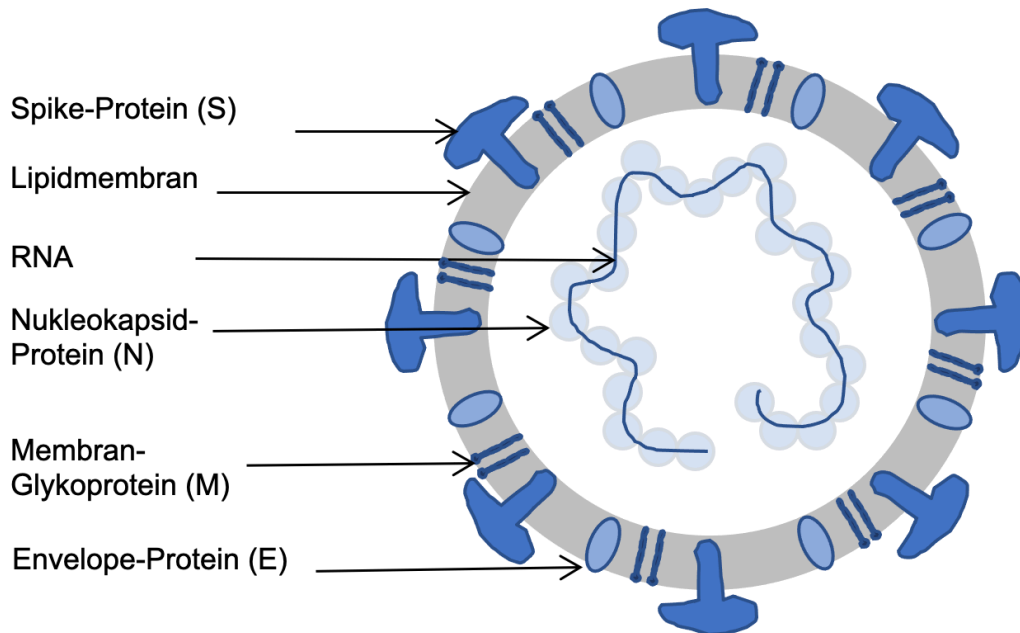
Mit dem Beginn der COVID-19-Pandemie im Januar 2020 kam es weltweit zu massiven Reiseeinschränkungen und Schließungen gewerblicher Beherbergungsbetriebe aufgrund globaler Lockdowns (1). Die wirtschaftlichen Belastungen durch den eingeschränkten und teilweise zum Erliegen gekommenen Tourismus waren in den meisten europäischen Ländern immens (2). Bereits vor dem Beginn der COVID-19-Pandemie wurde die globale Tourismusbranche mit einer Reihe von Krisen konfrontiert, erwies sich jedoch stets als sehr widerstandsfähig (3). So ging beispielsweise nach dem Terroranschlag in den USA am 11.09.2001 ebenso wie bei der SARS-CoV-1-Pandemie im Jahr 2003 der Reiseverkehr stark zurück, erholte sich aber innerhalb weniger Monate wieder (4,5). Es führte bisher kein Ereignis zu einem so langfristigen und schweren Rückgang des weltweiten Tourismus und Reiseverkehrs wie die COVID-19-Pandemie (6).

Einzelereignisse wie der Ausbruch in Ischgl/Österreich im März 2020 erlangten enorme mediale Aufmerksamkeit und entfachten eine Diskussion über den Beitrag des Tourismus zu hohen SARS-CoV-2-Inzidenzen in verschiedenen Ländern (7). Schon früh im Verlauf der Pandemie wurde deutlich, dass einer erhöhten Mobilität der Menschen und grenzüberschreitendem Tourismus zwischen Ländern mit unterschiedlichen Inzidenzen eine besondere Bedeutung bei der Ausbreitung von SARS-CoV-2 zukommt (8–11).

## 1.1 Coronaviren

Coronaviren gehören zu der Virusfamilie der Coronaviridae und wurden in den 1960er Jahren erstmals beschrieben. Sie gehören zu den RNA-Viren und sind ca. 60-160nm groß (12). Ihr charakteristisches, kronenartiges Aussehen unter dem Elektronenmikroskop ist namensgebend für Coronaviren (Corona ist lateinisch für Kranz, Krone) (13,14). Die Virushülle ist besetzt mit nach außen ragenden Proteinstrukturen, den sogenannten Spikes. Sie dienen dem Eintritt in die Zelle (Abb. 1) (15,16). Im Inneren der Hülle befindet sich einzelsträngige RNA. Diese kodiert für RNA-Replikationsproteine sowie für vier Strukturproteine (S, E, M und N). Die Strukturproteine S, E und M sind in der Virusmembran eingelagert (Abb. 1). Das N-Protein bildet mit dem Virusgenom das Nukleokapsid (Abb. 1) (17). Das Genom der

Coronaviren zählt mit ca. 27.600 bis 31.000 Nukleotiden zu den längsten Genomen aller bekannten RNA Viren (18).



**Abb. 1: Schematische Darstellung eines Coronavirus im Querschnitt**  
modifiziert nach (19)

Die Familie der Coronaviren wird in vier Gattungen unterteilt, Alpha-, Beta-, Gamma- und Deltacoronaviren. Coronaviren sind in der Tierwelt weit verbreitet. Sie wurden bisher unter anderem in Fledermäusen, Schleichkatzen, Vögeln und Kamelen identifiziert (20,21). Die Viren haben die Fähigkeit, ihr Wirtsspektrum auf den Menschen zu erweitern (22). So wurden bisher sieben humanpathogene Coronavirus-Spezies beschrieben: Humanes Coronavirus 229E (HCoV-229E) und Humanes Coronavirus NL63 (HCoV-NL63) aus der Gattung der Alphacoronaviren, Humanes Coronavirus HKU1 (HCoV-HKU1), Humanes Coronavirus OC43 (HCoV-OC43), Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus (SARS-CoV), Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) und Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus Typ 2 (SARS-CoV-2) aus der Gattung der Betacoronaviren (23).

### 1.1.1 Durch Coronaviren verursachte Epidemien

Das klinische Bild einer Coronavirusinfektion beim Menschen ist vielfältig und reicht von milden, selbstlimitierenden Atemwegsinfektionen bis hin zu schweren Lungenentzündungen, Multiorganversagen und mitunter tödlichen Verläufen (24–

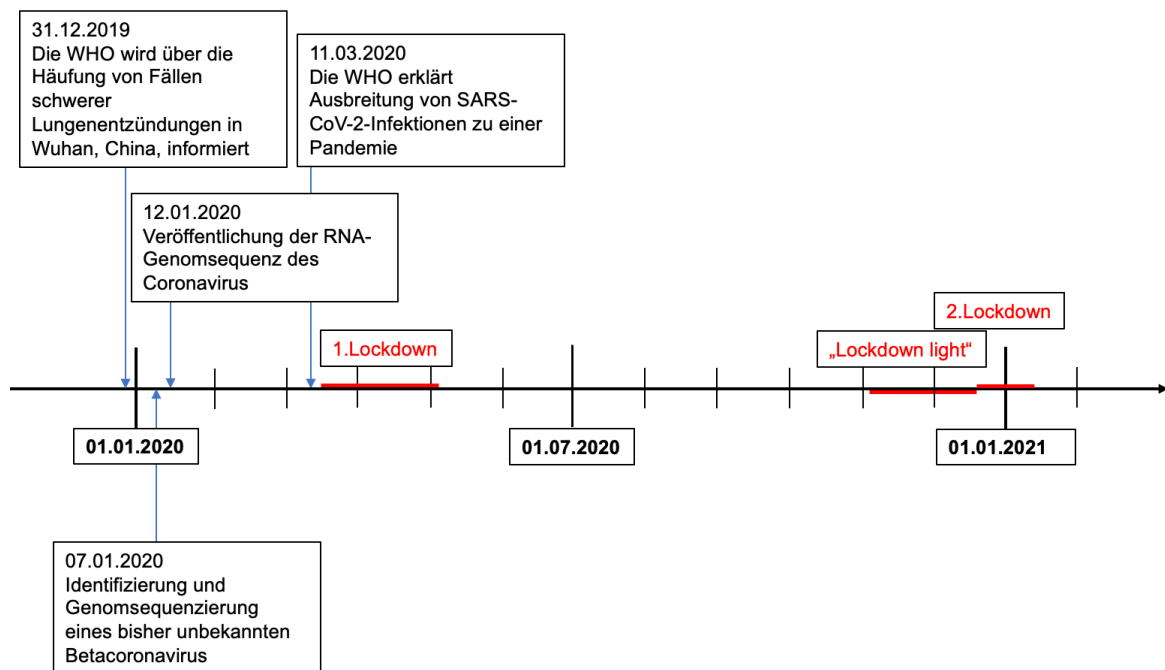
26). Ende 2002 kam es in einer südchinesischen Provinz zu einem gehäuften Auftreten von Lungenentzündungen unklarer Genese mit schweren klinischen und oft tödlichen Verläufen. Die Patienten klagten u.a. über Fieber, trockenen Husten und Muskelschmerzen (27). Die Erkrankung wurde als schweres akutes respiratorisches Syndrom (SARS) bezeichnet (28). Insgesamt erkrankten zwischen November 2002 und Juli 2003 mehr als 8.000 Personen, 744 von ihnen starben (29). Im März 2003 gelang es Forschern schließlich, ein Coronavirus, welches Auslöser für die Erkrankungen war, aus einer Zellkultur zu isolieren: das SARS-Coronavirus (SARS-CoV) (30,31).

Im Oktober 2012 konnte aus dem Sputum eines Patienten aus Saudi-Arabien ein neues Betacoronavirus isoliert werden, das Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV) (32). Zuvor waren seit April 2012 auf der arabischen Halbinsel mehrere Patienten durch MERS-CoV an einer schweren Lungenentzündung, oft mit begleitender Diarrhoe und Nierenversagen, erkrankt. Von den 2.400 laborbestätigten Fällen starben mehr als 800 (33–36). In beiden genannten Beispielen handelte es sich um Epidemien. Kennzeichnend für eine Epidemie ist eine zeitlich und räumlich begrenzte Ausbreitung von Infektionskrankheiten (37).

## **1.2 COVID-19-Pandemie**

Die World Health Organisation (WHO) wurden am 31.12.2019 über eine Häufung von Fällen schwerer Lungenentzündungen unbekannter Ursache in der Stadt Wuhan, Provinz Hubei, China, informiert (38). Die betroffenen Personen litten unter anderem an Fieber, Luftnot, Husten, Abgeschlagenheit und Muskelschmerzen (24). Am 07.01.2020 gelang chinesischen Forschern die Identifizierung eines bis dahin unbekanntes Betacoronavirus aus Atemwegsmaterialien von fünf symptomatisch erkrankten Patienten aus Wuhan (39). Fast zeitgleich mit der Veröffentlichung der kompletten RNA-Genomsequenz des Coronavirus am 12.01.2020 wurden Nachweismethoden des Virus mittels Reverse-Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion (Englisch: reverse transcription polymerase chain reaction, kurz RT-PCR) entwickelt (Abb. 2) (40,41). Die Coronavirus Study Group (CSG) des International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV), zuständig für die Klassifikation und Taxonomie neuer Coronaviren, benannte das Virus als „severe acute respiratory syndrome coronavirus 2“ (SARS-CoV-2) (28). Die Erkrankung, die

durch SARS-CoV-2 verursacht wird, bezeichnete die WHO als „coronavirus disease 2019“, kurz COVID-19 (42).



**Abb. 2: Zeitlicher Verlauf der Pandemie in Deutschland von Ende 2019 bis Anfang 2021**

Zeiträume der drei Lockdowns (modifiziert nach (43)): 1. Lockdown: 22.03.2020 bis zum 03.05.2020, „Lockdown light“: 02.11.2020 bis zum 15.12.2020, 2. Lockdown: 16.12.2020 bis zum 10.01.2021

Bei dem Verdacht auf eine Infektion mit SARS-CoV-2 beim Menschen stellen Nasen-/Rachenabstriche die Referenzmethode der Probenentnahme zum Nachweis des Virus dar. Der Nachweis des Virus kann mittels Antigennachweis erfolgen. Aufgrund der höheren Sensitivität gelten jedoch RT-PCR als „Goldstandard“ zum direkten Erregernachweis. Mittels RT-PCR werden verschiedene Zielsequenzen (S-/E-/M-/ORF1ab-Gen), die kennzeichnend für SARS-CoV-2 sind, nachgewiesen (40). Zur Detektion einer zurückliegenden SARS-CoV-2-Infektion dient der Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper, die gegen unterschiedliche Virusantigene wie z.B. das Spike- oder Nukleokapsid-Protein gerichtet sind. Hierzu werden verschiedene Immunoassay-Verfahren (u.a. Enzyme-linked Immunosorbent Assay (ELISA)) zum Nachweis von IgM und IgG Antikörpern angewandt (44).

Innerhalb weniger Wochen Anfang 2020 breitete sich SARS-CoV-2 weltweit aus und führte zu rasch steigenden Infektions- und Todeszahlen (45). Anfang April 2020 waren weltweit bereits mehr als 1.000.000 Personen infiziert und es wurden ca.

80.000 Todesfälle im Zusammenhang mit einer SARS-CoV-2-Infektion dokumentiert (46). Auch der Anteil schwerer Krankheitsverläufe mit stationärer und/oder intensivmedizinischer Behandlungsnotwendigkeit nahm rasant zu und führte in vielen Ländern zu einer enormen Belastung der Gesundheitssysteme (47–49). Nationale und internationale Strategien zur Eindämmung der Ausbreitung von SARS-CoV-2 wurden entwickelt und umgesetzt. So bezeichnete die WHO am 30.01.2020 die Ausbreitung von SARS-CoV-2 als „gesundheitliche Notlage von internationaler Tragweite“ und erklärte COVID-19 am 11.03.2020 zu einer Pandemie (Abb. 2) (50,51). Kennzeichnend für Pandemien sind im Allgemeinen eine zeitlich begrenzte, räumlich jedoch unbegrenzte, weltweite Ausbreitung einer Infektionskrankheit mit einer hohen Anzahl an Infizierten (52).

Auch in Deutschland stiegen die Zahlen der bestätigten SARS-CoV-2-Infektionen nach Detektion des ersten Infektionsfalls am 28.01.2020 in den ersten drei Monaten des Jahres 2020 rasch an. Die Anzahl der bestätigten Fälle betrug Anfang April 2020 bereits mehr als 67.000 (53,54). Als Reaktion auf die steigenden Infektionszahlen beschloss die deutsche Bundesregierung zur Eindämmung der Pandemie am 22.03.2020 Maßnahmen zur „Beschränkung sozialer Kontakte“ und erließ am 27.03.2020 ein „Gesetz zum Schutz der Bevölkerung bei epidemischer Lage von nationaler Tragweite“, welches zu erheblichen Einschränkungen im öffentlichen Leben führte (49). Diese Phase, in der das öffentliche Leben bundesweit weitestgehend stillstand, wird im Volksmund als „1. Lockdown“ bezeichnet (Abb. 2) (55,56). Ab dem 03.05.2020 wurden die Maßnahmen schrittweise gelockert. Aufgrund bundesweit erneut steigender Infektionszahlen im Herbst 2020 kam es ab dem 02.11.2020 abermals zu erheblichen Einschränkungen im öffentlichen Leben, dem sogenannten „Lockdown light“ (Abb. 2) (57). Diese Maßnahmen wurden bei weiter steigenden Infektionszahlen ab dem 16.12.2020 noch einmal verschärft, sodass das öffentliche Leben Ende 2020 in Deutschland im Sinne eines 2. Lockdowns erneut stillstand (Abb. 2) (58).

### **1.2.1 Präventionsmaßnahmen und Pandemiebekämpfung**

Um Ausbruchereignisse zu minimieren, waren Maßnahmen zur Vermeidung von SARS-CoV-2-Übertragungen ein wichtiger Bestandteil zur Eindämmung der Pandemie. Für die SARS-CoV-2-Pandemiebekämpfung wurde in Deutschland im Jahr 2020 eine Mehrkomponentenstrategie aus Schutz- und Hygienemaßnahmen

entwickelt und unter der „AHA+L“-Formel (**A**bstand, **H**ändehygiene, **A**lltagsmaske und **L**üften) zusammengefasst (59). Zentrale Maßnahme des Infektionsschutzes stellte die Einhaltung einer physischen Distanz von 1,5 m dar (**AHA+L**). Da die Übertragung von SARS-CoV-2 auch indirekt über den Kontakt mit kontaminierten Oberflächen oder infizierten Personen erfolgen kann, war eine regelmäßige Händehygiene ein weiterer wichtiger Baustein zur Prävention einer Infektion mit SARS-CoV-2 (**AHA+L**) (60). Studien konnten zeigen, dass eine 30-sekündige Händedesinfektion entscheidend zu einer Virusinaktivierung und damit zu einer Minimierung der Virusübertragung beitragen kann (61). Zusätzlich stellten medizinische Gesichtsmasken im Sinne eines Mund-Nasen-Schutzes (MNS) sowie partikelfiltrierende Halbmasken (FFP2-/FFP3-Masken) einen essentiellen Bestandteil zum Infektionsschutz dar, da die Verwendung von Gesichtsmasken nachweislich zu einer Reduktion von Virusübertragungen und damit zu einer Reduktion des Infektionsrisikos führt (**AHA+L**) (62–64). Hierbei ist zu unterscheiden, dass der chirurgische Mund-Nasen-Schutz durch seine Filterwirkung primär andere Personen vor einer Ansteckung schützt (Fremdschutz), während FFP2/FFP3-Masken aufgrund ihrer höheren Filterwirkung auch dem persönlichen Schutz dienen (65). Um die Gefahr einer Ansteckung durch Anreicherung von Aerosolen auch in geschlossenen Räumen zu minimieren, gilt regelmäßiges Lüften ebenfalls als effektive Maßnahme zur Reduktion des Infektionsrisikos (**AHA+L**) (66).

Ergänzend zu den genannten übertragungsreduzierenden Maßnahmen (**AHA+L**) zur Unterbrechung von Infektionsketten und Eindämmung von Ausbrüchen spielten die generelle Reduktion sozialer Kontakte sowie die Kontaktnachverfolgung und rasche Isolation von Infizierten und Kontaktpersonen eine entscheidende Rolle (67). Hierbei fokussierten sich die deutschen Gesundheitsämter besonders auf Situationen mit hohem Übertragungspotential oder Übertragungseignisse, in denen Risikogruppen oder medizinisches Personal involviert waren (68).

### **1.2.2 COVID-19**

Die Krankheitsverläufe von COVID-19 sind vielfältig, variieren stark in der Schwere und Symptomatik und reichen von asymptomatischen bis hin zu tödlichen Verläufen. Zu den häufigsten Symptomen von COVID-19 zählten während der ersten beiden großen Infektionswellen in Deutschland im Zeitraum von Januar 2020 bis Februar 2021 Husten, Fieber und Allgemeinbeschwerden wie Glieder-

schmerzen und Schwäche (69). Laut Meldesystem für Infektionskrankheiten gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG) verlief die Erkrankung im angegebenen Zeitraum, ungeachtet der Risikofaktoren der einzelnen Infizierten, in den meisten Fällen mild (keine Hospitalisierung, keine Pneumonie, kein Versterben) und klang in der Regel nach ca. zwei Wochen spontan ab (69,70). Ungefähr 10% der symptomatisch Infizierten mussten stationär aufgenommen werden und 3,1% verstarben (69).

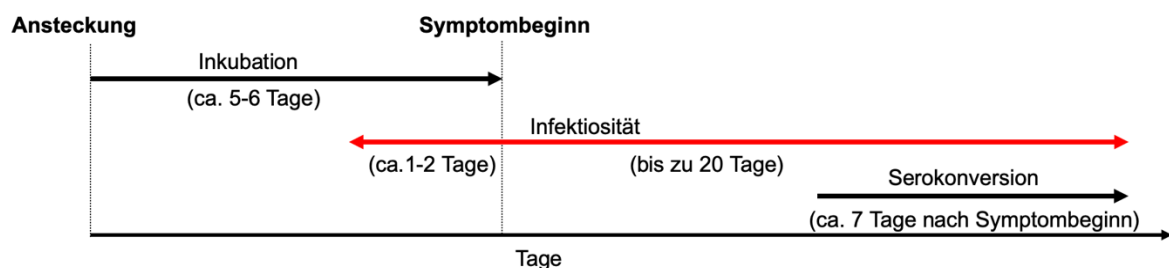
SARS-CoV-2 wird zumeist über Zellen der oberen und unteren Atemwege aufgenommen, die den Angiotensin Converting Enzyme 2 (ACE-2) Rezeptor exprimieren (15). Diese Rezeptoren sind jedoch nicht nur auf Atemwegsepithelzellen beschränkt sondern finden sich auch auf Endothelzellen und Makrophagen (71). COVID-19 kann sich so in unterschiedlichen Organsystemen, u.a. dem kardiovaskulären System, den Nieren und dem Darm, manifestieren. Hierdurch lassen sich zumindest teilweise unterschiedliche Verläufe und Schweregrade der Erkrankung erklären. Eine SARS-CoV-2-assoziierte Lungenentzündung kann zu einem beatmungspflichtigen Acute Respiratory Distress Syndrome (ARDS) fortschreiten (bis Ende 2020 in 6-7% der SARS-CoV-2-assoziierten Lungenentzündungen weltweit) und zu der Notwendigkeit einer extrakorporalen Lungenunterstützung (ECMO) führen (72–74). Eine weitere Komplikation schwerer COVID-19-Verläufe stellen thromboembolische Ereignisse, wie z.B. Myokardinfarkte oder Lungenarterienembolien, dar (75–77). Auch die Gefahr, ein dialysepflichtiges Nierenversagen zu entwickeln, ist bei schweren COVID-19-Verläufen erhöht (78). Zudem kann es bei schweren Verläufen in einer späteren Erkrankungsphase zu einem Hyperinflammationssyndrom mit plötzlicher, rascher klinischer Verschlechterung und Multiorganversagen aufgrund einer überschießenden Immunantwort kommen (79,80).

Während der ersten Erkrankungswellen 2020 wurden schwere Verläufe einer Infektion in Deutschland insbesondere bei Personengruppen mit einem oder mehreren der folgenden Merkmale beobachtet: männliches Geschlecht, Raucher, Adipositas (BMI > 30), Alter >50 Jahre, verschiedene Vorerkrankungen, u.a. Erkrankungen des Herz-Kreislauf-Systems, chronische Lungen-/Leber-/Nierenerkrankungen, Diabetes mellitus, Krebserkrankungen, Immunschwäche (81).

### 1.2.3 Übertragung und Ausbreitung von SARS-CoV-2

Die Übertragung von SARS-CoV-2 erfolgt hauptsächlich von Mensch zu Mensch über die respiratorische Aufnahme virushaltiger Partikel (82). Diese Partikel werden als Tröpfchen und Aerosole u.a. beim Husten, Atmen und Sprechen freigesetzt (83,84). Tröpfchen haben eine Größe von ca. 5  $\mu\text{m}$  und sinken nach ihrer Freisetzung aufgrund ihrer Größe relativ rasch innerhalb von Sekunden bis Minuten im Abstand von max. 2 m zur Quelle zu Boden (85). Durch Niesen und Husten können Tröpfchen jedoch je nach herrschenden Luft- und Windbewegungen ca. 6-8 m weit transportiert werden (85–88). Aerosole sind mit 0,3-5  $\mu\text{m}$  kleiner als Tröpfchen und können deutlich länger in der Luft verbleiben und auch größere Distanzen überbrücken (89,90). In Studien gelang unter Laborbedingungen der Nachweis von SARS-Cov-2 in Aerosolen auch noch nach bis zu 16 Stunden (60,91). Eine besondere Bedeutung kommt deshalb Übertragungen von SARS-CoV-2 in geschlossenen, schlecht gelüfteten Räumen zu. Hier können sich virushaltige Partikel leicht verbreiten (66,92).

Die Inkubationszeit von SARS-CoV-2, der Zeitraum zwischen Ansteckung und Symptombeginn, beträgt ca. 5-6 Tage (93–95). Jedoch können präsymptomatisch Infizierte, aufgrund der sich überlappenden Zeiträume von Inkubation und Infektiosität, bereits ca. 1-2 Tage vor Symptombeginn SARS-CoV-2-haltige Partikel freisetzen und so andere Menschen infizieren (96,97). Ebenso können asymptomatisch Infizierte Überträger des Virus sein (98–100). Die Serokonversion beginnt ca. 7 Tage nach Symptombeginn und beschreibt den Zeitraum, in dem sich erste erregerspezifische Antikörper bilden (Abb. 3) (101).



**Abb. 3: Zeitlicher Verlauf einer Infektion mit SARS-CoV-2**

modifiziert nach (102), x-Achse: Zeitachse in Tagen mit festen Zeitpunkten „Ansteckung“ und „Symptombeginn“ und den Zeiträumen „Inkubation“ und „Infektiosität“ sowie „Serokonversion“

### 1.2.4 „Superspreading-Events“ (SSE)

Die Basisreproduktionszahl ( $R_0$ ) einer Pandemie beschreibt die zu erwartende Anzahl an Sekundärinfektionen, die von einem Primärfall ausgehen (103,104). Die Angaben von  $R_0$  für SARS-CoV-2 variieren stark, da die Übertragungsdynamik von SARS-CoV-2 komplex und von einer hohen interindividuellen Varianz geprägt ist (105). So zeigt die Betrachtung mehrerer Ausbruchsgeschehen, dass wenige infizierte Personen eine große Anzahl an Sekundärinfektionen hervorrufen können, während andere Infizierte kaum Sekundärinfektionen verursachen. Endo u.a. gehen davon aus, dass 80% der Übertragungen von SARS-CoV-2 von nur ca. 10% der infizierten Personen verursacht werden (106).

Ausbruchereignisse, bei denen einige wenige Infizierte, sogenannte „Superspreeder“, eine große Anzahl an Menschen anstecken, werden „Superspreading-Events“ (SSE) genannt. Es sind explosive Übertragungereignisse, die eine tragende Rolle bei der Übertragung und Verbreitung von SARS-CoV-2 einnehmen (107,108). Das Phänomen der SSE wird nicht nur für SARS-CoV-2 beschrieben, sondern unter anderem auch für SARS, MERS, Masern oder Ebola (104,109,110). Potenzielle Umgebungen von SSE und mögliche „Superspreeder“ vor einem Ausbruchereignis zu identifizieren und somit die Übertragung von SARS-CoV-2 zu reduzieren ist schwierig. Jedoch konnten viele Infektionscluster mit geschlossenen, schlecht belüfteten und überfüllten Umgebungen in Zusammenhang gebracht werden (111). Neben Faktoren wie der Symptomlast, der Anzahl an sozialen Kontakten und der individuellen Menge an produzierten Aerosolen spielt auch der Zeitpunkt der Übertragung im Infektionsverlauf eine Rolle dabei, ob eine Person zu einem „Superspreeder“ wird oder nicht, da die Viruslast bei infizierten Personen sehr individuell ist und kurz vor Auftreten von Krankheitssymptomen einen Höhepunkt erreicht (94,107,108).

Zu Beginn der Pandemie wurden weltweit zahlreiche SARS-CoV-2-SSE beschrieben. In einem Gottesdienst in Südkorea kam es zum Beispiel durch eine infizierte Person zu einem „Superspreading-Event“ mit einem Infektionscluster von mehr als 5.000 Fällen (114). Auch nach Chorproben, in Obdachlosenunterkünften, Pflegeeinrichtungen, fleischverarbeitenden Betrieben und Gefängnissen sind weltweit zahlreiche Ausbruchereignisse mit einer hohen Anzahl an Sekundärinfektionen dokumentiert (87,110–113). Im Zusammenhang mit touristischen Aktivitäten gibt es ebenfalls zahlreiche dokumentierte SSE. Im Februar 2020

kam es zu einem Ausbruch auf einem Kreuzfahrtschiff in Japan mit über 650 Infizierten. Alle Fälle konnten auf einen Indexfall zurückgeführt werden (120). Im Frühjahr 2020 zeigte sich ein sprunghafter Anstieg der Infektionszahlen in mehreren europäischen Ländern, der auf einen Skiort in Österreich zurückgeführt werden konnte. Dort kam es in einer Après-Ski-Bar zu einem „Superspreading-Event“ durch einen infizierten Barkeeper (7,8). Diese Ereignisse führten u.a. dazu, dass dem Tourismus eine große Bedeutung bei der Verbreitung von SARS-CoV-2 beigemessen wurde.

### **1.3 Tourismussektor in Schleswig-Holstein während der COVID-19-Pandemie**

Das Bundesland Schleswig-Holstein ist seit Jahren aufgrund der attraktiven Lage zwischen Nord- und Ostsee ein beliebtes Urlaubsziel für Menschen aus dem In- und Ausland mit jährlich steigenden Besucherzahlen (121). Die wirtschaftliche Bedeutung der Tourismusbranche für das Bundesland ist groß, da dieser Wirtschaftszweig Arbeitsplätze schafft und sichert. Die Übernachtungszahlen stiegen bis zum Jahr 2020 jährlich. Im Jahr 2019 lag die Zahl der Touristen bei 8,9 Millionen (+3,8% im Vergleich zu 2018) und die Zahl der Übernachtungen bei ca. 35,9 Millionen (+ 4,4% im Vergleich zu 2018) (121).

Die Coronapandemie brachte die Tourismusbranche in Schleswig-Holstein in eine prekäre Lage. Im Jahr 2020 sank die Zahl der Gästeankünfte in Schleswig-Holstein im Vergleich zum Vorjahr um 30,3% auf 6,2 Millionen und die Zahl der Übernachtungen auf 28,9 Millionen (-19,6%). Auch die Zahl der Beschäftigten in der Tourismusbranche in Schleswig-Holstein ging drastisch zurück. Lag die Zahl der Beschäftigten im Monatsdurchschnitt 2019 noch bei 108.000, so war für 2020 ein Rückgang auf monatlich 92.700 (-14,2%) zu verzeichnen (122).

Bedingt waren diese Entwicklungen durch Maßnahmen zur Eindämmung der Pandemie, die sowohl auf Bundes- als auch auf Länderebene in Kraft traten (58). Im Sinne des 1. Lockdowns stand das öffentliche Leben ab Mitte März still. Touristische Reisen in das Gebiet des Landes Schleswig-Holstein vorzunehmen war untersagt. Zusätzlich war es verboten, Personen aus touristischen Zwecken in dem Bundesland zu beherbergen (123). Ab dem 18.05.2020 wurden Beherbergungsbetriebe und die Gastronomie in Schleswig-Holstein unter

bestimmten Bedingungen (Hygiene- und Abstandsregeln, regelmäßige Händedesinfektion, das Tragen eines Mund-Nase-Schutzes, die Einrichtung von Wegeleitsystemen in touristischen Einrichtungen zur Vermeidung hoher Kontaktdichten und die Erfassung von Adressdaten zur möglichen Kontaktverfolgung) bei sinkenden Infektionszahlen wieder geöffnet (124). Ab November 2020 kam es jedoch bei wieder steigenden Infektionszahlen in der Folge weiterer Lockdowns erneut zu erheblichen Einschränkungen im öffentlichen Leben und Reiseverkehr.

#### **1.4 Fragestellung/Zielsetzung**

Die COVID-19-Pandemie führte 2020 zu einem deutlichen Rückgang der touristischen Aktivitäten in Schleswig-Holstein und zu massiven wirtschaftlichen Einbußen (122). Obwohl die Welttourismus-Organisation der Vereinten Nationen (UNWTO) bereits im April 2020 einen Aktionsplan mit Bewältigungs- und Erholungsstrategien für die Tourismusbranche entwickelte, gab es wenig Daten über den Einfluss touristischer Aktivitäten auf das Infektionsgeschehen unter strengen Hygiene- und Schutzmaßnahmen (125).

Ziel dieser Studie war es, zu untersuchen, ob es während der Tourismus-Hochsaison im Sommer 2020 in einer stark frequentierten Tourismusregion in Lübeck und der Lübecker Bucht zu gehäuften COVID-19-Ausbrüchen unter den Beschäftigten in der Tourismusbranche unter herrschenden Schutz- und Hygienemaßnahmen gekommen ist. Hierzu wurden wiederholt Beschäftigte touristischer Betriebe sowohl auf eine akute SARS-CoV-2-Infektion als auch auf das Vorhandensein SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper zur Detektion zurückliegender Infektionen untersucht. Zusätzlich wurden im Falle von Ausbrüchen potenzielle Risikofaktoren für Ausbruchsgeschehen identifiziert.

## **2. Material und Methoden**

### **2.1 Studiendesign**

Bei der vorliegenden Arbeit handelt es sich um eine prospektive Kohortenstudie. An bis zu drei aufeinanderfolgenden Testzeitpunkten wurden die Studienteilnehmer zwischen Juli und Dezember 2020 auf das Vorliegen einer akuten sowie zurückliegenden SARS-CoV-2-Infektion getestet. Die Diagnose einer akuten SARS-CoV-2-Infektion erfolgte durch den direkten Erregernachweis mittels PCR aus einem Nasen-/Rachenabstrich. Durch den Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper aus Kapillarblut konnten zurückliegende Infektionen detektiert werden. Zusätzlich wurden die Studienteilnehmer zur Erfassung von demographischen Daten, Symptomen und Wohnverhältnissen gebeten, einen einseitigen Fragebogen zu beantworten (siehe Anhang).

Das Studienkonzept wurde der Ethikkommission der Universität zu Lübeck vorgelegt und unter dem Aktenzeichen 20-150 bewilligt.

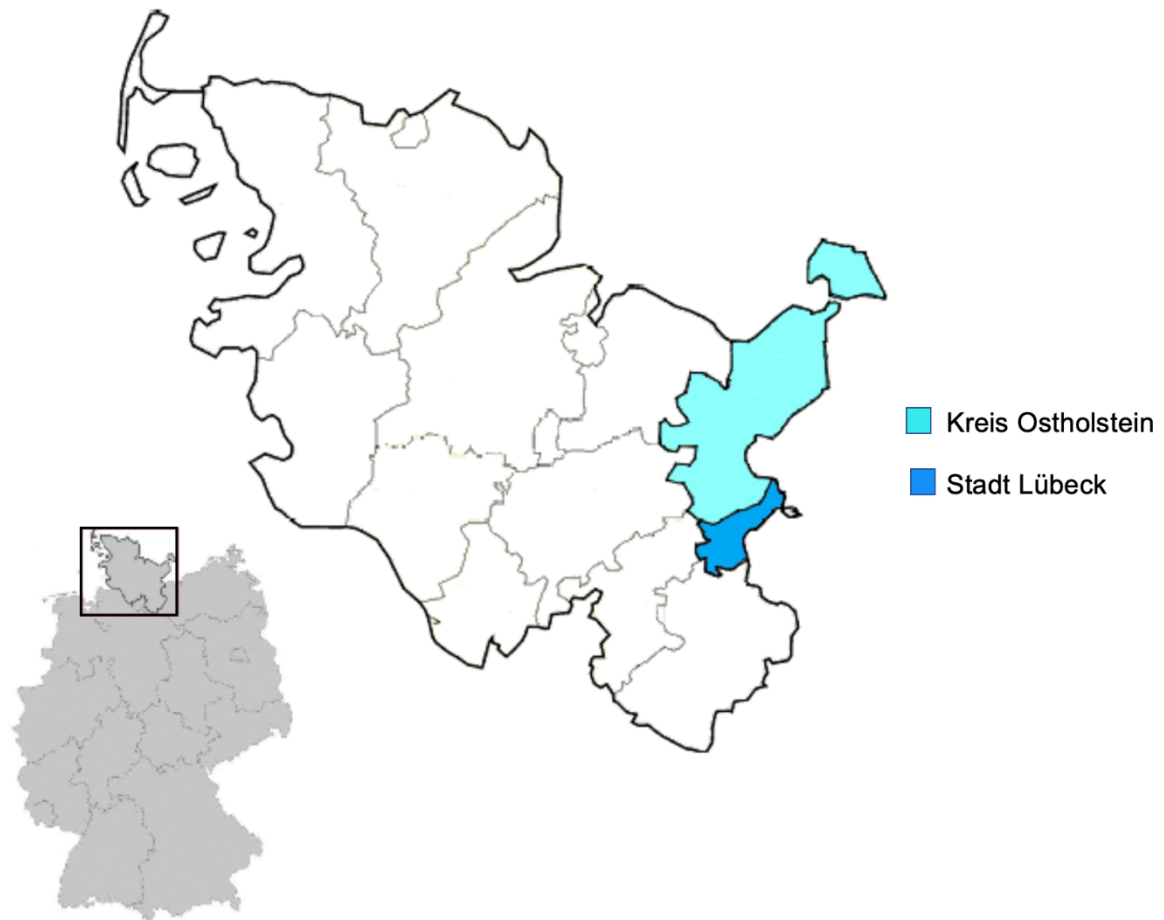
Alle Studienteilnehmer wurden schriftlich sowie mündlich aufgeklärt und erhielten ein unterschriebenes Exemplar der Einwilligungserklärung.

### **2.2 Studienteilnehmer**

Die Teilnehmer der Studie waren Mitarbeiter aus Beherbergungsbetrieben in Lübeck und dem Kreis Ostholstein in Schleswig-Holstein (Abb. 4). Die Betriebe wurden zunächst mittels Internetrecherche herausgesucht und anschließend telefonisch und/oder per E-Mail kontaktiert und über das Studiendesign informiert. Erklärten sich die Betriebe zur Studienteilnahme bereit, erfolgten die Testungen in dem jeweiligen Betrieb.

Die Einschlusskriterien waren:

1. Alter über 18 Jahre oder Einwilligung durch Erziehungsberechtigte
2. Mitarbeiter in einem touristischen Betrieb (Hotel, Pension, Gästehaus)
3. freiwillige Teilnahme

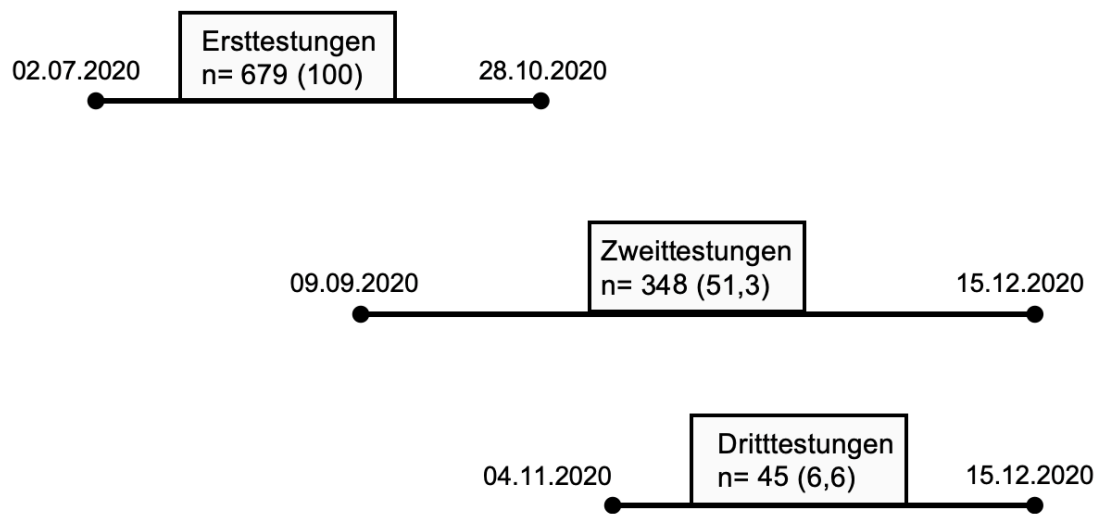


**Abb. 4: Karte mit Darstellung der teilnehmenden Regionen**

modifiziert nach (126), links: Karte der Bundesrepublik Deutschland mit Bundesländern, im schwarzen Quadrat ist das Bundesland Schleswig-Holstein hervorgehoben, rechts: Bundesland Schleswig-Holstein mit Landkreisen und kreisfreien Städten, farblich hervorgehoben sind die teilnehmenden Regionen

Insgesamt wurden 679 Studienteilnehmer aus 21 Betrieben im Zeitraum zwischen Juli und Dezember 2020 an bis zu drei Zeitpunkten auf das Vorliegen einer akuten sowie zurückliegenden SARS-CoV-2-Infektion getestet (Abb. 5). Die Anzahl der Studienteilnehmer pro Betrieb variierte von drei bis maximal 118 Personen. Der Abstand zu dem jeweils nächsten Testzeitpunkt betrug minimal fünf und maximal 17 Wochen, bedingt durch Terminabsprachen und Lockdowns. Eine Studienteilnahme war zu jedem Testzeitpunkt möglich. So konnten auch Mitarbeiter beim zweiten oder dritten Testzeitpunkt ihrer Betriebe ihren ersten Abstrich bekommen. Es kam jedoch lediglich am zweiten Testzeitpunkt zu weiteren Erstteilnahmen an der Studie. So erklärt sich die zeitliche Überlappung der Testzeiträume in Abb. 5. Von den insgesamt 679 Studienteilnehmern nahmen 348 (51,3%) an einer Zweit- und 45 (6,6%) an einer Dritttestung teil (Abb. 5). Die Dritttestungen fanden

ausschließlich in einem Betrieb statt, in dem die Studienteilnehmer bereits alle zuvor im Rahmen der Studie getestet wurden.



**Abb. 5: Zeitliche Übersicht der Testzeiträume mit Start- und Endpunkten**

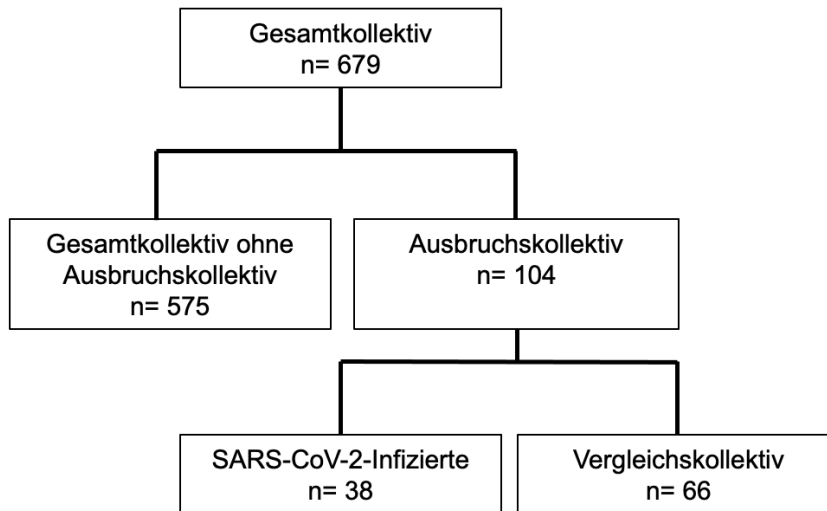
Anzahl (n) der Studienteilnehmer der jeweiligen Testreihen mit in Klammern prozentualem Anteil am Gesamtkollektiv

### 2.2.1 Das Ausbruchsgeschehen im Oktober 2020

Während des Zeitraums der Studie kam es im Oktober 2020 in einem der teilnehmenden Betriebe, in dem bereits eine erste Testreihe im Rahmen der Studie im September 2020 angeboten wurde, zu einer Häufung von SARS-CoV-2-Infektionen unter den Mitarbeitern im Sinne eines Ausbruchsgeschehens. Die ersten COVID-19-typischen Symptome wurden der Hotelleitung am 14.10.2020 gemeldet, woraufhin diese zunächst in Eigeninitiative Antigentests bei symptomatischen Mitarbeitern durchführte; zehn fielen positiv aus. Am 18.10.2020 wurden durch das zuständige Gesundheitsamt 35 Mitarbeiter des Betriebs positiv auf das Vorliegen einer akuten SARS-CoV-2-Infektion getestet. Am 22.10.2020 erfolgte im Rahmen dieser Studie eine Testung von insgesamt 89 Mitarbeitern des Hotels.

## 2.2.2 Beschreibung der Kollektive

Um die Ergebnisse der Arbeit und die Gruppen untereinander besser vergleichen zu können, wurden verschiedene Kollektive gebildet (Abb. 6).



**Abb. 6: Aufteilung der Kollektive ausgehend vom Gesamtkollektiv**

Anzahl (n) der Studienteilnehmer in den Kollektiven

Zu dem Gesamtkollektiv zählen alle Studienteilnehmer, die im Rahmen der Studie getestet wurden. Es wurde kein Studienteilnehmer aus der Studie ausgeschlossen. Zum Ausbruchskollektiv zählen 104 Studienteilnehmer, die zum Zeitpunkt des Ausbruchsgeschehens Mitarbeiter in dem betroffenen Betrieb waren und ab dem 18.10.2020, dem Tag der ersten positiven Testergebnisse, im Rahmen dieser Studie und/oder durch das zuständige Gesundheitsamt einen Nasen-/Rachenabstrich und/oder eine Antikörpertestung erhielten. Das Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten stellt eine Untergruppe des Ausbruchskollektivs dar und umfasst 38 Studienteilnehmer, die ab dem 18.10.2020 positiv auf das Vorliegen einer akuten SARS-CoV-2-Infektion durch das zuständige Gesundheitsamt und/oder im Rahmen der Studie getestet wurden und/oder im Verlauf in zeitlichem Zusammenhang mit dem Ausbruchsgeschehen SARS-CoV-2-spezifische Antikörper gebildet haben. Auch das Vergleichskollektiv stellt eine Untergruppe des Ausbruchskollektivs dar. Hierzu zählen 66 Studienteilnehmer aus dem betroffenen Betrieb, die ab dem 18.10.2020 negativ auf das Vorliegen einer akuten SARS-CoV-2-Infektion getestet wurden und/oder im Verlauf keine SARS-CoV-2-spezifischen Antikörper gebildet haben (Abb. 6).

## 2.3 Studiendurchführung

Zunächst erfolgten ein Aufklärungsgespräch über mögliche Risiken und Komplikationen der Probenentnahmen durch den Studienarzt, die Klärung offener Fragen sowie Informationen zum Ablauf der Studie. Anschließend wurde den Studienteilnehmern eine Einverständniserklärung ausgehändigt und nach Einwilligung ein Fragebogen.

Den Studienteilnehmern wurde im Rahmen der Ersttestung eine individuelle Identifikationsnummer zugeteilt, die über den gesamten Zeitraum der Studie identisch blieb, sodass der Datensatz pseudonymisiert ausgewertet werden konnte. Zusätzlich wurden die Probenmaterialien und Fragebögen pro Testung mit jeweils identischen Barcodeetiketten versehen, um die Proben und Probenergebnisse später zuordnen zu können.

Anschließend wurden den Studienteilnehmern durch geschultes Personal ein Nasen-/Rachenabstrich und Blut aus der Fingerkuppe entnommen.



**Abb. 7: Geschultes Personal in Schutzausrüstung mit Probenmaterial in einem der teilnehmenden Betriebe**

Es war möglich, die Entnahme von Kapillarblut abzulehnen und lediglich einen Nasen-/Rachenabstrich durchführen zu lassen. Dies stellte kein Ausschlusskriterium dar.

Während des gesamten Ablaufs der Studiendurchführung wurde streng auf die Einhaltung der geltenden Hygiene- und Schutzmaßnahmen geachtet. So trugen die Studienteilnehmer einen Mund-Nasen-Schutz, welcher nur für die Entnahme des Nasen-/Rachenabstrichs abgenommen werden durfte. Das probenentnehmende Personal wurde mit Einmalkitteln, Einmalhandschuhen, Face Shields und FFP2-Masken ausgestattet (Abb. 7). Die Einmalhandschuhe wurden nach jeder Probenentnahme gewechselt, um das Risiko einer Kontamination der Proben zu reduzieren.

## 2.4 Fragebogen

Der Fragebogen enthielt sowohl Fragen zur Person (u.a. Name, Alter, Herkunft), als auch zur persönlichen Wohnsituation und typischen COVID-19-Symptomen. Zusätzlich beinhaltete er Fragen mit dichotomem Antwortformat (Ja/Nein) sowie Fragen mit Mehrfachwahl der Antworten (siehe Anhang).

In den Fragebögen konnten die Studienteilnehmer als Freitext ihren Arbeitsbereich eintragen. Aus der folgenden Tabelle wird ersichtlich, unter welchen Arbeitsbereichen die angegebenen Begriffe in der Auswertung zur besseren Übersichtlichkeit zusammengefasst wurden (Tab. 1).

**Tab. 1: Zusammengefasste Arbeitsbereiche**

| <b>Arbeitsbereiche</b> | <b>Angaben aus den Fragebögen</b>  |
|------------------------|--|
| Service                | Restaurant, Bar, Bistro  |
| Facility Management    | Sanitäranlagen, Grünanlagen, Hausmeister, Haustechniker, Lackierer, Maler, Facility Management |
| Housekeeping           | Zimmermädchen, Reinigungskraft, Housekeeping   |
| Küche/Spüle            | Küche, Spülküche, Koch   |
| Rezeption              | Rezeption, Empfang, Portier  |
| Verwaltung             | Verwaltung, Büro, Management, Marketing  |
| Spa                    | Spa, Wellness, Schwimmbad, Saunabereich, Massage, Physiotherapie                               |
| Golfanlage             | Golfanlage   |

Zusätzlich konnten die Teilnehmer im Fragebogen angeben, ob sie mit Kindern unter 14 Jahren oder einem Arbeitskollegen in einem Haushalt zusammenwohnen. Zum Schutz der Privatsphäre erfasste der Fragebogen nicht, um welchen Arbeitskollegen es sich handelte und ob der Kollege ebenfalls an der Studie teilnahm. Anhand der im Fragebogen angegebenen Adresdaten wurden im Ausbruchskollektiv Wohnkohorten gebildet. Gaben mehr als drei Studienteilnehmer dieselbe Wohnanschrift an, bildeten diese eine Wohnkohorte, unabhängig davon, ob es sich um denselben Haushalt oder lediglich um dasselbe Haus mit mehreren Wohneinheiten handelte.

Der Fragebogen lag ausschließlich in deutscher Sprache vor und wurde vor Ort vom Studienpersonal oder anderen Studienteilnehmern bei Sprachbarrieren ins Englische, oder wenn möglich, in die jeweilige Muttersprache übersetzt. Eine Sprachbarriere stellte kein Ausschlusskriterium dar.

## **2.5 Nasen-/Rachenabstrich**

Für den Abstrich wurde ein spezieller Abstrichtupfer verwendet (CITOSWAB®, Heinz Herenz GmbH). Dieser wurde zunächst in die Nase bis zum Nasopharynx eingeführt und mit rotierenden Bewegungen wieder herausgezogen. Anschließend wurde derselbe Abstrichtupfer über den Mund zur hinteren Rachenwand geführt, ohne die Zunge zu berühren. Die Rachenhinterwand wurde abgetupft, anschließend wurde der Tupfer in ein Abstrichröhrchen mit 2 ml Virus-Stabilisator überführt (Greiner Bio-One GmbH Vacurette®) und am selben Tag bei Raumtemperatur zur weiteren Bearbeitung in das nach DIN EN ISO 15189 akkreditierte LADR Zentrallabor Dr. Kramer & Kollegen in Geesthacht, Deutschland, versandt. Die Isolierung der Virus-RNA mittels Magnetic-Bead-Technologie und Real-Time-PCR-Testung erfolgte mit dem Cobas® SARS-CoV-2-Test auf den Cobas® 6800 und 8800 Systemen (Roche AG). Zum Nachweis der Virus-RNA wurden eine Analyse des E- sowie des ORF1-Gens durchgeführt.

## **2.6 Fingerkuppenblut zur Antikörpertestung**

Um zurückliegende Infektionen mit SARS-CoV-2 zu identifizieren, wurde das Blut der Studienteilnehmer auf das Vorliegen SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper untersucht. Hierzu wurden ca. 45 µl Kapillarblut aus der Fingerkuppe mit einer

Lanzette und einer Pipette entnommen. Das Blut wurde in MiniCollect®-Tubes gefüllt, zentrifugiert und das Serum für die spätere Antikörpertestung bei 4°C gelagert. Die Antikörpertestungen wurden nach den Protokollen EUROIMMUN Anti-SARS-CoV-2-NCP-ELISA (IgG) und Anti-SARS-CoV-ELISA (IgG) entsprechend der Herstelleranleitung (EUROIMMUN AG) durch einen Mitarbeiter der Klinik für Infektiologie und Mikrobiologie, UKSH Lübeck, durchgeführt, indem das modifizierte Nukleokapsidprotein (NCP) bzw. die S1-Domäne des Spike-Proteins bestimmt wurden. Proben über dem Cut-off 1,1 wurden als IgG-positiv definiert. Werte zwischen 0,8 und 1,1 wurden nach Herstellerangaben als grenzwertig positiv deklariert.

Zahlreiche Studienteilnehmer wurden im Verlauf der Studie mehrfach auf das Vorliegen SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper getestet. In der Auswertung der positiven Antikörperbefunde wurden alle Studienteilnehmer mit mindestens einem positiven Antikörperbefund jeweils nur einmal eingeschlossen. Mehrfach positive Antikörpertestungen eines Studienteilnehmers wurden nicht berücksichtigt. Bei sich im Verlauf verändernden Ergebnissen der Antikörpertestungen (z.B. erste Testung negativ, zweite Testung positiv) wurde stets das Ergebnis mit dem höchsten Wert für die Auswertung verwendet. Hier galt die aufsteigende Rangfolge: negativ ( $< 0,8$ ), grenzwertig positiv ( $\geq 0,8$  bis  $< 1,1$ ), positiv ( $\geq 1,1$ ).

## **2.7 Statistische Methoden**

Die Daten der Fragebögen sowie die Ergebnisse der PCR-Tests und des ELISA-Verfahrens wurden in Microsoft Excel® (2016) übertragen. Hier wurden für die deskriptive statistische Auswertung Mediane und Mittelwerte ermittelt sowie zusätzlich Streuungsparameter wie Standardabweichungen (SE) und Varianzen berechnet. Auch die Erstellung der Balken- und Kreisdiagramme erfolgte in Microsoft Excel® (2016).

Die Daten der Studie wurden mittels exaktem Test nach Fischer auf signifikante Unterschiede getestet. Außerdem wurde, um das multiple Signifikanzniveau zu kontrollieren, die Methode nach Holm angewandt (127).

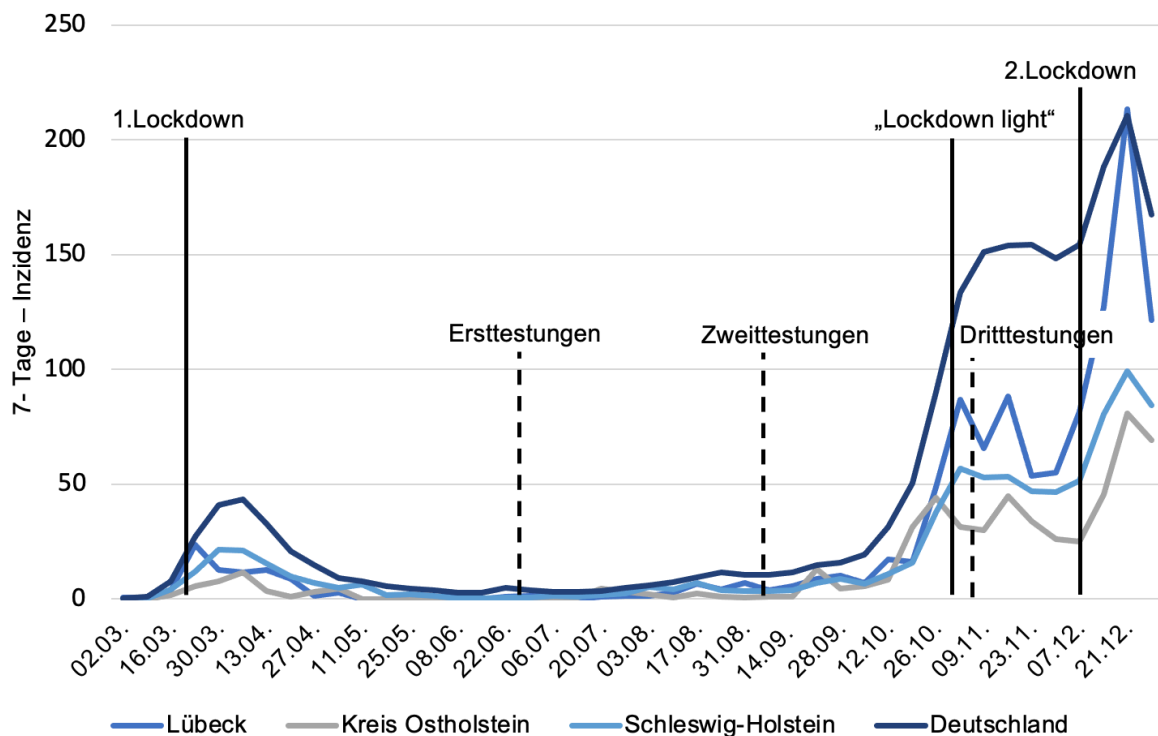
Da ein besonderer Fokus dieser Arbeit auf der Frage nach möglichen Risikofaktoren für Ausbruchsgeschehen lag, wurde das Ausbruchskollektiv mit den Untergruppen „SARS-CoV-2-Infizierte“ und „Vergleichskollektiv“ genauer analysiert. Hierfür wurde

mit Unterstützung eines Mitarbeiters der Klinik für Infektiologie und Mikrobiologie, UKSH Lübeck, zusätzlich eine binäre logistische Regressionsanalyse durchgeführt. Die binär kodierte abhängige Variable in diesem Regressionsmodell stellte „Infektion mit SARS-CoV-2“ dar, die zwei Ausprägungen aufweisen konnte: entweder war ein Teilnehmer infiziert ( $Y=1$ ) oder er war es nicht ( $Y=0$ ). Die unabhängigen Variablen waren „Alter“, „Geschlecht“, „Arbeitsbereich“, „in Wohnkohorten lebend“ und „Kinder unter 14 Jahren“. Ergänzend wurde anschließend noch die Analyse mit der Variablen „Anzahl Haushaltsmitglieder“ anstatt „in Wohnkohorte lebend“ durchgeführt, da diese beiden Variablen nicht unabhängig voneinander waren. Mittels Regressionsanalyse war es möglich, die abhängige Variable mit den unabhängigen Variablen zu verknüpfen, um zu überprüfen, inwieweit die unabhängigen Variablen zu einer Infektion mit SARS-CoV-2 beitrugen. Zunächst wurde eine Dummy-Kodierung der kategorialen unabhängigen Variablen durchgeführt. Die Rangfolge der Dummy-Kodierung erfolgte auf Grundlage der relativen Infektionsrate innerhalb der unabhängigen Variablen. Für die binäre logistische Regressionsanalyse wurde anschließend die signifikante unabhängige Variable in die Faktoren umgewandelt, um die jeweiligen Faktorstufen zu ermitteln. Der Faktor mit der niedrigsten relativen Infektionsrate wurde als Referenz verwendet. Ein  $p$ -Wert  $\leq 0,05$  galt bei allen statistischen Analysen als signifikant.

### 3. Ergebnisse

#### 3.1 SARS-CoV-2-Inzidenzen und touristische Kennzahlen in Schleswig-Holstein

Während des ersten bundesweiten Lockdowns von März 2020 bis Mai 2020, der unter anderem mit strengen Reisebeschränkungen einherging, kam es im gesamten Bundesgebiet sowie auch in Schleswig-Holstein zu einem Abfall der SARS-CoV-2-Neuinfektionsraten (Abb. 8) (45).

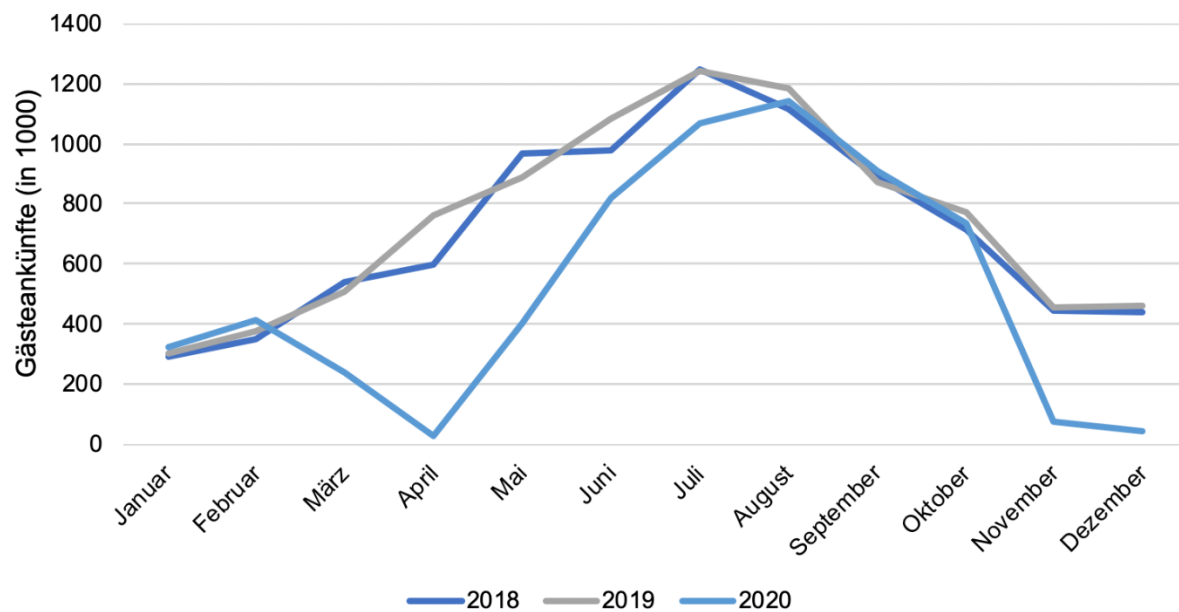


**Abb. 8: 7-Tage Inzidenz von März bis Dezember 2020 in Lübeck, Schleswig-Holstein, Deutschland und im Kreis Ostholstein im Vergleich**

modifiziert nach (128), x-Achse: Zeitachse, y-Achse: 7-Tage-Inzidenz pro 100.000 Einwohner, senkrechte Linien: bundesweite Lockdowns, gestrichelte Linien: Startpunkte der drei Testreihen

Parallel hierzu zeigte sich ein deutlicher Rückgang der Gästeankünfte in dem Bundesland (Abb. 9) (129). Nach ersten Lockerungen der Reisebeschränkungen Mitte Mai 2020 blieben die Zahlen der Gästeankünfte zunächst hinter denen der Jahre 2018/19, von August bis Oktober 2020 zählte die Urlaubsregion aber wieder ähnlich viele Gästeankünfte wie in den beiden Vorjahren im selben Zeitraum (Abb. 9). Dieser Anstieg der Gästeankünfte führte bis Oktober 2020 zunächst nicht zu einem höheren Eintrag von SARS-CoV-2-Infektionen in Schleswig-Holstein (Abb. 8). Erst ab Ende Oktober 2020 war ein deutlicher Anstieg der 7-Tage-Inzidenz in

Schleswig-Holstein zu verzeichnen. Diese Entwicklung begann im restlichen Bundesgebiet bereits etwa 14 Tage zuvor (Abb. 8).



**Abb. 9: Gästeankünfte in Schleswig- Holstein in den Jahren 2018, 2019 und 2020**

modifiziert nach (122), x-Achse: Zeitachse mit Angabe der Monate, y-Achse: Gästeankünfte in 1.000, eingeschlossen wurden Betriebe ab 10 Betten; einschließlich Campingplätze (Touristik-Camping) ab 10 Stellplätzen (129)

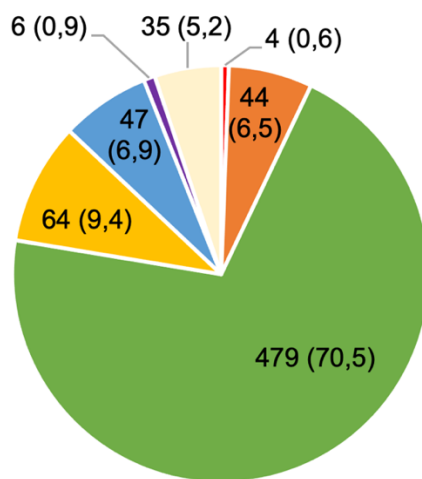
### 3.2 Demographische Daten des Gesamtkollektivs

In dem Studienzeitraum wurden 679 Studienteilnehmer rekrutiert. Diese waren zu 61,9 % (n=420) weiblich, 38,1 % (n=259) männlich und hatten ein Durchschnittsalter von 39,2 Jahren, wobei der jüngste Studienteilnehmer 16 Jahre und der älteste 84 Jahre alt war. Die Studienteilnehmer lebten in Haushalten mit einer durchschnittlichen Personenzahl von 2,4 Personen. 19,0% (n=129) gaben an, mit Kindern unter 14 Jahren zusammenzuleben. 16,5% (n=112) wohnten mit mindestens einem Arbeitskollegen zusammen, 226 Teilnehmer (33,3%) machten hierzu keine Angaben. Eine Übersicht hierzu findet sich in Tab. 2.

**Tab. 2: Übersicht der demographischen Daten des Gesamtkollektivs (n=679)**

| <b>Merkmal</b>  | <b>Anzahl<br/>(prozentualer<br/>Anteil)</b> | <b>Mittelwert<br/>(Standardabweichung (SE))</b> |
|---|---|---|
| Geschlecht, weiblich; n (%)                               | 420 (61,9)                                  | -   |
| Geschlecht, männlich; n (%)                               | 259 (38,1)                                  | -   |
| Alter (±SE)   | -   | 39,2 (±14,2)                                    |
| Mittlere Haushaltsgröße in<br>Personen (±SE)              | -   | 2,4 (±1,5)                                      |
| Mit Kindern < 14 Jahren lebend;<br>n (%) der Haushalte    | 129 (19,0)                                  | -   |
| mit mind. einem Arbeitskollegen<br>zusammenwohnend; n (%) | 112 (16,5)                                  | -   |

Die Studienteilnehmer stammten aus 41 verschiedenen Ländern. Die Länder wurden nach Kontinenten unterteilt und aus Gründen der Übersichtlichkeit entsprechend zusammengefasst. Deutschland und Polen bildeten jedoch jeweils eine eigene Gruppe, da diese Länder am häufigsten angegeben wurden (Abb. 10). 70,5% (n=479) der Studienteilnehmer gaben Deutschland als Herkunftsland an (Abb. 10).



■ Afrika ■ Asien ■ Deutschland ■ Europa\* ■ Polen ■ Südamerika ■ NA

\*: Europa ohne Deutschland und Polen, NA: nicht angegeben

**Abb. 10: Herkunftsländer aller Studienteilnehmer**

Anzahl (n) der Studienteilnehmer mit in Klammern prozentualen Anteil, gruppiert nach Kontinenten; die beiden am häufigsten genannten Länder Deutschland und Polen werden separat aufgeführt

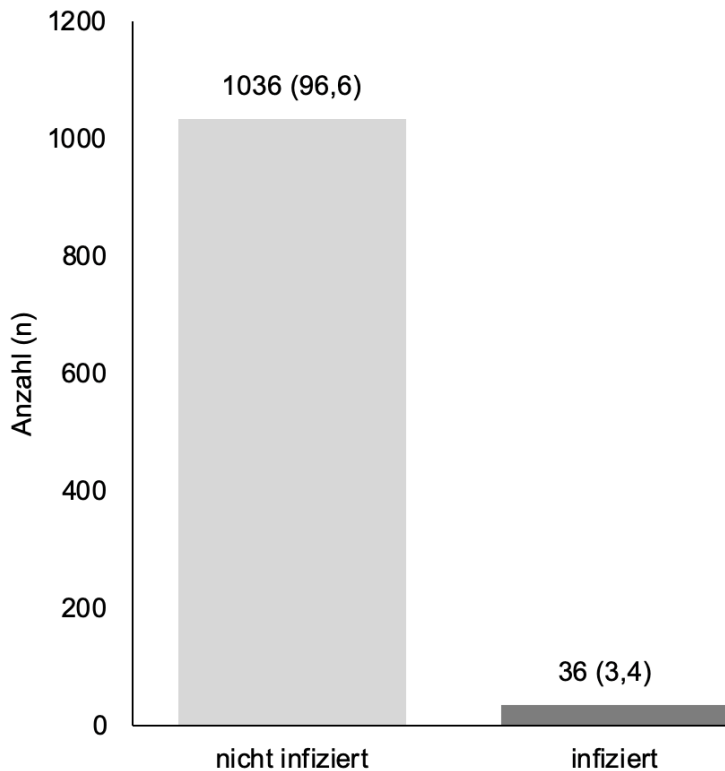
Die Angaben der Studienteilnehmer zu ihren Arbeitsbereichen sind in Tab. 3 dargestellt. Die meisten Studienteilnehmer gaben an, im „Service“ (n=176, 25,9%), „Housekeeping“ (n=116, 17,1%) oder im Bereich „Küche/Spüle“ (n=109, 16,1%) beschäftigt zu sein (Tab. 3).

**Tab. 3: Arbeitsbereiche aller Studienteilnehmer (Gesamtkollektiv, n=679)**

| Arbeitsbereich      | Anzahl (prozentualer Anteil) |
|---------------------|------------------------------|
| Service             | 176 (25,9)                   |
| Housekeeping        | 116 (17,1)                   |
| Küche/Spüle         | 109 (16,1)                   |
| Rezeption           | 88 (13,0)                    |
| Verwaltung          | 75 (11,0)                    |
| Facility Management | 32 (4,7)                     |
| Spa                 | 26 (3,8)                     |
| Golfanlage          | 10 (1,5)                     |
| Nicht angegeben     | 47 (6,9)                     |

### 3.2.2 SARS-CoV-2-Testungen im Gesamtkollektiv

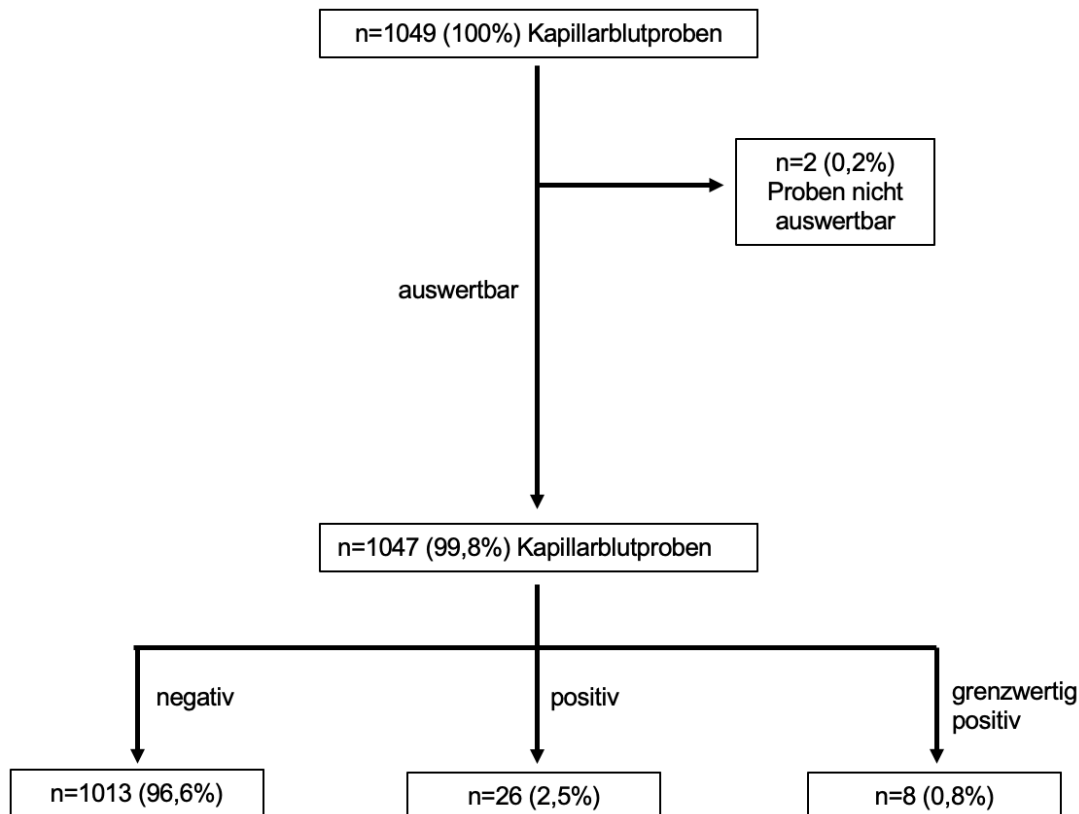
Im Gesamtkollektiv wurden insgesamt 1.072 Nasen-/Rachenabstriche entnommen und auf SARS-CoV-2 getestet. In 36 (3,4%) Abstrichen gelang der Nachweis von SARS-CoV-2 (Abb. 11). Die positiven Abstriche stammten alle aus dem Ausbruchskollektiv.



**Abb. 11: Ergebnisse der Nasen-/Rachenabstriche**

Anzahl (n) der Abstriche mit in Klammern prozentualen Anteil an allen Abstrichen, nicht infiziert: kein SARS-CoV-2-Nachweis in der PCR, infiziert: Nachweis von SARS-CoV-2 in der PCR

Es wurden 1.049 Kapillarblutproben aus der Fingerkuppe zur Antikörpertestung entnommen (Abb. 12). In 23 (2,1%) Fällen wurde eine Probenentnahme durch die Studienteilnehmer aus nicht näher angegebenen Gründen abgelehnt. 18 Kapillarblutproben waren nach dem Transport eingetrocknet und wurden mit 5µl Probenpuffer resuspendiert. Danach konnten von den eingetrockneten Proben 16 ausgewertet werden. Zwei Proben konnten nicht mehr ausgewertet und mussten verworfen werden. Insgesamt wurden somit 1.047 Kapillarblutproben auf das Vorliegen SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper untersucht, wovon 1.013 (96,6%) Proben keinen SARS-CoV-2-spezifischen Antikörpernachweis ergaben (Abb. 12).



**Abb. 12: Nachweis von SARS-CoV-2-spezifischen Antikörpern im Kapillarblut**

Anzahl (n) der Proben mit in Klammern prozentualen Anteil

negativ: kein Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper, positiv: Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper (S1 Domäne des Spike Proteins und/oder NCP) (Ratio  $\geq 1,1$ ),

grenzwertig positiv: Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper (Ratio  $\geq 0,8$  bis  $< 1,1$ )

Es wurden über den gesamten Studienzeitraum in 26 (2,5%) Kapillarblutproben SARS-CoV-2-spezifische Antikörper nachgewiesen (Abb. 12). Hierbei wurde nicht unterschieden, ob ein positiver IgG-Nachweis der S1 Domäne des Spike Proteins, ein isoliert positiver IgG-Nachweis des Nukleokapsids (NCP) oder beide IgG-Nachweise gelangen. Zum Zeitpunkt der Studie gab es noch keine SARS-CoV-2-Impfungen. Es handelte sich also um ein vollständig ungeimpftes Kollektiv, in dem mit dem Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper eine abgelaufene Infektion nachgewiesen werden konnte.

Die 26 Proben mit erhöhten Antikörpertitern konnten auf insgesamt 23 unterschiedliche Studienteilnehmer zurückgeführt werden (Tab. 4). Drei Studienteilnehmer wurden im Rahmen der Studie an mehreren Zeitpunkten positiv auf SARS-CoV-2-spezifische Antikörper getestet.

Die meisten positiven Antikörpernachweise (n=17, 73,9%) stammten aus dem Ausbruchskollektiv. Lediglich bei sechs Studienteilnehmern außerhalb des Ausbruchs-

kollektivs gelang der Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper (Tab. 4). Diese sechs Studienteilnehmer stammten alle aus unterschiedlichen Betrieben.

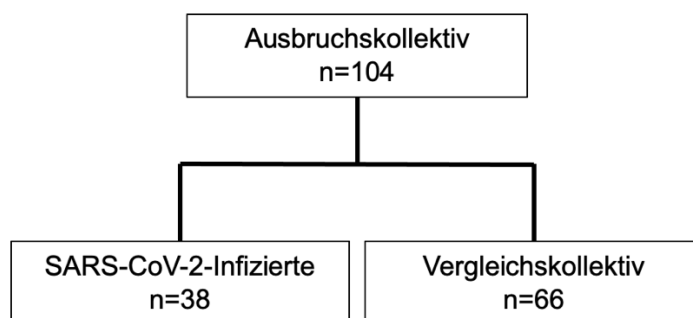
**Tab. 4: Positive Antikörperbefunde (Ratio  $\geq 1,1$ ) in den Kollektiven**

| Kollektiv                                | Anzahl (prozentualer Anteil) |
|--|------------------------------|
| Gesamtkollektiv; n (%)                   | 23 (100)                     |
| Ausbruchskollektiv; n (%)                | 17 (73,9)                    |
| außerhalb des Ausbruchskollektivs; n (%) | 6 (26,1)                     |

### 3.3 Charakterisierung des Ausbruchskollektivs

Im Oktober 2020 kam es in einem der teilnehmenden Betriebe zu einem Infektionsausbruch unter den Mitarbeitern. Da es außerhalb dieses Ausbruchs keinen positiven PCR-Nachweis auf SARS-CoV-2 im Gesamtkollektiv gab, sondern lediglich zeitlich und örtlich nicht zusammenhängende positive Antikörperbefunde, wurde dieses Kollektiv genauer analysiert und als Ausbruchskollektiv definiert.

Bereits im September 2020 fand vor dem Ausbruchsgeschehen im Rahmen dieser Studie eine Testung von 48 Mitarbeitern des Betriebs statt. Zu dem Zeitpunkt lagen keine Hinweise auf akute Infektionen oder positive Antikörperbefunde unter den Mitarbeitern vor. Das Ausbruchskollektiv im Oktober 2020 umfasste 104 Studienteilnehmer und unterteilte sich in das Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten und das Vergleichskollektiv (Abb. 13).



**Abb. 13: Unterteilung des Ausbruchskollektivs in zwei Untergruppen**

Anzahl (n) der Studienteilnehmer

Ein Studienteilnehmer wurde am 23.09.2020 im Rahmen der Studie negativ auf das Vorliegen einer akuten oder abgelaufenen SARS-CoV-2-Infektion getestet; am 18.10.2020 erfolgte ein positiver PCR-Nachweis im Rahmen des

Ausbruchsgeschehens durch das zuständige Gesundheitsamt. Da jedoch im Verlauf keine weiteren PCR- und/oder Antikörpertestungen im Rahmen der Studie erfolgten und auch kein während des Ausbruchsgeschehens ausgefüllter, symptombezogener Fragebogen vorlag, wurde dieser Studienteilnehmer aus dem Ausbruchskollektiv ausgeschlossen und ausschließlich zum Gesamtkollektiv gezählt.

Das Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten umfasste eine Gruppe von 38 Studienteilnehmern (Abb. 13). Zwei Studienteilnehmer des Kollektivs wurden vom zuständigen Gesundheitsamt im Rahmen des Ausbruchs bereits im Vorfeld am 18.10.2020 positiv auf SARS-CoV-2 im Nasen-/Rachenabstrich getestet, jedoch nicht im unmittelbaren Verlauf am 22.10.2020 im Rahmen der Studie, sodass es keinen während des Ausbruchsgeschehens ausgefüllten, symptombezogenen Fragebogen der Studienteilnehmer gab. Beide Studienteilnehmer erschienen jedoch zu einem weiteren Testtermin im Rahmen der Studie am 15.12.2020, sodass sie zu dem Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten gezählt wurden.

Das Vergleichskollektiv bestand aus 66 Studienteilnehmern (Abb. 13).

Sieben Wochen nach dem Ausbruchsgeschehen im Oktober 2020 wurde im Dezember 2020 eine weitere Testreihe in dem betroffenen Betrieb angeboten und durchgeführt. 48 Studienteilnehmer (46,2%) des Ausbruchskollektivs nahmen erneut an der Testung teil. In den Proben der aus dem Vergleichskollektiv teilnehmenden, nicht infizierten Studienteilnehmer konnten in dieser Testreihe keine erhöhten Antikörpertiter detektiert werden. In allen Proben zuvor infizierter Studienteilnehmer gelang im Dezember 2020 der Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper (n=14). Drei Studienteilnehmer aus dem Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten zeigten bereits im Oktober 2020 positive Antikörperproben, erschienen jedoch nicht zu einer weiteren Testreihe im Dezember 2020.

### 3.3.1 Demographische Daten des Ausbruchskollektivs

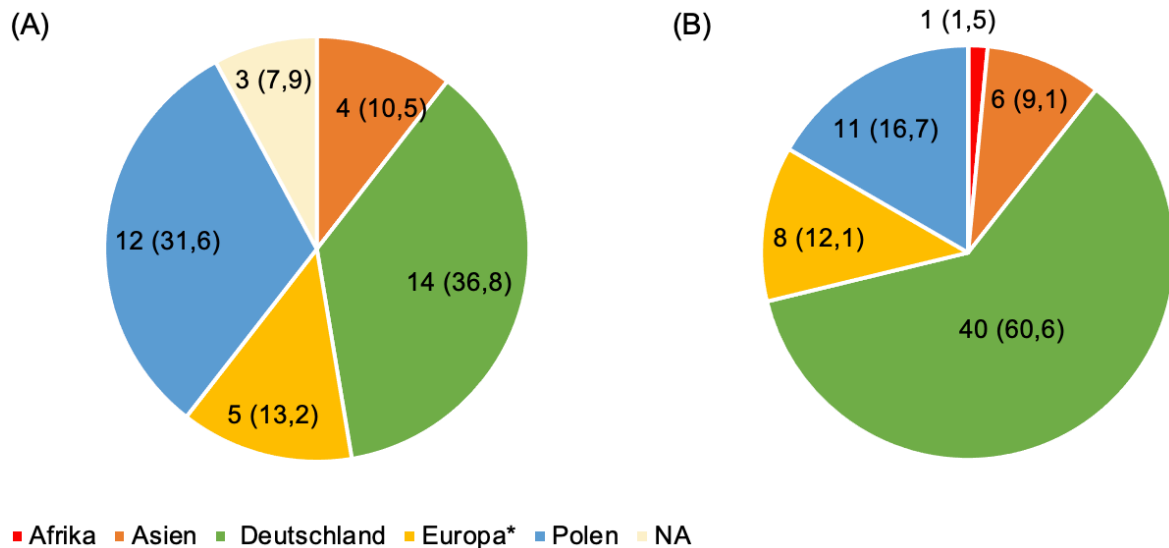
Die SARS-CoV-2-Infizierten waren zu 55,3% (n=21) weiblich und zu 44,7% (n=17) männlich und hatten ein Durchschnittsalter von 41,7 Jahren. Im Vergleichskollektiv waren 60,6% (n=40) weiblich und 39,4% (n=26) männlich und das Durchschnittsalter lag bei 40,9 Jahren. Lediglich 5,3 % (n=2) der SARS-CoV-2-Infizierten (n=38) gaben an, mit Kindern unter 14 Jahren in einem Haushalt zu leben, während dies im Vergleichskollektiv 19,7% (n=13) taten (Tab. 5).

**Tab. 5: Übersicht der demographischen Daten der Studienteilnehmer**

Anzahl (n) der Studienteilnehmer, Standardabweichung (SE)

| <b>Merkmal</b>                                | <b>Ausbruchs-<br/>kollektiv</b> | <b>SARS-CoV-2-<br/>Infizierte</b> | <b>Vergleichs-<br/>kollektiv</b> |
|---|---------------------------------|-----------------------------------|----------------------------------|
| Gesamt (%)                                    | 104 (100)                       | 38 (100)                          | 66 (100)                         |
| Geschlecht, weiblich; n (%)                   | 61 (58,7)                       | 21 (55,3)                         | 40 (60,6)                        |
| Alter (± SE)                                  | 41,0 (± 14,2)                   | 41,7 (± 14,3)                     | 40,9 (± 14,2)                    |
| Mittlere Haushaltsgröße in<br>Personen (± SE) | 2,5 (± 2,7)                     | 2,8 (± 4,1)                       | 2,3 (± 1,3)                      |
| Haushalte mit Kindern <14<br>Jahren; n (%)    | 15 (14,4)                       | 2 (5,3)                           | 13 (19,7)                        |
| In Wohnkohorte lebend; n (%)                  | 42 (40,4)                       | 21 (55,3)                         | 21 (31,8)                        |

36,8% (n=14) der infizierten Studienteilnehmer stammten aus Deutschland und 55,3% (n=21) aus anderen Ländern. Die übrigen 7,9% (n=3) machten hierzu keine Angaben. Im Vergleichskollektiv betrug der aus Deutschland stammende Anteil 60,6%, während 39,4% angaben, aus anderen Ländern zu stammen (Abb. 14).



\*: Europa ohne Deutschland und Polen, NA: nicht angegeben

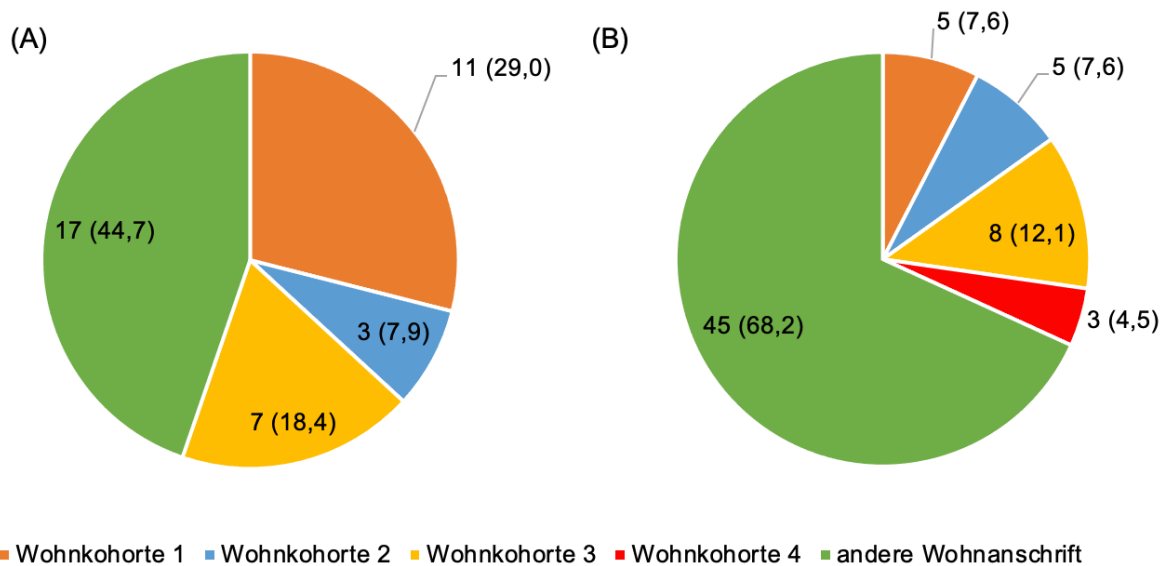
**Abb. 14: Gruppierte Herkunftsländer der SARS-CoV-2-Infizierten (A) und des Vergleichskollektivs (B)**

Anzahl (n) der Studienteilnehmer mit in Klammern prozentualen Anteil, gruppiert nach Kontinenten, die beiden am häufigsten genannten Länder Deutschland und Polen werden separat aufgeführt

### 3.3.2 Risikofaktoren für einen Clusterausbruch

Hinsichtlich möglicher Risikofaktoren für einen Clusterausbruch wurde der Datensatz des Ausbruchskollektivs genauer analysiert und der Einfluss mehrerer unabhängiger Variablen auf eine SARS-CoV-2-Infektion untersucht.

So wurden auch die Wohnverhältnisse der Studienteilnehmer des Ausbruchskollektivs betrachtet. Jede Wohnkohorte steht für eine Wohnanschrift. Die Wohnanschriften der Wohnkohorten 1-4 stimmen in der Abb. 15 (A) und (B) auch farblich überein und sind somit in den Abbildungen im Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten (A) und des Vergleichskollektivs (B) identisch. Insgesamt ergaben sich im Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten drei Wohnkohorten, in denen mehr als die Hälfte der SARS-CoV-2-Infizierten lebten (55,3% (n=21)) (Abb. 15). Die übrigen 17 Teilnehmer gaben andere Wohnanschriften an (Abb. 15). Im Vergleichskollektiv konnten anhand der Wohnanschriften vier Wohnkohorten gebildet werden (Abb. 15). Insgesamt lebten dort 31,8% (n=21) der Studienteilnehmer des Vergleichskollektivs (Abb. 15).



**Abb. 15: Unterteilung in Wohnkohorten bezogen auf das Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten (n=38) (A) und des Vergleichskollektivs (n=66) (B)**

Anzahl (n) der Studienteilnehmer mit in Klammern prozentualem Anteil, die Adressen der Wohnkohorten 1-4 sind in beiden aufgeführten Kollektiven (A) und (B) identisch, unter andere Wohnanschrift fallen alle übrigen Adressangaben

Auch die Arbeitsbereiche der Studienteilnehmer des Ausbruchskollektivs wurden genauer analysiert (Tab. 6).

**Tab. 6: Anzahl der Studienteilnehmer nach Arbeitsbereich (prozentualer Anteil)**

| Arbeitsbereich      | Ausbruchs-kollektiv | SARS-CoV-2-Infizierte | Vergleichs-kollektiv |
|---------------------|---------------------|-----------------------|----------------------|
| Gesamt (%)          | 104 (100)           | 38 (100)              | 66 (100)             |
| Service             | 25 (24,0)           | 8 (21,1)              | 17 (25,8)            |
| Housekeeping        | 23 (22,1)           | 12 (31,6)             | 11 (16,7)            |
| Küche/Spüle         | 20 (19,2)           | 8 (21,1)              | 12 (18,2)            |
| Rezeption           | 11 (10,6)           | 3 (7,9)               | 8 (12,1)             |
| Verwaltung          | 12 (11,5)           | 1 (2,6)               | 11 (16,7)            |
| Facility Management | 4 (3,8)             | 2 (5,3)               | 2 (3,0)              |
| Spa                 | 4 (3,8)             | 0 (0,0)               | 4 (6,1)              |
| Nicht angegeben     | 5 (4,8)             | 4 (10,5)              | 1 (1,5)              |

Ein Großteil der Infizierten arbeitete im „Housekeeping“ (31,6%, n=12), im Bereich „Küche/Spüle“ oder im „Service“ (jeweils 21,1%, n=8). Im Vergleichskollektiv

arbeiteten 25,8% (n=17) im „Service“ und 18,2% (n=12) im Bereich „Küche/Spüle“. Damit arbeiteten mehr als die Hälfte der infizierten Studienteilnehmer (52,6%, n=20) in den Bereichen „Küche/Spüle“ und im „Housekeeping“. Im Vergleichskollektiv waren es 34,8% (n=23). Lediglich ein infizierter Studienteilnehmer gab an, in der „Verwaltung“ zu arbeiten (2,6%). Im Vergleichskollektiv betrug dieser Anteil 16,7% (n=11) (Tab. 6).

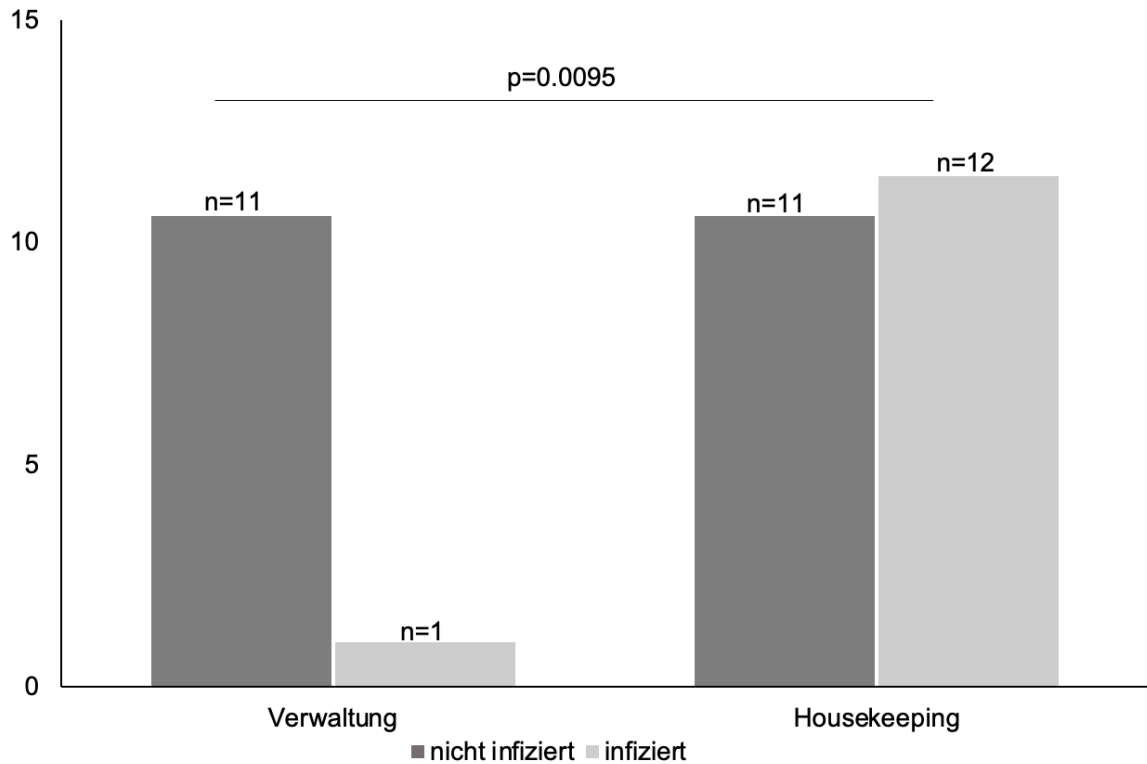
Mittels binärer logistischer Regressionsanalyse verschiedener Variablen zur Bewertung der Risikofaktoren für eine SARS-CoV-2-Übertragung konnte gezeigt werden, dass die Wohnverhältnisse nach dieser Berechnung keinen signifikanten Risikofaktor für eine Übertragung von SARS-CoV-2 darstellten ( $p=0.6835$ ). Auch bei den Faktoren Alter, Geschlecht, Herkunftsland und dem Zusammenleben mit Kindern unter 14 Jahren zeigten sich keine statistisch signifikanten Unterschiede zwischen den infizierten und nicht infizierten Studienteilnehmern in der Analyse (Tab. 7).

Jedoch zeigte sich, dass der Arbeitsbereich als unabhängige Variable einen signifikanten Risikofaktor für eine Übertragung von SARS-CoV-2 darstellte ( $p=0.0095$ ) (Tab. 7).

**Tab. 7: Binäre logistische Regressionsanalyse**

| <b>Merkmal</b>                | <b>Schätzung</b> | <b>Standardfehler</b> | <b>z-Wert</b> | <b>p-Wert</b> |
|-------------------------------|------------------|-----------------------|---------------|---------------|
| Intercept                     | -2,23870         | 1,18436               | -1,890        | 0,0587        |
| Arbeitsbereich                | 0,36400          | 0,36400               | 2,592         | <b>0,0095</b> |
| Alter                         | -0,01216         | 0,01770               | -0,687        | 0,4921        |
| Geschlecht                    | -0,29990         | 0,46815               | -0,641        | 0,5218        |
| Herkunftsland                 | 0,29126          | 0,22277               | 1,307         | 0,1911        |
| In Wohnkohorten lebend        | -0,30154         | 0,73967               | -0,408        | 0,6835        |
| Mit Kinder < 14 Jahren lebend | -0,59298         | 0,68736               | -0,863        | 0,3883        |

Um weiter zu differenzieren, welcher spezielle Arbeitsbereich ein Risikofaktor für eine Infektion war, konnte mittels binärer logistischer Regressionsanalyse, in der der Arbeitsbereich „Verwaltung“ das Referenzniveau darstellte, gezeigt werden, dass der Arbeitsbereich „Housekeeping“ ein signifikanter Risikofaktor war (Abb. 16).

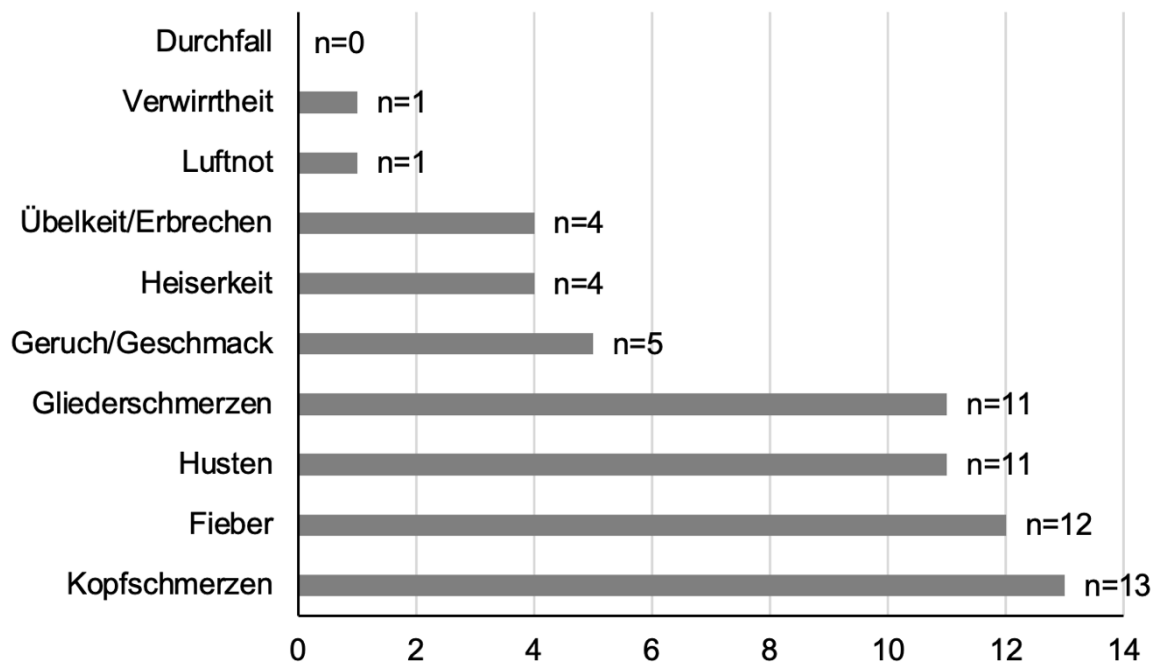


**Abb. 16: Graphische Darstellung der Ergebnisse der binären logistischen Regressionsanalyse**

x-Achse: Arbeitsbereiche, y-Achse: Anzahl (n) der Studienteilnehmer in den jeweiligen Arbeitsbereichen, nicht infiziert: kein SARS-CoV-2-Nachweis in der PCR, infiziert: Nachweis von SARS-CoV-2 in der PCR

### 3.3.3 Symptombezogene Daten der SARS-CoV-2-Infizierten

Anhand des Fragebogens wurden symptombezogene Daten erhoben und ausgewertet. 15 von 38 Infizierten gaben an, keinerlei krankheitsspezifische Symptome gehabt zu haben (39,5% asymptomatisch infiziert). 21 (55,3%) Studienteilnehmer waren symptomatisch infiziert. Zwei weitere infizierte Studienteilnehmer machten hierzu keine Angaben. Die häufigsten angegebenen Symptome waren Kopfschmerzen (n=13) und Fieber (n=12) (Abb. 17). Mehrfachangaben zu Symptomen waren im Fragebogen möglich.



**Abb. 17: Symptome bei positivem SARS-CoV-2-Nachweis in der PCR**

x-Achse: Anzahl (n) mit entsprechenden Symptomen, y-Achse: Symptome bei SARS-CoV-2-Infektion

## 4. Diskussion

Zu Beginn der Pandemie stand die Tourismusbranche im Verdacht, durch grenzüberschreitenden Reiseverkehr maßgeblich zu der SARS-CoV-2-Infektionsdynamik beizutragen. Ziel dieser prospektiven Studie war es, herauszufinden, ob es zu gehäuften COVID-19-Ausbrüchen in Lübeck und der Lübecker Bucht im Zeitraum von Juli bis Dezember 2020 unter den Beschäftigten der Tourismusbranche unter herrschenden Schutz- und Hygienemaßnahmen kam und welche Risikofaktoren in der Übertragung einer Infektion eine Rolle spielten. Hierzu wurden Beschäftigte aus touristischen Betrieben in Lübeck und der Lübecker Bucht bis zu dreimal auf das Vorliegen akuter und zurückliegender SARS-CoV-2-Infektionen mittels Nasen-/Rachenabstrichen und Antikörperbestimmungen aus Kapillarblut getestet, sowie ein Fragebogen ausgewertet. Es zeigte sich, dass die Infektionsraten in dem Studienkollektiv insgesamt niedrig waren, bei zunächst ebenfalls niedrigen 7-Tage-Inzidenzen aber gleichzeitig steigenden Touristenzahlen in den entsprechenden Regionen (128,129). Obwohl es ab Mitte Oktober zu steigenden 7-Tage-Inzidenzen in den Testregionen kam, konnte diese Studie zeigen, dass es zu keinen gehäuften Übertragungen im Studienkollektiv kam, obwohl damit aufgrund der steigenden Prävalenz von prä- und asymptomatischen Gästen hätte gerechnet werden können. Unterstrichen werden diese Ergebnisse auch von den wenigen positiven Antikörpernachweisen im Studienkollektiv, die asymptomatische oder unentdeckte Infektionen detektierten und insgesamt für eine niedrige Durchseuchungsrate im Kollektiv sprachen. Zu ähnlichen Ergebnissen kam auch eine großangelegte Studie in der Bevölkerung von Lübeck im selben Zeitraum mit 3.000 Teilnehmern, in der ebenfalls kein Anstieg der Infektionsraten bei steigenden Touristenzahlen festgestellt werden konnte (130). Im Zeitraum der Studiendurchführung kam es jedoch im Oktober 2020 zu einem Ausbruchsgeschehen unter den Mitarbeitern in einem einzelnen Hotel, in dessen Folge sich insgesamt 38 Mitarbeiter des Betriebs nachweislich infizierten. Durch eine genauere Analyse des Ausbruchsgeschehens konnte das Ausbruchskollektiv näher charakterisiert werden und es zeigte sich, dass der Arbeitsbereich „Housekeeping“ einen signifikanten Risikofaktor für die Übertragung von SARS-CoV-2 darstellte. Zusätzlich wurde deutlich, dass die Infizierten Studienteilnehmer tendenziell häufiger in „Wohnkohorten“ lebten. Die Studie zeigte aber auch, dass es trotz im Verlauf steigender 7-Tage-Inzidenzen zu keinem generellen Anstieg von

Infektionen unter den Beschäftigten der teilnehmenden Betriebe unter herrschenden Schutz- und Hygienemaßnahmen kam.

#### **4.1 Antikörper**

Die ersten serologischen Tests zur Detektion SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper standen ab März 2020 zur kommerziellen Verwendung zur Verfügung (131). Aus vorangegangenen Studien ist bekannt, dass die Mehrheit der Personen, die mit SARS-CoV-2 infiziert waren, im Verlauf Antikörper bilden (132,133). Somit stellte die Bestimmung von Antikörpern im Rahmen dieser Studie eine gute Möglichkeit dar, eine abgelaufene Infektion und mögliche Infektionscluster zu identifizieren. Für diese Studie wurden sowohl S1- als auch NCP-basierte Anti-SARS-CoV-2-Testsysteme des Herstellers Euroimmun AG verwendet, da durch eine kombinierte Teststrategie die diagnostische Sicherheit und die Spezifität gesteigert werden konnten (131). Da diese Studie vor der Einführung der Impfung stattfand, handelte es sich bei dem Studienkollektiv um ein vollständig ungeimpftes Kollektiv. Positive Antikörperbefunde (S1 und/oder NCP) wiesen also auf einen sicheren Kontakt mit dem Virus hin.

1047 Kapillarblutproben konnten in dieser Studie für die Antikörperbestimmung ausgewertet werden. Die insgesamt geringe Seroprävalenz im Gesamtkollektiv (3,4%) spricht gegen eine breite Immunität im Studienkollektiv. Dies deckt sich mit den Ergebnissen einer Studie des Robert-Koch-Instituts (RKI) in Berlin, in der seit April 2020 wiederholt zahlreiche Proben von Blutspendern auf das Vorliegen SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper getestet wurden und die bis Dezember 2020 einen positiven Anteil der Proben von < 2 % ermittelte (134).

Sieben Wochen nach dem Ausbruchsgeschehen im Oktober 2020 wurde im Dezember 2020 eine erneute Testreihe in dem betroffenen Betrieb durchgeführt, an der 48 Studienteilnehmer (46,2%) des Ausbruchskollektivs (n=104) erneut teilnahmen. In allen Proben zuvor infizierter Studienteilnehmer gelang der Nachweis SARS-CoV-2-spezifischer Antikörper (n=14). In den Proben der aus der Vergleichsgruppe teilnehmenden nicht infizierten Studienteilnehmer (n=34) konnten keine erhöhten Antikörpertiter detektiert werden, die hinweisend auf eine unentdeckte Infektion während des Ausbruchsgeschehens gewesen wären.

Außerhalb des Ausbruchskollektivs gelangen insgesamt sechs Antikörpernachweise, die weder in einem zeitlichen Zusammenhang zueinanderstanden noch

Rückschlüsse auf eine lokale Häufung zuließen, sodass nicht von einem weiteren unentdeckten SARS-CoV-2-Ausbruch im Studienkollektiv im Zeitraum der Studie ausgegangen werden kann. Die nur vereinzelt positiven Antikörperbefunde in weiteren Betrieben können auch ein Hinweis auf die gute Wirksamkeit von Schutz- und Hygienemaßnahmen sein, die während des Studienzeitraums in sämtlichen Betrieben herrschten. So bleibt zwar unklar, ob die Studienteilnehmer mit positiven Antikörperbefunden zu der Zeit, als sie infektiös waren, in den jeweiligen Betrieben gearbeitet haben, zu einem größeren Ausbruchsgeschehen kam es jedoch unter den Mitarbeitern während des Studienzeitraums nachweislich nicht.

## **4.2 Risikofaktoren für die Übertragung von SARS-CoV-2**

Über mehrere Monate hinweg konnte im Rahmen dieser Studie keine erhöhte Infektionsdynamik unter den Beschäftigten in der Tourismusbranche festgestellt werden. Das Ausbruchsgeschehen im Oktober 2020 in einem einzelnen Hotel änderte die Infektionsrate unter den Beschäftigten dieses Betriebs jedoch dramatisch. 38 Mitarbeiter wurden positiv auf das Vorliegen einer akuten SARS-CoV-2-Infektion getestet. Mit der Auswertung der Fragebögen wurde der Ausbruch hinsichtlich demographischer Daten, Arbeits- und Wohnverhältnissen genauer charakterisiert und es konnten Rückschlüsse auf mögliche Risikofaktoren gezogen werden.

### **4.2.1 Wohnverhältnisse als Risikofaktor**

Aus vorangegangenen Studien ist bekannt, dass die Lebensumstände einen relevanten Einfluss auf Infektionsgeschehen, auch unabhängig von SARS-COV-2, haben können (135,136). Ausbruchsgeschehen mit hunderten Infizierten in zwei Wohnkomplexen in Göttingen im Mai/Juni 2020 rückten insbesondere die Wohnverhältnisse als Risikofaktor für eine Übertragung von SARS-CoV-2 in den Fokus der Öffentlichkeit, da sie damals zu einem starken Anstieg der Inzidenz in der Stadt Göttingen führten (137). Die Bewohner der Wohnkomplexe lebten überwiegend in Haushalten mit mehreren Personen auf engem Raum. Auch eine Studie des RKI aus dem Jahr 2021/22 beschreibt Zusammenhänge zwischen den Lebensumständen und dem Infektionsgeschehen (138). In der Studie des RKI wird deutlich, dass die Lebensumstände, wie z.B. das Leben auf beengtem Wohnraum

und kleinflächigen Wohnungen, die fehlende Möglichkeit der Isolation von infizierten Familienmitgliedern und das Leben in Mehrpersonenhaushalten, zu einem höheren Infektionsrisiko beitragen können. Diese Lebensumstände gehen häufig mit einem niedrigeren sozio-ökonomischen Status einher, der einen allgemeinen Risikofaktor für eine SARS-CoV-2-Übertragung und einen Prädiktor für Pandemie-Hotspots in größeren Städten darstellen kann (136,139,140). Dass der sozio-ökonomische Status Einfluss auf das Übertragungsrisiko von Infektionskrankheiten hat, beschränkt sich nicht auf SARS-CoV-2. Schon während der „Spanischen“ Grippe in den Jahren 1918/19 oder der Ausbreitung von Ebola im Jahr 2014 zeigte sich eine Benachteiligung von Menschen mit niedrigerem sozio-ökonomischen Status hinsichtlich Expositions- und Übertragungsrisiko und Todesfällen (141–143).

Auch die Auswertungen der vorliegenden Studie bestätigen den Einfluss der Lebensumstände auf das Infektionsgeschehen. Die infizierten Studienteilnehmer lebten mehrheitlich an drei Adressen, die im Ergebnisteil unter dem Begriff „Wohnkohorten“ zusammengefasst wurden. Ob es sich hierbei um Sammel- und Gemeinschaftsunterkünfte handelte, die infizierten Personen im selben Haushalt oder lediglich unter derselben Anschrift in unterschiedlichen Wohneinheiten lebten, wie groß die einzelnen Wohneinheiten waren und ob es haushaltsübergreifende Gemeinschaftsräume gab, wurde im Rahmen dieser Studie nicht erfragt und bleibt einschränkend zu erwähnen.

#### **4.2.2 Arbeitsbereich als Risikofaktor**

Neben den individuellen Wohnverhältnissen machen verschiedene Studien deutlich, dass auch der Arbeitsbereich einen Risikofaktor für eine Übertragung darstellen kann und sich das berufsspezifische Ansteckungsrisiko je nach Arbeitsbereich unterscheidet (144,145). Körperlich anstrengende Arbeit, die mit einer hohen Aerosolproduktion verbunden ist, schlecht belüftete Arbeitsumgebungen, enger physischer Kontakt während der Arbeitszeit und die fehlende Möglichkeit Abstand zu halten, können zu steigenden Infektionsraten führen (111). Längst nicht alle Berufsgruppen konnten ihren Arbeitsplatz während der Pandemie in die Häuslichkeit verlagern, um so das Infektions- und Übertragungsrisiko durch Kontaktbeschränkungen nachweislich deutlich zu minimieren (146,147). Ausbruchsgeschehen unter Mitarbeitern in fleischverarbeitenden Betrieben führten

schon früh in der Pandemie zu einer großen Anzahl an infizierten Personen und medialer Aufmerksamkeit (148,149).

Die Ergebnisse der vorliegenden Studie zeigen, dass der Arbeitsbereich „Housekeeping“ der einzige signifikante Risikofaktor für eine Übertragung mit SARS-CoV-2 im Studienkollektiv war. Der Arbeitsbereich „Housekeeping“ kann mit einer höheren körperlichen Anstrengung und damit einer vermehrten Aerosolproduktion verbunden sein, die das Übertragungsrisiko erhöhen können. Zusätzlich kann dieser Arbeitsbereich dem Niedriglohnsektor zugeordnet werden. Das bedeutet, dass den Arbeitskräften weniger als zwei Drittel des Medianbruttoverdienstes gezahlt werden (150). Beschäftigte in Niedriglohnsektoren haben oft einen niedrigen sozio-ökonomischen Status, der einen unabhängigen Risikofaktor für die Übertragung von SARS-CoV-2 darstellen kann. Kongruent hierzu befand sich unter den Infizierten lediglich eine Person aus dem Arbeitsbereich „Verwaltung“, einem häufig besser entlohnten Arbeitsbereich.

Interessanterweise stellte der Arbeitsbereich „Küche/Spüle“ keinen signifikanten Risikofaktor für eine Übertragung von SARS-CoV-2 in dieser Studie dar, obwohl es sich ebenfalls um einen körperlich anstrengenden Arbeitsbereich mit wenig Möglichkeit zur Einhaltung physischer Distanz zu Kollegen und häufig schlechter Entlohnung handelt. Auch die Anzahl der Studienteilnehmer war im Bereich „Housekeeping“ (n=23) und „Küche/Spüle“ (n=20) im Ausbruchskollektiv durchaus vergleichbar. Dies legt die Vermutung nahe, dass noch andere Faktoren bei der Übertragung eine Rolle gespielt haben müssen, die im Rahmen dieser Studie nicht erfasst wurden, wie beispielsweise gemeinsame Pausenräume oder Transportmittel zum Arbeitsplatz.

### **4.2.3 Sprachbarriere als Risikofaktor**

Geringe Kenntnisse der Landessprache erhöhen ebenfalls nachweislich das Risiko für eine Übertragung von SARS-CoV-2 (151). Gründe hierfür können ein sprachbedingter Mangel an Pandemie-relevanten Informationen zum Infektionsschutz oder Angeboten des Gesundheitssystems, wie zum Beispiel kostenlosen Testungen, sein.

Der Fragebogen dieser Studie wurde ausschließlich in deutscher Sprache ausgeteilt. 24,3% der Studienteilnehmer des Gesamtkollektivs gaben jedoch an, nicht aus Deutschland zu stammen. Aus dem Kollektiv der Infizierten betrug dieser

Anteil sogar 55,3%. Über die jeweiligen Deutschkenntnisse der Studienteilnehmer war nichts bekannt. Während der Probenentnahmen wurden die Fragebögen bei Verständnisproblemen zwar durch englischsprechendes Studienpersonal vor Ort übersetzt, dennoch erfolgte die Übersetzung nicht immer in die Muttersprache der Studienteilnehmer. Da einige Fragen besonders oft unbeantwortet blieben, ist anzunehmen, dass es sich hierbei auch um Verständnisprobleme durch Sprachbarrieren gehandelt haben könnte. Im Vorfeld der Studie war jedoch nicht absehbar, in welche Sprachen eine Übersetzung sinnvoll gewesen wäre. In nachfolgenden Studien in diesem Bereich sollten Fragebögen in weitere Sprachen übersetzt werden, um mögliche Verzerrungen von Ergebnissen durch fehlende Antworten, die durch sprachbezogene Verständnisprobleme bedingt sind, zu minimieren.

#### **4.2.4 Zusammenleben mit Kindern als Risikofaktor**

Während der Grippepandemie in den Jahren 1918/19 zeigten sich hohe Infektionsraten bei Kindern und jungen Erwachsenen und es kam damals zur Eindämmung der Pandemie zu Schulschließungen (152). Auch in später aufgetretenen, saisonalen Grippewellen spielten Kinder eine bedeutende Rolle bei der Ausbreitung der Infektion (153). Gerade zu Beginn der Covid-19-Pandemie wurden Kinder als „Pandemietreiber“ bezeichnet und es kam als Maßnahme zur Eindämmung der Pandemie weltweit zu Kita-/Schulschließungen (154,155). Eine bayerische Studie, die im Zeitraum von September 2020 bis März 2021 tausende Kinder und Mitarbeiter aus Schulen und Kindertagesstätten auf SARS-CoV-2-Infektionen testete, konnte feststellen, dass Kinder nicht maßgeblich zum Infektionsgeschehen von SARS-CoV-2 beitragen (156). Im Einklang hierzu stehen auch die Ergebnisse der vorliegenden Studie, die zeigen, dass das Zusammenleben mit Kindern im selben Haushalt bei dem Ausbruchsgeschehen keine entscheidende Rolle bei der Übertragungs- und Infektionsdynamik spielte. Lediglich 5,3% der infizierten Studienteilnehmer gaben an, mit Kindern unter 14 Jahren gemeinsam in einem Haushalt zu leben. Im Gesamtkollektiv waren es 19,0%.

### 4.3 Symptome

Bereits in zahlreichen publizierten Ausbruchsbeschreibungen zeigte sich ein hoher Anteil an asymptomatisch infizierten Personen (120,157). Sie stellen ein weltweites Problem bei der Prävention und Kontrolle der Ausbreitung von SARS-CoV-2 dar, da sie durch die fehlende klinische Erkennbarkeit äußerst schwer zu erfassen sind, zu der Ausbreitung der COVID-19-Pandemie jedoch entscheidend beitrugen (158).

39,5% (n=15) der infizierten Studienteilnehmer gaben an, keinerlei krankheitsspezifische Symptome entwickelt zu haben, was die Relevanz asymptomatisch infizierter Personen in einem Ausbruchsgeschehen unterstreicht. Entwickelten die infizierten Studienteilnehmer Symptome, so handelte es sich am häufigsten um Kopfschmerzen (n=13) und Fieber (n=12). Die häufigsten Symptome in Deutschland im Jahr 2020 waren Husten, Fieber und Schnupfen (70). Nur fünf der 21 (23,8%) symptomatisch infizierten Studienteilnehmer gaben an, unter Geruchs- oder Geschmacksstörungen zu leiden; das sind Symptome, die in anderen Studien mit einem Anteil von 36-86% beschrieben werden (159,160). Die Diskrepanz könnte durch die insgesamt geringe Anzahl symptomatisch infizierter Studienteilnehmer (n =21) in dieser Studie bedingt sein.

Nicht nur Infektionen mit SARS-CoV-2 können zu erkältungs- und grippeähnlichen Symptomen führen. In den Herbst- und Wintermonaten kommt es in Deutschland regelmäßig zu Infektionswellen mit Influenza- und anderen Atemwegsviren, wie z.B. dem Respiratorischen Synzytial-Virus (RSV) (161). Während der jährlichen Grippewellen versterben weltweit hunderttausende Menschen infolge der Infektion (162). Es handelt sich hierbei also ebenfalls um eine klinisch bedeutsame Infektion. Die häufigsten Symptome einer Influenzainfektion sind plötzlicher Krankheitsbeginn, Fieber, Husten, allgemeine Schwäche, Hals- und Kopfschmerzen. Sie ähneln somit deutlich einer Infektion mit SARS-CoV-2 (163). Eine klinische Unterscheidung beider Infektionen ist somit kaum möglich. Eine sichere Abgrenzung voneinander kann schlussendlich nur durch eine Labordiagnostik und den sicheren Erregernachweis erfolgen. Dabei wäre eine klinische Unterscheidung ideal, um rasch eine spezifische Behandlung für Risikopatienten, wie z.B. die Gabe von Neuraminidasehemmern bei Influenzainfektionen, einzuleiten und eine effektive Infektionskontrolle sicherzustellen. Zum Zeitpunkt der Studie gab es noch keine Kombinationstests auf SARS-CoV-2 und andere Atemwegsviren. Inzwischen stehen Tests auf mehrere

Viren aus einem Abstrich zur Verfügung (Multiplex-PCR-Tests), um die weitere Diagnostik zu verbessern und eine Therapie entsprechend rasch einleiten oder anpassen zu können (164,165).

#### **4.4 Probenentnahme und Nachweismethoden**

Eine qualitativ schlechte Probenentnahme, ein unsachgemäßer Transport, sowie die Entnahme von Probenmaterial zu einem ungünstigen Zeitpunkt im Krankheitsverlauf können zu falsch-negativen Testergebnissen führen (166,167). Die Entnahme der 1072 Nasen-/Rachenabstriche im Rahmen dieser Studie erfolgte stets nach dem gleichen Ablauf durch geschultes Personal unter vergleichbaren Schutz- und Hygienemaßnahmen. Insgesamt ist so von einer geringen Verzerrung der Ergebnisse durch mangelhafte Probenentnahme oder unsachgemäßen Transport auszugehen, da diese Faktoren während des Studienzeitraums vergleichbar blieben. Durch die kombinierte Entnahme von Abstrichen und Kapillarblut zur Antikörperbestimmung wurde sichergestellt, dass neben akuten Infektionen auch zurückliegende zuverlässig detektiert wurden.

#### **4.5 Limitationen**

Diese Studie weist einige Limitationen auf. Zunächst ist die insgesamt geringe Anzahl an Studienteilnehmern (n=679) und die noch geringere Anzahl an infizierten Personen (n=38) zu nennen. Aufgrund von Kontaktverboten und der Angst vor Stigmatisierung bei einer nachgewiesenen Infektion war es leider nicht möglich, mehr Studienteilnehmer für diese Studie zu gewinnen.

Grade zu Beginn der Pandemie gab es nur deutlich eingeschränkte PCR-Testkapazitäten. Aus diesem Grund wurden ausschließlich Beschäftigte des Tourismussektors, nicht aber Mitbewohner der infizierten Studienteilnehmer oder Touristen, im Rahmen dieser Studie getestet. So bleibt unklar, ob sich im Rahmen des Ausbruchsgeschehens noch weitere Personen infizierten oder wie es letztlich zum Eintrag des Erregers in das Kollektiv kam. Nach Abschluss der Studie bestätigte das örtliche Gesundheitsamt jedoch, dass es im Zusammenhang mit dem Ausbruchsgeschehen im Oktober 2020 zu keiner erhöhten Zahl an Infektionen in der betroffenen Region kam.

Diese Studie wurde nicht entwickelt, um Aussagen über Infektionsketten oder Ansteckungswege zu treffen. Mit dem Fragebogen wurde zwar erhoben, ob die Studienteilnehmer mit einem Arbeitskollegen zusammenlebten, um welchen Arbeitskollegen es sich handelte und ob dieser Arbeitskollege ebenfalls an der Studie teilnahm, konnte aus Gründen des Datenschutzes nicht erhoben werden. Gleichzeitig bleibt unklar, wo die Ansteckung der infizierten Studienteilnehmer erfolgte. Zwar stellte der Arbeitsbereich „Housekeeping“ einen signifikanten Risikofaktor dar - ob sich die infizierten Personen jedoch tatsächlich am Arbeitsplatz ansteckten oder eine Übertragung in der Häuslichkeit, dem Transport zum Arbeitsplatz oder zu Pausenzeiten stattfand, konnte abschließend nicht eruiert werden.

Um die Übertragung innerhalb von Wohnkomplexen, am Arbeitsplatz, zu Pausenzeiten oder während gemeinsamer Transporte zum Arbeitsplatz bzw. nach Hause besser zu verstehen, wären für nachfolgende Studien mehr Informationen zu genauen Lebensumständen und der Möglichkeit zur physischen Distanzierung essenziell.

#### **4.6 Ausblick**

Die Covid-19-Pandemie hat gezeigt, wie verletzlich die Tourismusbranche gegenüber neu aufgetretenen Atemwegserregern ist. Mit Blick auf die Globalisierung und den grenzüberschreitenden Reiseverkehr ist es denkbar, dass es zukünftig wiederholt zu Pandemien mit Erregern kommt, die ähnlich übertragen werden wie SARS-CoV-2. Die Erfahrungen der vergangenen Jahre haben wertvolle Erkenntnisse über Übertragungswege, -risiken und -orte aber auch über effektive Teststrategien sowie Schutz- und Hygienemaßnahmen geliefert, die als Grundlage für den Umgang mit ähnlichen Bedrohungen dienen können. Es ist zu erwarten, dass die Tourismusbranche mit Blick auf zukünftige Pandemien flexiblere Konzepte entwickeln wird, um die wirtschaftliche Stabilität der Branche zu sichern und resilienter zu werden. Während der COVID-19-Pandemie wurde schnell deutlich, dass sich nicht alle Personengruppen gleichermaßen vor dem Virus schützen können und sich SARS-CoV-2 so in bestimmten Umgebungen vermehrt ausbreiten kann. Es ist bekannt, dass sozio-ökonomische Unterschiede und persönliche Lebensumstände, wie z.B. die Wohnsituation oder das Arbeitsumfeld, das Infektionsgeschehen maßgeblich beeinflussen (135,136). Dies unterstreichen auch

die Ergebnisse dieser Studie. Umso wichtiger ist es in zukünftigen Pandemien, dass insbesondere Berufsgruppen mit hoher Exposition und Menschen in prekären Wohnverhältnissen Zugang zu gezielten Präventionsangeboten und flexiblen, niedrighschwelligem, idealerweise kostenfreien Testangeboten ermöglicht wird. Regelmäßige Screening-Programme in Hochprävalenzbereichen und Risikogruppen sollten angeboten werden, um auch die Transmission durch asymptomatisch infizierte Personen zu minimieren. Gezielte Informationskampagnen in relevanten Sprachen unter Berücksichtigung kultureller Hintergründe, verbindliche betriebliche Schutz- und Hygienekonzepte unter Einbeziehung aller Beschäftigtengruppen und sichere Wohnbedingungen mit einem Mindeststandard für Gemeinschaftsunterkünfte (z.B. Möglichkeit zur Isolation, ausreichende Belüftung) sind unerlässlich und sollten auch zukünftig wirksame Maßnahmen zum Infektionsschutz in der Tourismusbranche darstellen. So können die gesellschaftliche Akzeptanz touristischer Aktivitäten und die wirtschaftliche Stabilität der Branche in Krisenzeiten und zukünftigen Pandemien gesichert werden.

## 5. Zusammenfassung

Die COVID-19-Pandemie hatte große Auswirkungen auf den weltweiten Tourismus. Reiseverbote, Abriegelungsmaßnahmen von Gemeinden und Ländern, Aufrufe für den Verbleib Zuhause und Maßnahmen zur sozialen Distanzierung führten 2020 zum fast vollständigen Erliegen des weltweiten Reise- und Tourismusverkehrs (125). Befürchtungen den hohen Beitrag vom Tourismus zur Infektionsdynamik betreffend waren allgegenwärtig und wurden durch „Superspreading-Events“ verstärkt und bestätigt.

Während früh in der Pandemie deutlich wurde, dass grenzüberschreitender Tourismus zwischen Ländern mit unterschiedlichen Inzidenzen eine hohe Bedeutung für das Infektionsgeschehen hat, wurden Risikofaktoren für die Übertragung von SARS-CoV-2 unter Beschäftigten im Tourismussektor nicht im Detail bewertet (9). Ziel dieser Arbeit war es, die Infektionsdynamik innerhalb eines norddeutschen Studienkollektivs aus dem Tourismussektor über mehrere Monate und während zunehmender Touristenzahlen zu beobachten und mögliche Risikofaktoren für ein Ausbruchsgeschehen in diesem Kollektiv zu detektieren. Im Rahmen dieser Studie wurden 679 Mitarbeiter aus 21 touristischen Betrieben im Kreis Ostholstein und der Stadt Lübeck von Juli bis Dezember 2020 an bis zu drei Testzeitpunkten auf akute und zurückliegende SARS-CoV-2-Infektionen untersucht. Es wurden insgesamt 1072 Nasen-/Racheabstriche und 1049 Antikörperbefunde ausgewertet. Zusätzlich wurde zur Erhebung demographischer Daten, etwaiger Symptome und aktueller Lebensverhältnisse ein Fragebogen ausgewertet. Im Gesamtkollektiv kam es während des Studienzeitraums nicht zu einer gesteigerten Inzidenz. Anhand eines isolierten Ausbruchsgeschehens mit 38 Infizierten in einem der teilnehmenden Betriebe stellte sich heraus, dass der Arbeitsbereich „Housekeeping“ ein signifikanter Risikofaktor für eine Übertragung von SARS-CoV-2 war und die infizierten Studienteilnehmer tendenziell häufiger in „Wohnkohorten“ lebten. Die Kombination aus beengten Wohnverhältnissen sowie die erhöhte Exposition in bestimmten Berufsgruppen betonen die Bedeutung sozio-ökonomischer Faktoren bei der Bewertung des Übertragungsrisikos von SARS-CoV-2. Diese sollten in zukünftigen Pandemien mit Atemwegserregern bei der Etablierung von Präventions- und Testangeboten berücksichtigt werden.

## 6. Literaturverzeichnis

1. <https://www.auswaertiges-amt.de/de/ReiseUndSicherheit/covid-19/2296762>  
(Tag des Zugriffs: 10.09.2021)
2. <https://de.statista.com/infografik/28276/covid-19-auswirkungen-auf-den-tourismus> (Tag des Zugriffs: 13.10.2023)
3. Novelli M, Gussing Burgess L, Jones A, Ritchie BW. 'No Ebola...still doomed' – The Ebola-induced tourism crisis. *Ann Tour Res.* 2018;70:76–87.
4. Goodrich JN. September 11, 2001 attack on America: a record of the immediate impacts and reactions in the USA travel and tourism industry. *Tour Manag.* 2002;23:573–80.
5. McKercher B, Chon K. The Over-Reaction to SARS and the Collapse of Asian Tourism. *Ann Tour Res.* 2004;31:716–9.
6. Gössling S, Scott D, Hall CM. Pandemics, tourism and global change: a rapid assessment of COVID-19. *J Sustain Tour.* 2021;29:1–20.
7. Kreidl P, Schmid D, Maritschnik S, Richter L, Borena W, Genger JW. Emergence of coronavirus disease 2019 (COVID-19) in Austria. *Wien Klin Wochenschr.* 2020;132:645–52.
8. Correa-Martínez CL, Kampmeier S, Kümpers P, Schwierzeck V, Hennies M, Hafezi W. A Pandemic in Times of Global Tourism: Superspreading and Exportation of COVID-19 Cases from a Ski Area in Austria. *J Clin Microbiol.* 2020; 58(6)
9. Popa A, Genger JW, Nicholson MD, Penz T, Schmid D, Aberle SW. Genomic epidemiology of superspreading events in Austria reveals mutational dynamics and transmission properties of SARS-CoV-2. *Sci Transl Med.* 2020; 12(573)
10. Monod M, Blenkinsop A, Xi X, Hebert D, Bershan S, Tietze S. Age groups that sustain resurging COVID-19 epidemics in the United States. *Science.* 2021; 371(6536)
11. Badr HS, Du H, Marshall M, Dong E, Squire MM, Gardner LM. Association between mobility patterns and COVID-19 transmission in the USA: a mathematical modelling study. *Lancet Infect Dis.* 2020;20:1247–54.
12. Tyrrell D a. J, Bynoe ML. Cultivation of a Novel Type of Common-cold Virus in Organ Cultures. *Br Med J.* 1965;1:1467–70.
13. Laue M, Kauter A, Hoffmann T, Möller L, Michel J, Nitsche A. Morphometry of SARS-CoV and SARS-CoV-2 particles in ultrathin plastic sections of infected Vero cell cultures. *Sci Rep.* 2021;11:3515.

14. Our Molecular Biology Correspondent. Gene Control: Histones—Animal and Vegetable. *Nature*. 1968;220:650–650.
15. Belouzard S, Millet JK, Licitra BN, Whittaker GR. Mechanisms of coronavirus cell entry mediated by the viral spike protein. *Viruses*. 2012;4:1011–33.
16. Hoffmann M, Kleine-Weber H, Schroeder S, Krüger N, Herrler T, Erichsen S. SARS-CoV-2 Cell Entry Depends on ACE2 and TMPRSS2 and Is Blocked by a Clinically Proven Protease Inhibitor. *Cell*. 2020;181:271-280
17. Fehr AR, Perlman S. Coronaviruses: An Overview of Their Replication and Pathogenesis. *Coronaviruses. Methods Mol Biol*. 2015;1282:1–23.
18. Denison MR, Graham RL, Donaldson EF, Eckerle LD, Baric RS. Coronaviruses: an RNA proofreading machine regulates replication fidelity and diversity. *RNA Biol*. 2011;8:270–9
19. Hufert F, Spiegel M. Coronaviren: von der banalen Erkältung zum schweren Lungenversagen. *Monatsschr Kinderheilkd*. Juni 2020;168:488–501.
20. Shi Z, Hu Z. A review of studies on animal reservoirs of the SARS coronavirus. *Virus Res*. April 2008;133(1):74–87.
21. Chan JFW, To KKW, Tse H, Jin DY, Yuen KY. Interspecies transmission and emergence of novel viruses: lessons from bats and birds. *Trends Microbiol*. 2013;21:544–55.
22. Graham RL, Baric RS. Recombination, Reservoirs, and the Modular Spike: Mechanisms of Coronavirus Cross-Species Transmission. *J Virol*. 2010;84:3134–46.
23. Corman VM, Lienau J, Witzentath M. Coronaviren als Ursache respiratorischer Infektionen. *Internist*. 2019;60:1136–45.
24. Huang C, Wang Y, Li X, Ren L, Zhao J, Hu Y. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*. 2020;395:497–506.
25. Jiang F, Deng L, Zhang L, Cai Y, Cheung CW, Xia Z. Review of the Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19). *J Gen Intern Med*. 2020;1–5.
26. Rabaan AA, Al-Ahmed SH, Haque S, Sah R, Tiwari R, Malik YS. SARS-CoV-2, SARS-CoV, and MERS-COV: A comparative overview. *Infez Med*. 2020;28:174–84.
27. Peiris JSM, Lai ST, Poon LLM, Guan Y, Yam LYC, Lim W. Coronavirus as a

possible cause of severe acute respiratory syndrome. *Lancet Lond Engl.* 2003;361:1319–25.

28. Gorbalenya AE, Baker SC, Baric RS, de Groot RJ, Drosten C, Gulyaeva AA. The species Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus : classifying 2019-nCoV and naming it SARS-CoV-2. *Nat Microbiol.* 2020;5:536–44.

29. <https://www.who.int/publications/m/item/summary-of-probable-sars-cases-with-onset-of-illness-from-1-november-2002-to-31-july-2003> (Tag des Zugriffs: 29.07.2021)

30. Drosten C, Günther S, Preiser W, van der Werf S, Brodt HR, Becker S. Identification of a Novel Coronavirus in Patients with Severe Acute Respiratory Syndrome. *N Engl J Med.* 2003;348:1967–76.

31. Ksiazek TG, Erdman D, Goldsmith CS, Zaki SR, Peret T, Emery S. A novel coronavirus associated with severe acute respiratory syndrome. *N Engl J Med.* 2003;348:1953–66.

32. Zaki AM, van Boheemen S, Bestebroer TM, Osterhaus ADME, Fouchier RAM. Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. *N Engl J Med.* 2012;367:1814–20.

33. Bermingham A, Chand MA, Brown CS, Aarons E, Tong C, Langrish C. Severe respiratory illness caused by a novel coronavirus, in a patient transferred to the United Kingdom from the Middle East, September 2012. *Eurosurveillance.* 2012;17:20290.

34. de Groot RJ, Baker SC, Baric RS, Brown CS, Drosten C, Enjuanes L. Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus (MERS-CoV): Announcement of the Coronavirus Study Group. *J Virol.* 2013;87:7790–2.

35. Rasmussen SA, Watson AK, Swerdlow DL. Middle East Respiratory Syndrome (MERS). *Microbiol Spectr.* 2016;4

36. [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/M/MERS\\_Coronavirus/MERS-CoV.html](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/M/MERS_Coronavirus/MERS-CoV.html) (Tag des Zugriffs: 20.01.2021)

37. [https://www.rki.de/DE/Content/Gesundheitsmonitoring/Gesundheitsberichterstattung/Glossar/gbe\\_glossar\\_catalog.html?cms\\_lv2=3686280](https://www.rki.de/DE/Content/Gesundheitsmonitoring/Gesundheitsberichterstattung/Glossar/gbe_glossar_catalog.html?cms_lv2=3686280) (Tag des Zugriffs: 13.10.2023)

38. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2020-DON229> (Tag des Zugriffs: 13.10.2023)

39. Zhu N, Zhang D, Wang W, Li X, Yang B, Song J. A Novel Coronavirus from

- Patients with Pneumonia in China, 2019. *N Engl J Med.* 2020;382:727–33
40. Corman VM, Landt O, Kaiser M, Molenkamp R, Meijer A, Chu DK. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *Eurosurveillance.* 2020;25:2000045.
41. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN908947.3> (Tag des Zugriffs: 20.01.2021)
42. <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-remarks-at-the-media-briefing-on-2019-ncov-on-11-february-2020> (Tag des Zugriffs: 20.12.2020)
43. Freuding J, Wohlrabe K. Die Dauer der Einschränkungen des öffentlichen Lebens und die Normalisierung der Geschäftslage: Was erwarten die Unternehmen? *Ifo Schnelldienst digital* 2021;4:1-5
44. Fox T, Geppert J, Dinnes J, Scandrett K, Bigio J, Sulis G. Antibody tests for identification of current and past infection with SARS-CoV-2. *Cochrane Database Syst Rev.* 2022;11:CD013652.
45. <https://covid19.who.int> (Tag des Zugriffs: 17.07.2021)
46. <https://de.statista.com/statistik/daten/studie/1106392/umfrage/aktive-faelle-des-coronavirus-covid-19-weltweit/> (Tag des Zugriffs: 12.09.2024)
47. Wolff J, Becker J, Naendrup JH, Borrega JG, Heger JM, Hamacher L. Teamspezifische Auswirkungen der Corona-Pandemie auf Mitarbeiter:innen der Internistischen Intensivmedizin eines Krankenhauses der Maximalversorgung. *Med Klin Intensivmed Notfallmedizin.* 2023;118:556–63.
48. <https://www.intensivregister.de/#!/aktuelle-lage/zeitreihen> (Tag des Zugriffs: 11.09.2024)
49. Kramer V, Thoma A, Kunz M. Medizinisches Fachpersonal in der COVID-19-Pandemie: Psyche am Limit. *InFo Neurol Psychiatr.* 2021;23:46–53.
50. [https://www.who.int/news/item/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-\(2005\)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-\(2019-ncov\)](https://www.who.int/news/item/30-01-2020-statement-on-the-second-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-(2019-ncov)) (Tag des Zugriffs: 20.01.2021)
51. <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020> (Tag des Zugriffs: 17.07.2021)
52. <https://www.rki.de/DE/Content/Gesundheitsmonitoring/>

Gesundheitsberichterstattung/Glossar/gbe\_glossar\_catalog.html?nn=2370676&cms\_lv2=3686300 (Tag des Zugriffs: 13.10.2023)

53. Robert Koch Institut: Beschreibung des bisherigen Ausbruchsgeschehens mit dem neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 in Deutschland (Stand: 12. Februar 2020) *Epidemiologisches Bulletin*, 2020;7:3-5.

54. [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/Situationsberichte/Nov\\_2020/2020-11-10-de.pdf?\\_\\_blob=publicationFile](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Nov_2020/2020-11-10-de.pdf?__blob=publicationFile) (Tag des Zugriffs: 12.09.2024)

55. <https://www.bundesregierung.de/breg-de/themen/coronavirus/besprechung-der-bundeskanzlerin-mit-den-regierungschefinnen-und-regierungschefs-der-laender-vom-22-03-2020-1733248> (Tag des Zugriffs: 20.01.2021)

56. <https://dip.bundestag.de/vorgang/.../260577> (Tag des Zugriffs: 29.07.2021)

57. <https://www.bundesregierung.de/breg-de/aktuelles/videokonferenz-der-bundeskanzlerin-mit-den-regierungschefinnen-und-regierungschefs-der-laender-am-28-oktober-2020-1805248> (Tag des Zugriffs: 28.10.2020)

58. <https://www.bundesregierung.de/breg-de/themen/coronavirus/bund-laender-beschluss-1804936> (Tag des Zugriffs: 17.07.2021)

59. <https://de.wikipedia.org/w/index.php?title=AHA-Formel&oldid=247877463> (Tag des Zugriffs: 11.09.2024)

60. Fears AC, Klimstra WB, Duprex P, Hartman A, Weaver SC, Plante KS. Persistence of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 in Aerosol Suspensions. *Emerg Infect Dis.* 2020;26:2168–71.

61. Kratzel A, Todt D, V'kovski P, Steiner S, Gultom M, Thao TTN. Inactivation of Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 by WHO-Recommended Hand Rub Formulations and Alcohols. *Emerg Infect Dis.* 2020;26:1592–5.

62. MacIntyre CR, Cauchemez S, Dwyer DE, Seale H, Cheung P, Browne G. Face mask use and control of respiratory virus transmission in households. *Emerg Infect Dis.* 2009;15:233–41.

63. Aiello AE, Murray GF, Perez V, Coulborn RM, Davis BM, Uddin M. Mask use, hand hygiene, and seasonal influenza-like illness among young adults: a randomized intervention trial. *J Infect Dis.* 2010;201:491–8.

64. Leung NHL, Chu DKW, Shiu EYC, Chan KH, McDevitt JJ, Hau BJP. Respiratory virus shedding in exhaled breath and efficacy of face masks. *Nat Med.* 2020;26:676–80.

65. Konda A, Prakash A, Moss GA, Schmoltdt M, Grant GD, Guha S. Aerosol Filtration Efficiency of Common Fabrics Used in Respiratory Cloth Masks. *ACS Nano*. 2020;14:6339–47.
66. Allen JG, Marr LC. Recognizing and controlling airborne transmission of SARS-CoV-2 in indoor environments. *Indoor Air*. 2020;30:557–8.
67. Hellewell J, Abbott S, Gimma A, Bosse NI, Jarvis CI, Russell TW. Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts. *Lancet Glob Health*. 2020;8:488–96.
68. [https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges\\_Coronavirus/Kontaktperson/Management.html](https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Kontaktperson/Management.html) (Tag des Zugriffs: 22.07.2021)
69. Schilling J, Tolksdorf K, Marquis A, Faber M, Pfoch T, Buda S. Die verschiedenen Phasen der COVID-19-Pandemie in Deutschland: Eine deskriptive Analyse von Januar 2020 bis Februar 2021. *Bundesgesundheitsblatt Gesundheitsforschung Gesundheitsschutz*. 2021;64:1093–106.
70. Schilling J, Lehfeld AS, Schumacher D, Diercke M, Buda S, Haas W. Krankheitsschwere der ersten COVID-19-Welle in Deutschland basierend auf den Meldungen gemäß Infektionsschutzgesetz. *Journal of Health Monitoring*, 2020;11:1-20.
71. Zou X, Chen K, Zou J, Han P, Hao J, Han Z. Single-cell RNA-seq data analysis on the receptor ACE2 expression reveals the potential risk of different human organs vulnerable to 2019-nCoV infection. *Front Med*. 2020;1–8.
72. Rieg S, Cube M von, Kalbhenn J, Utzolino S, Pernice K, Bechet L. COVID-19 in-hospital mortality and mode of death in a dynamic and non-restricted tertiary care model in Germany. *PLOS ONE*. 2020;15.
73. Yang X, Yu Y, Xu J, Shu H, Xia J, Liu H. Clinical course and outcomes of critically ill patients with SARS-CoV-2 pneumonia in Wuhan, China: a single-centered, retrospective, observational study. *Lancet Respir Med*. 2020;8:475–81.
74. Wu Z, McGoogan JM. Characteristics of and Important Lessons From the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Outbreak in China: Summary of a Report of 72 314 Cases From the Chinese Center for Disease Control and Prevention. *JAMA*. 2020;323:1239.
75. Danzi GB, Loffi M, Galeazzi G, Gherbesi E. Acute pulmonary embolism and COVID-19 pneumonia: a random association? *Eur Heart J*. 2020;41:1858.
76. Xie Y, Wang X, Yang P, Zhang S. COVID-19 Complicated by Acute

Pulmonary Embolism. *Radiol Cardiothorac Imaging*. 2020;2:200067.

77. Long B, Brady WJ, Koyfman A, Gottlieb M. Cardiovascular complications in COVID-19. *Am J Emerg Med*. 2020;38:1504–7.

78. Hirsch JS, Ng JH, Ross DW, Sharma P, Shah HH, Barnett RL. Acute kidney injury in patients hospitalized with COVID-19. *Kidney Int*. 2020;98:209–18.

79. Siddiqi HK, Mehra MR. COVID-19 illness in native and immunosuppressed states: A clinical–therapeutic staging proposal. *J Heart Lung Transplant*. 2020;39:405–7.

80. <https://edoc.rki.de/handle/176904/6898> (Tag des Zugriffs: 27.06.2021)

81. Treskova-Schwarzbach M, Haas L, Reda S, Pilic A, Borodova A, Karimi K, u. a. Pre-existing health conditions and severe COVID-19 outcomes: an umbrella review approach and meta-analysis of global evidence. *BMC Med*. 2021;19:212.

82. Chan JFW, Yuan S, Kok KH, To KKW, Chu H, Yang J. A familial cluster of pneumonia associated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *The Lancet*. 2020;395:514–23.

83. Marr LC, Tang JW, Van Mullekom J, Lakdawala SS. Mechanistic insights into the effect of humidity on airborne influenza virus survival, transmission and incidence. *J R Soc Interface*. 2019;16:20180298.

84. Duguid JP. The Numbers and the Sites of Origin of the Droplets Expelled during Expiratory Activities. *Edinb Med J*. 1945;52:385–401.

85. Xie X, Li Y, Chwang ATY, Ho PL, Seto WH. How far droplets can move in indoor environments--revisiting the Wells evaporation-falling curve. *Indoor Air*. 2007;17:211–25.

86. Bourouiba L. Turbulent Gas Clouds and Respiratory Pathogen Emissions: Potential Implications for Reducing Transmission of COVID-19. *JAMA*. 2020;323:1837–8.

87. Tang JW, Settles GS. Coughing and Aerosols. *N Engl J Med*. 2008;359:19.

88. Dbouk T, Drikakis D. On coughing and airborne droplet transmission to humans. *Phys Fluids*. 2020;32:053310.

89. Duguid JP. The size and the duration of air-carriage of respiratory droplets and droplet-nuclei. *Epidemiol Infect*. 1946;44:471–9.

90. Stadnytskyi V, Bax CE, Bax A, Anfinrud P. The airborne lifetime of small speech droplets and their potential importance in SARS-CoV-2 transmission. *Proc Natl Acad Sci*. 2020;117:11875–7.

91. van Doremalen N, Bushmaker T, Morris DH, Holbrook MG, Gamble A, Williamson BN. Aerosol and Surface Stability of SARS-CoV-2 as Compared with SARS-CoV-1. *N Engl J Med.* 2020;382:1564–7.
92. Qian H, Miao T, Liu L, Zheng X, Luo D, Li Y. Indoor transmission of SARS-CoV-2. *Indoor Air.* 2021;31:639–45.
93. Elias C, Sekri A, Leblanc P, Cucherat M, Vanhems P. The incubation period of COVID-19: A meta-analysis. *Int J Infect Dis.* 2021;104:708–10.
94. Qin J, You C, Lin Q, Hu T, Yu S, Zhou XH. Estimation of incubation period distribution of COVID-19 using disease onset forward time: A novel cross-sectional and forward follow-up study. *Sci Adv.* 2020;6:1202.
95. Lauer SA, Grantz KH, Bi Q, Jones FK, Zheng Q, Meredith HR. The Incubation Period of Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) From Publicly Reported Confirmed Cases: Estimation and Application. *Ann Intern Med.* 2020;172:577–82.
96. Ganyani T, Kremer C, Chen D, Torneri A, Faes C, Wallinga J. Estimating the generation interval for coronavirus disease (COVID-19) based on symptom onset data, March 2020. *Eurosurveillance.* 2020;25:2000257.
97. He X, Lau EHY, Wu P, Deng X, Wang J, Hao X. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. *Nat Med.* 2020;26:672–5.
98. Rothe C, Schunk M, Sothmann P, Bretzel G, Froeschl G, Wallrauch C. Transmission of 2019-nCoV Infection from an Asymptomatic Contact in Germany. *N Engl J Med.* 2020;382:970–1
99. Li C, Ji F, Wang L, Wang L, Hao J, Dai M. Asymptomatic and Human-to-Human Transmission of SARS-CoV-2 in a 2-Family Cluster, Xuzhou, China. *Emerg Infect Dis.* 2020;26:1626–8.
100. Byambasuren O, Cardona M, Bell K, Clark J, McLaws ML, Glasziou P. Estimating the extent of asymptomatic COVID-19 and its potential for community transmission: Systematic review and meta-analysis. *J Assoc Med Microbiol Infect Dis Can.* 2020;5:223–34.
101. <https://www.pschyrembel.de/Serokonversion/K0KTN> (Tag des Zugriffs: 03.04.2025)
102. <https://www.leopoldina.org/presse-1/nachrichten/darstellung-der-entwicklung-des-infektionsgeschehens-in-irland/> (Tag des Zugriffs: 13.09.2024)
103. Nishiura H, Chowell G. The Effective Reproduction Number as a Prelude to Statistical Estimation of Time-Dependent Epidemic Trends. *Math Stat Estim*

Approaches Epidemiol. 2009;103–21.

104. Lloyd-Smith JO, Schreiber SJ, Kopp PE, Getz WM. Superspreading and the effect of individual variation on disease emergence. *Nature*. 2005;438:355–9.

105. Hébert-Dufresne L, Althouse BM, Scarpino SV, Allard A. Beyond R0: heterogeneity in secondary infections and probabilistic epidemic forecasting. *J R Soc Interface*. 2020;17:20200393.

106. Endo A, Abbott S, Kucharski AJ, Funk S. Estimating the overdispersion in COVID-19 transmission using outbreak sizes outside China. *Wellcome Open Res*. 2020;5:67

107. Liu Y, Eggo RM, Kucharski AJ. Secondary attack rate and superspreading events for SARS-CoV-2. *Lancet Lond Engl*. 2020;39:47.

108. Nielsen BF, Simonsen L, Sneppen K. COVID-19 Superspreading Suggests Mitigation by Social Network Modulation. *Phys Rev Lett*. 2021;126:118301.

109. Althaus CL. Ebola superspreading. *Lancet Infect Dis*. 2015;15:507–8.

110. Kucharski AJ, Althaus CL. The role of superspreading in Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) transmission. *Eurosurveillance*. 2015;20:21167.

111. Allen JG, Marr LC. Recognizing and controlling airborne transmission of SARS-CoV-2 in indoor environments. *Indoor Air*. 2020;30:557–8.

112. To KKW, Tsang OTY, Leung WS, Tam AR, Wu TC, Lung DC. Temporal profiles of viral load in posterior oropharyngeal saliva samples and serum antibody responses during infection by SARS-CoV-2: an observational cohort study. *Lancet Infect Dis*. 2020;20:565–74.

113. Asadi S, Wexler AS, Cappa CD, Barreda S, Bouvier NM, Ristenpart WD. Aerosol emission and superemission during human speech increase with voice loudness. *Sci Rep*. 2019;9:2348.

114. <https://graphics.reuters.com/CHINA-HEALTH-SOUTHKOREA-CLUSTERS/0100B5G33SB/index.html> (Tag des Zugriffs: 09.02.2021)

115. Hamner L, Dubbel P, Capron I, Ross A, Jordan A, Lee J. High SARS-CoV-2 Attack Rate Following Exposure at a Choir Practice - Skagit County, Washington, March 2020. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep*. 2020;69:606–10

116. Baggett TP, Keyes H, Sporn N, Gaeta JM. Prevalence of SARS-CoV-2 Infection in Residents of a Large Homeless Shelter in Boston. *JAMA*. 2020;323:2191–2.

117. McMichael TM, Currie DW, Clark S, Pogosjans S, Kay M, Schwartz NG. Epidemiology of Covid-19 in a Long-Term Care Facility in King County, Washington. *N Engl J Med.* 2020;382:2005-2011.
118. Dyal JW, Grant MP, Broadwater K, Bjork A, Waltenburg MA, Gibbins JD. COVID-19 Among Workers in Meat and Poultry Processing Facilities - 19 States, April 2020. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2020;69
119. Akiyama MJ, Spaulding AC, Rich JD. Flattening the Curve for Incarcerated Populations — Covid-19 in Jails and Prisons. *N Engl J Med.* 2020;382:2075–7.
120. Mizumoto K, Kagaya K, Zarebski A, Chowell G. Estimating the asymptomatic proportion of coronavirus disease 2019 (COVID-19) cases on board the Diamond Princess cruise ship, Yokohama, Japan, 2020. *Eurosurveillance.* 2020;25:2000180.
121. <https://www.statistik-nord.de/presse-veroeffentlichungen/presseinformationen/dokumentenansicht/tourismus-in-schleswig-holstein-2019-61875> (Tag des Zugriffs: 31.01.2021)
122. <https://www.statistikportal.de/de/schleswig-holstein/tourismus-und-gastgewerbe> (Tag des Zugriffs: 13.10.2023)
123. <https://www.kreisoh.de/index.php?FID=2454.19618.1&ModID=255&object=tx%7C2454.18444.1> (Tag des Zugriffs: 10.09.2021)
124. <https://www.tvsh.de/zahlen-daten-fakten/jahresberichte/> (Tag des Zugriffs: 13.10.2023)
125. <https://www.e-unwto.org/doi/book/10.18111/9789284421633> (Tag des Zugriffs: 05.07.2021)
126. [https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Karte\\_Deutschland.svg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Karte_Deutschland.svg) (Tag des Zugriffs: 06.12.2023)
127. [https://www.openepi.com/Menu/OE\\_Menu.htm](https://www.openepi.com/Menu/OE_Menu.htm) (Tag des Zugriffs: 07.09.2021)
128. <http://www.statistikportal.de/de/schleswig-holstein/tourismus-und-gastgewerbe> (Tag des Zugriffs: 25.08.2021)
129. <https://www.statistik-nord.de/zahlen-fakten/handel-tourismus-dienstleistungen/monatszahlen-handel-tourismus-und-dienstleistungen?inputTree%5B%5D=c%3A24&prevInputTree%5B%5D=c%3A24&inputTree%5B%5D=c%3A28&prevInputTree%5B%5D=c%3A28&inputTree%5B%5D=t%3A132&prevInputTree%5B%5D=t%3A134&filter%5Blocation%5D=1&showAllYears=&filter%5BadditionalTopics%5D=> (Tag des Zugriffs: 23.05.2021)

130. Klein C, Borsche M, Balck A, Föh B, Rahmöller J, Peters E. One-year surveillance of SARS-CoV-2 transmission of the ELISA cohort: A model for population-based monitoring of infection risk. *Sci Adv.* 2022;8:5016
131. <https://www.euroimmunblog.de/tests-fuer-den-nachweis-von-antikoerpern-gegen-sars-cov-2-ab-sofort-verfuegbar/> (Tag des Zugriffs: 15.02.2024)
132. Long QX, Liu BZ, Deng HJ, Wu GC, Deng K, Chen YK. Antibody responses to SARS-CoV-2 in patients with COVID-19. *Nat Med.* 2020;26:845–8.
133. Zhao J, Yuan Q, Wang H, Liu W, Liao X, Su Y. Antibody Responses to SARS-CoV-2 in Patients With Novel Coronavirus Disease 2019. *Clin Infect Dis Off Publ Infect Dis Soc Am.* 2020;71:2027–34.
134. <https://edoc.rki.de/handle/176904/11391> (Tag des Zugriffs: 07.05.2025)
135. Ghosh AK, Venkatraman S, Soroka O, Reshetnyak E, Rajan M, An A. Association between overcrowded households, multigenerational households, and COVID-19: a cohort study. *Public Health.* 2021;198:273–9.
136. Khanijahani A, Iezadi S, Gholipour K, Azami-Aghdash S, Naghibi D. A systematic review of racial/ethnic and socioeconomic disparities in COVID-19. *Int J Equity Health.* 2021;20:248.
137. Robert Koch Institut: Erkenntnisse aus SARS-CoV-2-Ausbrüchen während der ersten Pandemiephase in Settings mit prekären Wohnverhältnissen in Göttingen. *Epidemiologisches Bulletin,* 2023;34:3-12.
138. Goßner L, Siegert M. COVID-19-Erkrankungen und Impfungen gegen SARS-CoV-2 bei Personen mit und Personen ohne Migrationserfahrung. *Forschungsbericht 43 vom Bundesamt für Migration und Flüchtlinge.* 2023;1-45
139. Hawkins D. Social Determinants of COVID-19 in Massachusetts, United States: An Ecological Study. *J Prev Med Pub Health.* 2020;53:220–7.
140. Varela AR, Florez LJH, Tamayo-Cabeza G, Contreras-Arrieta S, Restrepo SR, Laajaj R, u. a. Factors Associated With SARS-CoV-2 Infection in Bogotá, Colombia: Results From a Large Epidemiological Surveillance Study. *Lancet Reg Health Am.* 2021;100048.
141. Bengtsson T, Dribe M, Eriksson B. Social Class and Excess Mortality in Sweden During the 1918 Influenza Pandemic. *Am J Epidemiol.* 2018;187:2568–76.
142. Mamelund SE. Spanish Influenza Mortality of Ethnic Minorities in Norway 1918–1919. *Eur J Popul.* 2003;19:83–102.
143. Fallah MP, Skrip LA, Gertler S, Yamin D, Galvani AP. Quantifying Poverty as

- a Driver of Ebola Transmission. *PLoS Negl Trop Dis*. 2015;9:0004260.
144. <https://www.iab-forum.de/berufe-und-covid-19-pandemie-wie-hoch-ist-das-berufsspezifische-ansteckungsrisiko/> (Tag des Zugriffs: 10.09.2024)
145. Klein MD, Sciaudone M, Richardson D, Lacayo R, McClean CM, Kharabora O. SARS-CoV-2 seroprevalence and risk factors among meat packing, produce processing, and farm workers. *PLOS Glob Public Health*. 2022;2:0000619.
146. Alipour JV, Fadinger H, Schymik J. My home is my castle – The benefits of working from home during a pandemic crisis. *J Public Econ*. 2021;196:104373.
147. Gabler J, Raabe T, Röhl K. Der Effekt von Homeoffice auf die Entwicklung der Covid-19-Pandemie in Deutschland. *IZA Standpunkte Nr.100*. 2021;1-10
148. Ursachi C Ștefan, Munteanu FD, Cioca G. The Safety of Slaughterhouse Workers during the Pandemic Crisis. *Int J Environ Res Public Health*. 2021;18:2633.
149. Fischer DT. SARS-CoV-2 Ausbrüche in stationären Pflegeeinrichtungen. Literaturlauswertung zu Ursachen, beeinflussenden Faktoren und Prävention. Abschlussbericht des Bundesministeriums für Gesundheit. 2021;1-104
150. <https://wirtschaftslexikon.gabler.de/definition/niedriglohnsektor-41294> (Tag des Zugriffs: 12.04.2024)
151. Hayward SE, Deal A, Cheng C, Crawshaw A, Orcutt M, Vandrevalla TF. Clinical outcomes and risk factors for COVID-19 among migrant populations in high-income countries: A systematic review. *J Migr Health*. 2021;3:100041.
152. Short KR, Kedzierska K, van de Sandt CE. Back to the Future: Lessons Learned From the 1918 Influenza Pandemic. *Front Cell Infect Microbiol*. 2018;8:343.
153. Tsang TK, Fang VJ, Chan KH, Ip DKM, Leung GM, Peiris JSM. Individual Correlates of Infectivity of Influenza A Virus Infections in Households. *PLoS ONE*. 2016;11:0154418.
154. [https://www.schleswig-holstein.de/DE/landesregierung/ministerien-behoerden/III/Presse/PI/2020/Corona/III\\_Schule\\_16\\_Dezember.html](https://www.schleswig-holstein.de/DE/landesregierung/ministerien-behoerden/III/Presse/PI/2020/Corona/III_Schule_16_Dezember.html) (Tag des Zugriffs: 15.02.2024)
155. <https://webarchive.unesco.org/web/20220625033513/https://en.unesco.org/covid19/educationresponse> (Tag des Zugriffs: 05.07.2024)
156. Kern A, Kuhlmann PH, Matl S, Ege M, Maison N, Eckert J. Surveillance of Acute SARS-CoV-2 Infections in Elementary Schools and Daycare Facilities in Bavaria, Germany (09/2020-03/2021). *Front Pediatr*. 2022;10:888498.
157. Kimball A, Hatfield KM, Arons M, James A, Taylor J, Spicer K. Asymptomatic

and Presymptomatic SARS-CoV-2 Infections in Residents of a Long-Term Care Skilled Nursing Facility — King County, Washington, March 2020. *Morb Mortal Wkly Rep.* 2020;69:377–81.

158. Gao Z, Xu Y, Sun C, Wang X, Guo Y, Qiu S. A systematic review of asymptomatic infections with COVID-19. *J Microbiol Immunol Infect.* 2021;54:12–6.

159. Tong JY, Wong A, Zhu D, Fastenberg JH, Tham T. The Prevalence of Olfactory and Gustatory Dysfunction in COVID-19 Patients: A Systematic Review and Meta-analysis. *Otolaryngol Neck Surg.* 2020;163:3–11.

160. Lechien JR, Chiesa-Estomba CM, De Siati DR, Horoi M, Le Bon SD, Rodriguez A. Olfactory and gustatory dysfunctions as a clinical presentation of mild-to-moderate forms of the coronavirus disease (COVID-19): a multicenter European study. *Eur Arch Oto-Rhino-Laryngol Off J Eur Fed Oto-Rhino-Laryngol Soc EUFOS Affil Ger Soc Oto-Rhino-Laryngol - Head Neck Surg.* 2020;277:2251–61.

161. <https://influenza.rki.de/Diagrams.aspx?agiRegion=11> (Tag des Zugriffs: 13.09.2024)

162. Iuliano AD, Roguski KM, Chang HH, Muscatello DJ, Palekar R, Tempia S, u. a. Estimates of global seasonal influenza-associated respiratory mortality: a modelling study. *Lancet Lond Engl.* 2018;391:1285–300.

163. [https://www.rki.de/DE/Aktuelles/Publikationen/RKI-Ratgeber/Ratgeber/Ratgeber\\_Influenza\\_saisonal.html](https://www.rki.de/DE/Aktuelles/Publikationen/RKI-Ratgeber/Ratgeber/Ratgeber_Influenza_saisonal.html) (Tag des Zugriffs: 04.01.2024)

164. Neopane P, Nypaver J, Shrestha R, Beqaj S. Performance Evaluation of TaqMan SARS-CoV-2, Flu A/B, RSV RT-PCR Multiplex Assay for the Detection of Respiratory Viruses. *Infect Drug Resist.* 2022;15:5411–23.

165. Chung HY, Jian MJ, Chang CK, Lin JC, Yeh KM, Chen CW. Novel dual multiplex real-time RT-PCR assays for the rapid detection of SARS-CoV-2, influenza A/B, and respiratory syncytial virus using the BD MAX open system. *Emerg Microbes Infect.* 2021;10:161–6.

166. Woloshin S, Patel N, Kesselheim AS. False Negative Tests for SARS-CoV-2 Infection — Challenges and Implications. *N Engl J Med.* 2020;383:38.

167. Arevalo-Rodriguez I, Buitrago-Garcia D, Simancas-Racines D, Zambrano-Achig P, Del Campo R, Ciapponi A. False-negative results of initial RT-PCR assays for COVID-19: A systematic review. *PLoS One.* 2020;15:0242958

## 7. Anhang

### 7.1 Abbildungsverzeichnis

|   |    |
|---|----|
| Abb. 1: Schematische Darstellung eines Coronavirus im Querschnitt.....  | 9  |
| Abb. 2: Zeitlicher Verlauf der Pandemie in Deutschland von Ende 2019 bis Anfang 2021 .....  | 11 |
| Abb. 3: Zeitlicher Verlauf einer Infektion mit SARS-CoV-2 .....   | 15 |
| Abb. 4: Karte mit Darstellung der teilnehmenden Regionen.....   | 20 |
| Abb. 5: Zeitliche Übersicht der Testzeiträume mit Start- und Endpunkten .....   | 21 |
| Abb. 6: Aufteilung der Kollektive ausgehend vom Gesamtkollektiv .....   | 22 |
| Abb. 7: Geschultes Personal in Schutzausrüstung mit Probenmaterial in einem der teilnehmenden Betriebe .....  | 23 |
| Abb. 8: 7-Tage Inzidenz von März bis Dezember 2020 in Lübeck, Schleswig-Holstein, Deutschland und im Kreis Ostholstein im Vergleich .....           | 28 |
| Abb. 9: Gästeankünfte in Schleswig- Holstein in den Jahren 2018, 2019 und 2020 .....  | 29 |
| Abb. 10: Herkunftsländer aller Studienteilnehmer .....  | 31 |
| Abb. 11: Ergebnisse der Nasen-/Rachenabstriche.....   | 32 |
| Abb. 12: Nachweis von SARS-CoV-2-spezifischen Antikörpern im Kapillarblut ....  | 33 |
| Abb. 13: Unterteilung des Ausbruchskollektivs in zwei Untergruppen.....   | 34 |
| Abb. 14: Gruppierte Herkunftsländer der SARS-CoV-2-Infizierten (A) und des Vergleichskollektivs (B).....  | 37 |
| Abb. 15: Unterteilung in Wohnkohorten bezogen auf das Kollektiv der SARS-CoV-2-Infizierten (n=38) (A) und des Vergleichskollektivs (n=66) (B) ..... | 38 |
| Abb. 16: Graphische Darstellung der Ergebnisse der binären logistischen Regressionsanalyse.....   | 40 |
| Abb. 17: Symptome bei positivem SARS-CoV-2-Nachweis in der PCR.....   | 41 |

## 7.2 Tabellenverzeichnis

|  |    |
|--|----|
| Tab. 1: Zusammengefasste Arbeitsbereiche .....                                   | 24 |
| Tab. 2: Übersicht der demographischen Daten des Gesamtkollektivs (n=679).....    | 30 |
| Tab. 3: Arbeitsbereiche aller Studienteilnehmer (Gesamtkollektiv, n=679) .....   | 31 |
| Tab. 4: Positive Antikörperbefunde (Ratio $\geq 1,1$ ) in den Kollektiven.....   | 34 |
| Tab. 5: Übersicht der demographischen Daten der Studienteilnehmer .....          | 36 |
| Tab. 6: Anzahl der Studienteilnehmer nach Arbeitsbereich (prozentualer Anteil) . | 38 |
| Tab. 7: Binäre logistische Regressionsanalyse .....                              | 39 |

## 7.3 Fragebogen

|                         |                |
|-------------------------|----------------|
| Name                    | Vorname        |
| Geburtsdatum            | Tel.           |
| PLZ/Ort                 | Straße/Hausnr. |
| Emailadresse            | Herkunftsland  |
| Arbeitsbereich im Hotel |                |

1. Haben bzw. hatten Sie in den letzten 14 Tagen neu aufgetretene Beschwerden?  
 Nein   
 Ja, welche?  
 Fieber  Husten  Heiserkeit  Luftnot  Gliederschmerzen   
 Kopfschmerz  Durchfall  Geruchs-/Geschmackstörung   
 Übelkeit/ Erbrechen  Verwirrtheit   
 Seit wann fühlen Sie sich krank (in Tagen)?

2. A) Hatten Sie in den letzten 14 Tagen einen persönlichen Kontakt (z.B. Gespräch, Umarmung) mit einer Person, von der Sie wissen, dass das Coronavirus sicher in einem Labor nachgewiesen wurde?  
 Nein  Ja   
 B) Wohnen Sie mit Arbeitskolleg\*innen zusammen?  
 Nein  Ja

3. Waren Sie in den letzten 2 Wochen verreist?  
 Nein  Ja, in welchem Land/Bundesland?

4. A) Haben Sie sich in den letzten 14 Tagen in Gruppen mit einer Gruppengröße > 10 Personen getroffen?  
 Nein  Ja   
 B) Was war der Anlass des Treffens? (z.B. Hochzeit, Familienfest, Trauerfeier, Party, beruflich, Treffen mit Freunden)

5. A) Wieviele Personen leben insgesamt in ihrem Haushalt?  
 B) Wieviele dieser Personen sind jünger als 14 Jahre alt ?

## 8. Danksagung

Mein besonderer Dank gilt meinem Doktorvater, Herrn Prof. Dr. Rupp, für die Begleitung und Betreuung meiner Doktorarbeit. In zahlreichen Gesprächen konnte ich immer auf seinen fachlichen Rat und seine motivierenden Worte bauen.

Ein großer Dank gilt ebenso meinem Betreuer, Dr. Benjamin Gebel, der mich über den gesamten Zeitraum meiner Doktorarbeit wertschätzend begleitet und die Arbeit mit konstruktiven Vorschlägen verbessert hat.

Bei Dr. Nadja Käding und Dr. Simon Graspeuntner möchte ich mich ganz herzlich für die Unterstützung und Beratung bei der (statistischen) Auswertung bedanken.

Außerdem möchte ich mich von Herzen bei meiner Schwester bedanken, die diese Arbeit mit großer Geduld und Liebe zum Detail gelesen hat. Ich möchte mich auch bei meinem Vater bedanken, der sich die Zeit genommen hat, die Arbeit aufmerksam zu lesen und mich mit wertvollen Anregungen zu unterstützen.

Weiter gilt mein Dank dem großartigen „Entnahme“- Team, das mich stets motiviert und gut gelaunt zu den zahlreichen Probenentnahmen begleitet hat.

Ich danke auch den Kollegen im Labor, insbesondere dem LADR Zentrallabor Dr. Kramer & Kollegen in Geesthacht, für die Bearbeitung meiner Proben.

Zuletzt möchte ich mich bei meinem Freund bedanken, der mir oft den Rücken freigehalten hat, um meine Arbeit vorantreiben und abschließen zu können.