

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland



Hintergrund

Am Montag, den 7. November 2016, wurde erstmals über ein Entensterben unklarer Ursache am Bodensee berichtet. Einen Tag später, am 8. November, erfolgte der Nachweis von hochpathogener aviärer Influenza (HPAI) vom Subtyp H5N8 bei Wildvögeln (überwiegend Reiherenten) am Bodensee in Baden-Württemberg sowie bei verendet aufgefundenen Reiherenten am Plöner See in Schleswig-Holstein. Zeitgleich kam es zu vermehrten Totfunden von Wasservögeln und Möwen an der Ostküste Schleswig-Holsteins, rund um den Bodensee in der Schweiz, Österreich und Deutschland (Bayern und Baden-Württemberg) sowie in Mecklenburg-Vorpommern.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland

Bis zum 13.02.2017 wurden über 710 Fälle von HPAI H5N8 bei Wildvögeln und 69 Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln (Geflügelhaltungen und Zoos/Tierparks) gemeldet (Abbildung 1 und 2; Tabelle 1). Fünfzehn Bundesländer sind betroffen (*hier in chronologischer Reihenfolge des Auftretens von Fällen bzw. Ausbrüchen*): Schleswig-Holstein, Baden-Württemberg, Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Niedersachsen, Hessen, Nordrhein-Westfalen, Berlin, Sachsen-Anhalt, Hansestadt Hamburg, Hansestadt Bremen, Brandenburg, Thüringen, Rheinland-Pfalz. Bis auf das Saarland sind damit alle deutschen Bundesländer betroffen.

Von den Ausbrüchen bei Hausgeflügel sind sowohl kommerzielle Betriebe als auch Kleinhaltungen betroffen. Eine Häufung von Ausbrüchen ist bei Putenbeständen festzustellen (Tabelle 1).

Bei Wildvögeln wird HPAI H5N8 am häufigsten in Proben von verendeten Reiherenten, Schwänen, anderen Tauchentenarten, Tauchern, Sägern, Blesshühnern und einigen Meerestenten nachgewiesen. Es mehren sich allerdings auch Fälle bei Möwen, Greifvögeln einschließlich Seeadler in Gebieten mit gehäuften Wasservogel-Totfunden in Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein (Abbildung 1). HPAIV H5N8 wird nun vermehrt auch bei Schwänen nachgewiesen, die an Binnengewässern in Deutschland tot aufgefunden wurden.

Am 23.01.2017 meldete Schleswig-Holstein den Ausbruch von HPAI H5N5 in einem Putenmastbestand mit 3.400 Tieren an drei Standorten. Bisher ist HPAI H5N5 bei je einer toten Stockente, Möwe und Nonnengans sowie einem Kormoran in Schleswig-Holstein festgestellt worden. In den Niederlanden, Montenegro, Italien und Kroatien wurden ebenfalls Fälle von HPAIV H5N5 bei Wildvögeln festgestellt.

Tabelle 1:

Bestätigte und in TSN eingetragene Fälle von HPAIV H5N8 und HPAIV H5N5 (nur Schleswig-Holstein, Kreis Steinburg) bei gehaltenen Vögeln in Deutschland (Stand: 13.02.2017).

Bundesland	Kreis	Pute	Huhn	Ente/Gans	Zoo/Tierpark
Bayern	Hof		1		
	Neustadt a.d. Aisch-Bad Windsheim		1		
	Regensburg		1		1
	Schwandorf		1		1
	Straubing-Bogen	1			
	Haßberge				1
Bayern Gesamt	7				
Baden-Württemberg	Karlsruhe, Stadt				1
Brandenburg	Cottbus, Stadt				1
	Dahme-Spreewald	1			
	Märkisch-Oderland	1		3	
	Ostprignitz-Ruppin	2			1
Brandenburg Gesamt	9				
Hamburg	Hamburg, Stadt				1
Hamburg Gesamt	1				

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland

Hessen	Hochtaunuskreis				1
Hessen Gesamt	1				
Mecklenburg-Vorpommern	Ludwigslust-Parchim		2		
	Nordwestmecklenburg	1			
	Schwerin, Stadt				1
	Vorpommern-Greifswald	3			1
	Vorpommern-Rügen	1	4		1
Mecklenburg-Vorpommern Ges.	13				
Niedersachsen	Cloppenburg	7			
	Diepholz			1	
	Emsland			1	
	Northeim		1		
	Oldenburg	6			
	Vechta	1			
Niedersachsen Gesamt	17				
Nordrhein-Westfalen	Gütersloh			1	
	Kleve	1			
	Paderborn	1			
	Soest	1			
	Wesel	1			
Nordrhein-Westfalen Gesamt	5				
Sachsen	Dresden, Stadt				1
	Nordsachsen	1			
Sachsen Gesamt	3				
Sachsen-Anhalt	Anhalt-Bitterfeld				1
	Harz		1		
	Jerichower Land			1	
	Salzlandkreis		1		
Sachsen-Anhalt Gesamt	4				
Schleswig-Holstein	Lübeck, Stadt	1			
	Schleswig-Flensburg		1		
	Steinburg	3			
Schleswig-Holstein Gesamt	5				
Thüringen	Greiz				1
	Gotha				1
Thüringen Gesamt	2				
Gesamtergebnis		33	14	7	15

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland

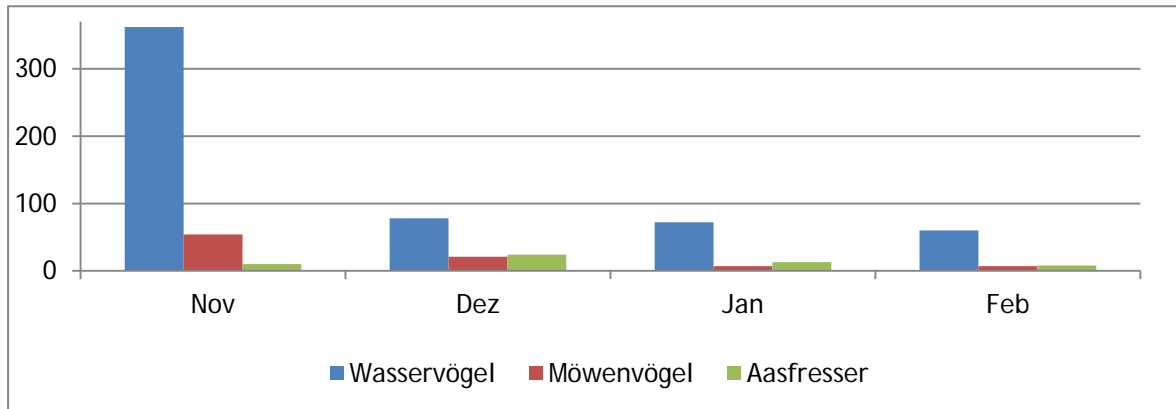


Abbildung 1: In TSN gemeldete H5Nx-infizierte Wildvögel nach Kategorien und Monaten aufgeteilt. Wasservogel: Arten der Ordnungen *Anseriformes*, *Ciconiiformes*, *Ardeiformes*, *Phalacrocoraciformes*. Möwenvogel: Arten der Ordnungen *Charadriiformes*. Aasfresser: Arten der Ordnungen *Accipitriformes*, *Falconiformes*, *Strigiformes*, *Passeriformes*. Die Zahl der Meldungen mag im November aufgrund einer zu dieser Zeit erhöhten Aufmerksamkeit höher als zu anderen Zeiten gewesen sein. Das Geschehen bei Wildvögeln dauert weiter an. Stand: 09.02.2017.

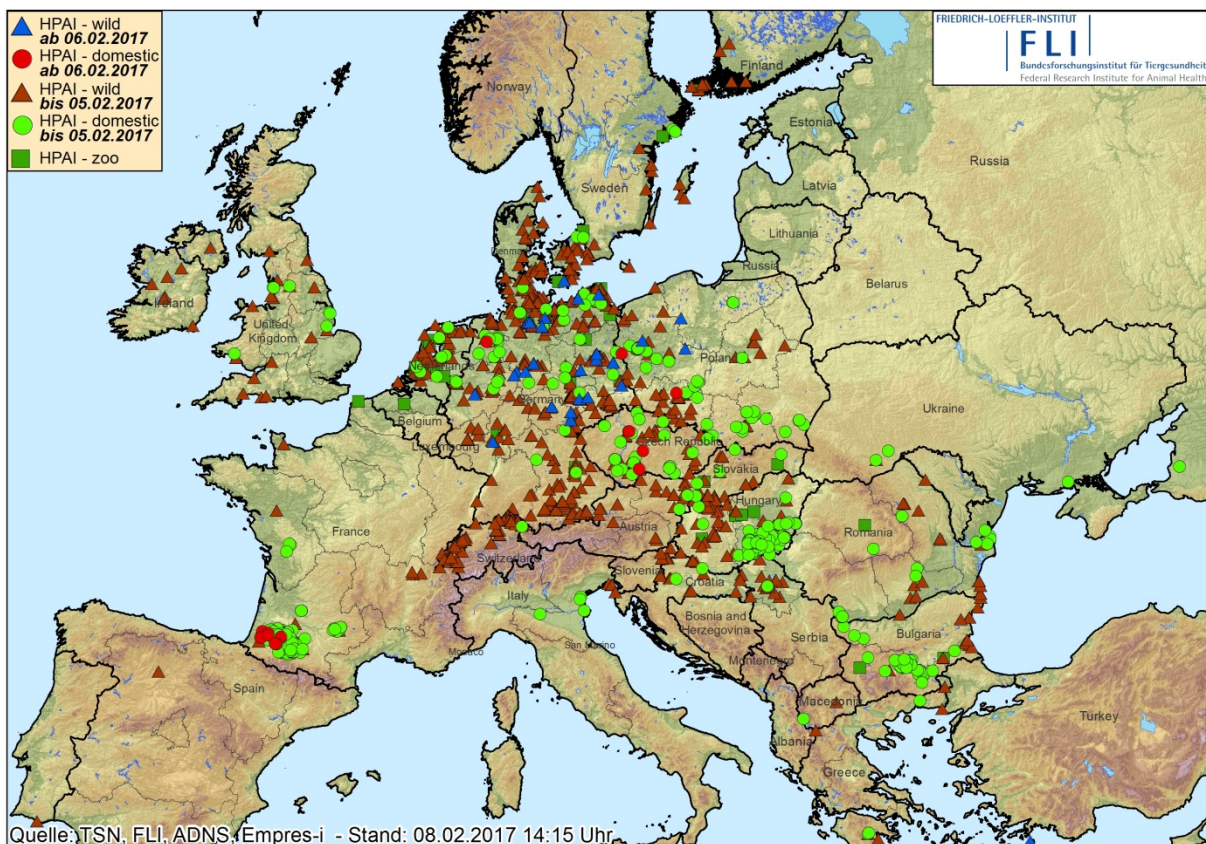


Abbildung 2: Bestätigte und in TSN/ADNS eingetragene Fälle (siehe Legende in der Abbildung; Stand: 08.02.2017; 14:15 Uhr) bei Wildvögeln (Dreiecke), Hausgeflügel (Kreise) und in Tierparks/Zoos (Quadrate) in Europa.

Epidemiologische Lage in Europa

Zahlreiche europäische Staaten melden täglich neue Fälle von HPAI bei Geflügel oder Wildvögeln (Tabelle 2). In den skandinavischen Ländern wurden bisher fast ausschließlich Fälle bei Wildvögeln (hier vor allem Wasservogel und Seeadler) festgestellt. Im Vereinigten Königreich ist Ende Januar ein Ausbruch in einer großen Fasanerie in der Grafschaft Lancashire an der Küste aufgetreten. In Bulgarien, Frankreich, der Tschechischen Republik und Ungarn sind überwiegend Wassergeflügelhaltungen betroffen. Hier handelt es sich vermehrt um Sekundärausbrüche durch Kontakte zwischen den Haltungen. Inzwischen liegen auch Meldungen aus Spanien (wilde Graugans), Portugal (Graureiher an der Algarve), Italien (Wildvögel, Putenbetrieb), Mazedonien (Geflügel) und seit Anfang Februar auch aus Belgien (Kleinhaltung) vor (Tabelle 2, Abbildung 1).

Tabelle 2:

Bestätigte und in ADNS eingetragene Fälle von HPAIV H5 bei Wildvögeln sowie Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln in Europa. Hinweis: Bei den Wildvogelzahlen handelt es sich z.T. um Erstmeldungen, d.h. um Mindestangaben. Die Zahl der tatsächlich betroffenen Wildvögel kann weitaus höher liegen. Stand: 08.02.2017, 14:15 Uhr.

Land in Europa	Geflügelhaltungen	Wildvögel	gehaltene Wildvögel	Gesamtergebnis
Österreich	2	20		22
Belgien			1	1
Bulgarien	63	11	2	76
Kroatien	2	9		11
Tschechische Republik	24	28		52
Dänemark	1	40	1	42
Finnland		12	1	13
Frankreich	223	18	1	242
Griechenland	3	6		9
Ungarn	231	32	4	267
Irland		6		6
Italien	4	4		8
Mazedonien	1	1		2
Niederlande	9	42	6	57
Polen	44	44		88
Portugal		1		1
Rumänien	8	33	1	42
Serbien	3	12		15
Slowakei	6	39	2	47
Slowenien		13		13
Spanien		1		1
Schweden	3	16	2	21
Schweiz		87		87
Ukraine	3			3
Vereinigtes Königreich	8	18		26
Gesamtergebnis	638	493	21	1.152

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland

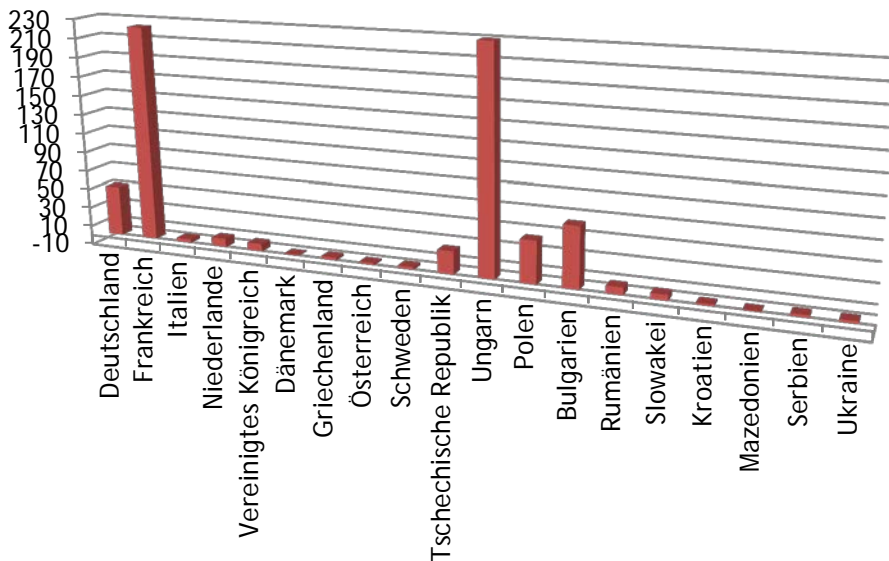


Abbildung 3:

Anzahl der in ADNS gemeldeten HPAI H5 Ausbrüche bei Hausgeflügel in Europa (Stand: 08.02.2017).

Epidemiologische Lage außerhalb Europas

Außerhalb Europas wurde HPAIV H5N8 im Russisch-Mongolischen Grenzgebiet am See Ubsu-Nur in der Republik Tyva im Juni 2016 bei Graureihern, Haubentauchern, Kormoranen, Seeschwalben, Enten und Lachmöwen nachgewiesen. Russland bestätigte den Ausbruch von Geflügelpest H5N8 in fünf Geflügelbeständen.

Bereits Mitte Oktober 2016 hatte Indien ein massives HPAIV H5N8 Ausbruchsgeschehen mit hohen Mortalitäten sowohl bei Zoo- und Wildvögeln als auch bei Geflügel gemeldet.

Auch der Iran meldete den Ausbruch von Geflügelpest mit dem Subtyp H5N8 in einem Geflügelbetrieb.

In Tunesien wurde HPAIV H5 bei verschiedenen wilden Wasservogelarten nachgewiesen.

In Israel und Ägypten gab es H5N8-Funde bei verendeten Wildvögeln; in Israel war auch Hausgeflügel betroffen.

Nigeria meldete am 19.12.2016 erstmalig den Fund von HPAIV H5N8 in Hausgeflügel mit verschiedenen Spezies in Auslaufhaltung in Kano.

Uganda berichtete Mitte Januar 2017 von einem massiven Wildvogel- und Geflügelsterben an der Küste des Viktoriasees. In einigen Proben konnte HPAIV H5N8 nachgewiesen werden.

Einschätzung der Situation

Das Auftreten von HPAIV H5N8 in 26 europäischen Staaten (*hier in der chronologischen Folge ihrer Meldung*: Ungarn, Polen, Kroatien, Schweiz, Österreich, Deutschland, Dänemark, Niederlande, Schweden, Finnland, Frankreich, Rumänien, Serbien, Großbritannien, Griechenland, Bulgarien, Montenegro, Slowakische Republik, Italien, Irland, Tschechische Republik, Slowenien, Spanien, Portugal, Mazedonien, Belgien) und die schnelle Verbreitung weisen darauf hin, dass die räumliche Ausbreitung der Infektion weiterhin mit großer Dynamik erfolgt. Täglich kommen aus verschiedenen Teilen Europas weitere Funde hinzu, häufig sind auch gehaltene Vögel in zoologischen Gärten oder Tierparks betroffen. Mittlerweile haben in Deutschland die Fälle bei Wildvögeln sowie Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln (69) ein nie zuvor gekanntes Ausmaß angenommen.

WILDVÖGEL

Während HPAIV H5N8 im Geschehen 2014/2015 nur vereinzelt bei gesund erscheinenden Wildvögeln (drei Stockenten, eine Krickente und eine Möwe) gefunden wurde, kommt es aktuell überwiegend bei Wasservögeln und Vogelarten, die sich auch von Aas ernähren, z.B. Bussarden, Seeadlern und Möwen, zu einer Häufung von Todesfällen. Bisher sind in Deutschland 47 verschiedene Vogelarten betroffen, darunter Arten aus den Vogelgruppen Tauchenten, Taucher, Möwen, Schwäne, vereinzelt Gründelenten (Stockente), Gänse, Greifvögel und auch aasfressende Singvogelarten (z.B. Krähen). Aufgrund von HPAIV H5-Funden auch bei gesunden Wasservögeln oder in deren Kot, ist zu vermuten, dass Wildvögel das Virus ausscheiden können ohne zu erkranken oder zu verenden. Es ist davon auszugehen, dass die Epidemie unter wilden Wasservogelarten weiterhin fortbesteht, bei der anhand der Totfunde nur die Spitze des Eisbergs erkennbar ist.

Symptomlos infizierte Wildvögel und solche, die sich in der Inkubationszeit befinden, sind weiterhin mobile Virusträger. Viele Wasservogelarten (z.B. Gänse, Schwäne, einige Entenarten) bewegen sich zwischen Ackerflächen (insbesondere Grünland, Maisstoppel sowie Wintersaaten von Raps und Getreide), auf denen sie tagsüber Nahrung aufnehmen, und Rastgewässern, die sie abends und nachts aufsuchen. Sie können das Virus mit dem Kot ausscheiden und die aufgesuchten Landflächen und Gewässer kontaminieren. Darüber hinaus können tote Wasservögel von Prädatoren (Säugetiere wie Fuchs und Marder, aber auch Greifvögel und Krähen) geöffnet und Körperteile oder Innereien, die hohe Viruslasten tragen, verschleppt werden, so dass mit einer beträchtlichen Umweltkontamination gerechnet werden muss. Personen, die kontaminierte Flächen betreten, und Fahrzeuge, die sie befahren, können das Virus weiterverbreiten und auch in Geflügel haltende Betriebe eintragen.

Bei anhaltendem Frost ist mit einer weiteren Dynamik an Vogelbewegungen zu rechnen. Viele Wasservogelarten sind Kälteflüchter, d.h. sie suchen eisfreie Gewässer auf. Unter solchen Witterungsbedingungen kann es zu einer Ausweitung des Infektionsgeschehens bei Wildvögeln im Binnenland und in Südeuropa kommen.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland

GEFLÜGEL und ZOOS/TIERPARKS

In Deutschland kam es bisher in 54 Geflügelhaltungen und 15 Zoos/Tierparks zu HPAI-Ausbrüchen. Fast alle Haltungen befinden sich in Gebieten, in denen vermehrt tote, HPAIV-positive Wasservögel gefunden wurden. In den betroffenen Tierparks kam es meist zu Infektionen von gehaltenen Wasservögeln, die direkten Kontakt zu wilden Wasservögeln haben konnten. Ein Eintrag über kontaminiertes Material (Schuhwerk, Fahrzeuge, Gegenstände, Einstreu) ist für die meisten Geflügelhaltungen die wahrscheinlichste Infektionsquelle. Das Risiko eines Eintrags über zugekauftes Geflügel, Futter und Tränkwasser war bei allen Ausbrüchen, die unter Mitwirkung des FLI epidemiologisch untersucht wurden, vernachlässigbar. Bei den meisten betroffenen Haltungen handelte es sich um Primärausbrüche ohne weitere Verschleppung, allerdings ist in drei Fällen von Sekundärausbrüchen auszugehen. Überall dort, wo Kontaktmöglichkeiten zwischen Wildvögeln und Hausgeflügel, insbesondere Wasservögeln, bestehen, können Infektionen ein- und ausgebracht werden und neue Infektionsquellen entstehen.

PHYLOGENETISCHE ANALYSEN

Genetische Analysen weisen auf eine Ähnlichkeit zu H5N8-Viren hin, die bereits im Sommer letzten Jahres in Südrussland beschrieben wurden. Diese Viren zeigen klare genetische Unterschiede zu den H5N8-Viren, die 2014/2015 in Europa aufgetreten sind. Es handelt sich daher um einen neuen Eintrag, der offensichtlich auf demselben Weg wie 2014 über Russland durch Wildvögel erfolgte. Phylogenetische Analysen lassen vermuten, dass es zu Reassortierungsereignissen mit mindestens einem anderen aviären Influenzavirus auf dem Weg zwischen Zentralasien nach Mitteleuropa gekommen ist. Ein direkter Eintrag aus China oder den benachbarten asiatischen Ländern durch Geflügel- bzw. Geflügelprodukte ist sehr unwahrscheinlich, da dann andere genetische Muster des Virus zu erwarten wären. Auch die Ergebnisse der epidemiologischen Ausbruchsuntersuchungen erbrachten keinerlei Hinweise auf direkte Verbindungen zwischen den in Deutschland betroffenen Haltungen und den Endemiegebieten in Ost- bzw. Südostasien. (Es sei darauf hingewiesen, dass Importverbote für Geflügel und Geflügelprodukte für Länder bestehen, die von HPAI betroffen sind). Die erhöhte Virulenz in Wasservögeln korreliert mit der veränderten Zusammensetzung der Genomsegmente des aktuellen H5N8 im Vergleich zu dem Virus, das 2014/2015 zirkulierte.

Seit Mitte Dezember 2016 zirkuliert unter den Wildvögeln ein weiterer HPAI-Subtyp, H5N5, welcher nun erstmals auch in einen Geflügelbetrieb eingetragen wurde. Bei diesem Virus handelt es sich um eine Reassortante auf Basis des ursprünglichen H5N8. Mischviren, so genannte Reassortanten, von aviären Influenzaviren entstehen, wenn in einem infizierten Tier mehrere Virussubtypen zeitgleich auftreten und bei ihrer Vermehrung Erbmaterial austauschen. Für das H5N5-Virus ergaben erste Analysen ebenfalls eine Verwandtschaft zu den HPAIV H5N8-Vorläuferviren aus dem russisch-mongolischen Grenzgebiet. Es scheint demnach parallel oder in kurzer Folge zu HPAIV H5N8 entstanden zu sein, zeigt aber genetische Unterschiede und wurde dann ebenfalls nach Deutschland eingeschleppt. Mit der Entstehung von Reassortanten ist grundsätzlich immer zu rechnen, wenn verschiedene hoch- und niedrigpathogene Influenzaviren in einer Population zirkulieren.

Fälle von HPAIV H5N8-oder HPAIV H5N5-Infektionen beim Menschen sind bisher nicht bekannt.

Schlussfolgerungen und Empfehlungen

Aufgrund der aktuellen Verbreitung von HPAIV H5N8 bei Wildvögeln in 26 europäischen Staaten und in derzeit 15 betroffenen Bundesländern Deutschlands ist nach wie vor von einem hohen Eintragsrisiko in Nutzgeflügelhaltungen und Vogelbestände in zoologischen Einrichtungen durch direkte und indirekte Kontakte zwischen Wildvögeln und Nutzgeflügel auszugehen, insbesondere bei Haltungen in der Nähe von Wasservogelrast- und Wildvogelsammelplätzen, einschließlich Ackerflächen, auf denen sich Wildvögel sammeln.

Oberste Priorität hat der Schutz der Nutzgeflügelbestände vor einer Infektion mit HPAIV H5N8. Hierbei steht die Errichtung einer physikalischen und funktionellen Barriere zwischen den Habitaten von Wildvögeln und den Geflügelhaltungen im Vordergrund. Die Aufstallung von Geflügel und weitere Biosicherheitsmaßnahmen minimieren das Risiko eines direkten und indirekten Kontakts mit infizierten Wildvögeln. Berücksichtigt werden müssen vor allem auch indirekte Eintragungswege, beispielsweise über durch Wildvögel verunreinigtes Futter, Wasser oder verunreinigte Einstreu und Gegenstände (Schuhwerk, Schubkarren, Fahrzeuge usw.). Diese sind zu unterbinden und geeignete Desinfektionsmaßnahmen vorzusehen. Das Verschleppen von Infektionen zwischen Geflügelhaltungen ist zu vermeiden. Hierzu müssen strenge Biosicherheitsmaßnahmen getroffen werden, insbesondere die konsequente Reinigung und Desinfektion von Geräten und Fahrzeugen. Die Überprüfung, Optimierung und konsequente Umsetzung der Biosicherheitsmaßnahmen ist von höchster Bedeutung. Zur Einhaltung von Grundregeln der Biosicherheit sind Geflügelhalter gesetzlich verpflichtet.

Konkret werden folgende Empfehlungen ausgesprochen:

- Umsetzung strenger Biosicherheitsmaßnahmen in allen Geflügelhaltungen, auch in Kleinhaltungen, zoologischen Gärten, Tierparks und -heimen, einschließlich Schuh- und Kleidungswechsel, Desinfektionsmaßnahmen
- Personen, die Geflügelhaltungen aufsuchen, sollten andere Geflügelhaltungen in den folgenden 72 Stunden nicht betreten
- Vermeidung der gemeinsamen Nutzung von Geräten und Fahrzeugen durch Geflügelhaltungen
- Beschränkung von Fahrzeug- und Personenverkehr in Geflügelbetrieben auf das unerlässliche Maß
- Risikobasierte Einschränkung der Freilandhaltung (Aufstallung) von Geflügel (mindestens in Regionen mit hoher Wasservogeldichte, hoher Geflügeldichte, in der Nähe von Wildvogelrast- und Wildvogelsammelplätzen oder an bestehenden HPAIV H5N8-Fundorten)
- Aufstallung von Zoovögeln soweit möglich, Zugangsbeschränkungen zu Vogelhäusern/Vogelschauen
- Keine Kontaktmöglichkeit von Geflügel in Freilandhaltungen mit natürlichen Gewässern
- Verstärkte Untersuchung von Geflügelhaltungen; bei Hühnervögeln vermehrt klinische Untersuchung, bei Gänsen und Enten PCR-Untersuchungen von kombinierten Rachen- und Kloakenproben gemäß den gesetzlichen Vorschriften
- Geflügelbestände, denen Ausnahmen vom Aufstellungsgebot genehmigt wurden, sollten maximal im Abstand von 3 Wochen klinisch und virologisch untersucht werden
- Vogel-Ausstellungen jeder Art sollten bis auf Weiteres unterbleiben

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV in Deutschland

- Meldung verendeter oder kranker Wildvögel und Säugetiere in Gebieten mit gehäuften Wildvogel-Totfunden an die zuständige Veterinärbehörde
- Verstärkte Untersuchung insbesondere von verendeten oder am Wasser lebenden Wildvögeln auf aviäre Influenzaviren (passives und aktives Wildvogelmonitoring, letzteres insbesondere über Kotproben aus der Umwelt)
- Kein Kontakt von Jägern, die mit Federwild in Berührung gekommen sind, zu Geflügel; in Wildvogel-Geflügelpest-Gebieten: Jagdverbot auf Federwild
- Vermeidung des direkten Kontakts von Personen und Haustieren zu toten oder kranken Wildvögeln
- Überprüfung der Durchführbarkeit der in den Krisenplänen für den Seuchenfall vorgesehenen Maßnahmen und Aktualisierung der Pläne, soweit erforderlich