

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland



In Deutschland sind seit dem 30.10.2020 mehr als 200 HPAI H5-Fälle bei Wildvögeln und 9 Ausbrüche bei Hausgeflügel vorwiegend in den Küstenregionen aufgetreten. Im schleswig-holsteinischen Wattenmeer wird weiterhin ein hohes Aufkommen an toten Wasservögeln beobachtet. Außerdem meldeten das Vereinigte Königreich, die Niederlande, Frankreich (Korsika), Dänemark und Irland Wildvogelfälle bzw. Ausbrüche von HPAIV H5 in Nutzgeflügelbeständen. Das Risiko der Ausbreitung in Wasservogelpopulationen und des Eintrags in deutsche Nutzgeflügelhaltungen und Vogelbestände in zoologischen Einrichtungen wird als **hoch** eingestuft. Überwachungsmaßnahmen hinsichtlich toter oder kranker Wildvögel sollten unverzüglich weiter intensiviert sowie die Biosicherheit in den Geflügelbetrieben überprüft und ggf. optimiert werden. Kontakte zwischen Geflügel und Wildvögeln sollten unbedingt verhindert werden.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

Hintergrund

In der Risikoeinschätzung vom 05.11.2020 wurde zum Auftreten von HPAIV H5 in Israel (Mitte Oktober), den Niederlanden, in Deutschland (Ende Oktober) und im Vereinigten Königreich (Anfang November) berichtet. Seit dem 30.10. werden in **Deutschland** täglich HPAIV H5-infizierte, vorwiegend tot aufgefundene Wildvögel an das Tierseuchennachrichtensystem gemeldet. Die Funde stammen überwiegend aus dem Bereich der schleswig-holsteinischen Wattenmeerküste, wo bisher mehrere Tausend verendete Enten und Gänse (überwiegend Pfeifenten und Nonnengänse) geborgen wurden, und der Ostseeküste in Mecklenburg-Vorpommern. Vereinzelt gibt es auch Nachweise aus Hamburg, Brandenburg und Niedersachsen. Derzeit wurden drei HPAIV Subtypen nachgewiesen, H5N8, welcher dominiert sowie H5N5 und H5N1.

Bei Wildvögeln wird HPAIV H5N8 am häufigsten in Proben von verendeten Nonnengänsen, Pfeifenten und anderen Gänsearten nachgewiesen. Es mehren sich allerdings auch Fälle bei Möwen, Eulen- und Greifvögeln einschließlich einzelner Seeadler und Uhus. In Brandenburg wurde zum ersten Mal in Deutschland ein toter Kranich HPAIV H5 positiv getestet. Allerdings wurde HPAIV H5N5/N8 nicht nur bei toten, sondern auch bei mindestens 17 klinisch gesund beprobten Enten und Gänsen bzw. in Kotproben dieser Vögel nachgewiesen. Seit HPAIV H5N8 zu einem ersten Ausbruch in einer Geflügelhaltung auf Langeneß in Nordfriesland geführt hat (03.11.2020), wurden weitere 8 Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern und Niedersachsen gemeldet, darunter befinden sich auch drei große kommerzielle Geflügelbetriebe (Abbildung 1, Tabelle 1).

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAI H5 in Deutschland

Tabelle 1: Bestätigte Ausbrüche von HPAI H5 bei Hausgeflügel und Fälle bei Wildvögeln seit 01.10.2020 in Deutschland.

Quelle: TSN (Stand 17.11.2020)

Bundesland	Kreis	Wildvogel/ <u>Hausgeflügel</u>	Vogelgruppe/ <u>Geflügelart</u>	Anzahl Wildvogel- Fälle / <u>Hausgeflü- gel-Ausbrüche</u>	Anzahl be- troffener Tiere*
Brandenburg	Ostprignitz-Ruppin	Wildvogel	Kranich	1	
	Prignitz	Wildvogel	Greifvogel	1	
Hamburg	Hamburg Stadt	Wildvogel	Ente, Schwan, Möwe, Graugans	7	
Mecklenburg Vorpommern	Nordwestmecklenburg	Wildvogel	Schwan	1	
	Vorpommern-Greifswald	Wildvogel	Ente, Möwe	2	
	Vorpommern-Rügen	Wildvogel	Ente, Gans, Greifvogel	24	
	Landkreis Rostock	<u>Hausgeflügel</u>	<u>Legehenne, Ente, Gans, Pute</u>	<u>3</u>	>4.000
Niedersachsen	Aurich	Wildvogel	Gans	1	41
		<u>Hausgeflügel</u>	<u>Legehenne</u>	<u>1</u>	
	Cuxhaven	Wildvogel	Ente	2	
	Diepholz	Wildvogel	Gans	1	
	Emden	Wildvogel	Gans	2	
	Harburg	Wildvogel	Gans	1	
	Leer	Wildvogel	Gans	1	
	Wesermarsch	Wildvogel	Gans	4	
	Wilhelmshaven	Wildvogel	Gans	3	
	Wittmund	Wildvogel	Gans	1	
Schleswig-Hol- stein	Dithmarschen	Wildvogel	Ente, Gans, Greifvogel, Möwe, Watvogel	48	
	Neumünster	Wildvogel	Möwe	1	
	Nordfriesland	Wildvogel	Ente, Gans, Watvogel, Greifvogel, Möwe	91	
		<u>Hausgeflügel</u>	<u>Huhn, Gans</u>	<u>2</u>	>400
	Plön	Wildvogel	Gans	1	
	Rendsburg-Eckern- förde	Wildvogel	Ente, Gans	9	
	Segeberg	Wildvogel	Gans, Greifvogel	2	
		<u>Hausgeflügel</u>	<u>Legehenne</u>	<u>1</u>	21
Steinburg	Wildvogel	Gans	5		

* nur bei Geflügel zutreffend

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

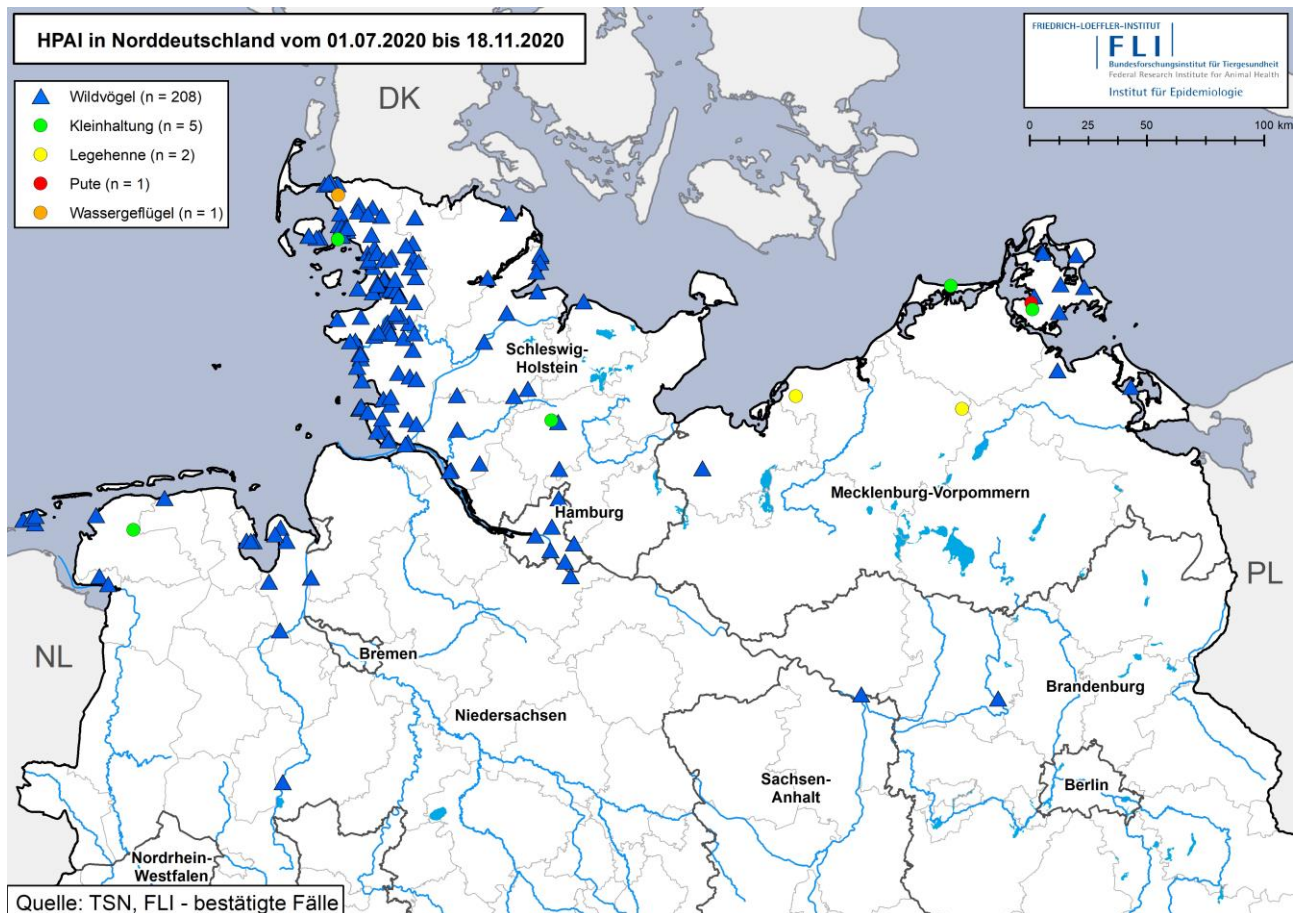


Abbildung 1: HPAI H5-Ausbrüche bei Geflügel und Fälle bei Wildvögeln in Deutschland, die seit 01. Oktober 2020 an TSN gemeldet wurden. (Stand: 17.11.2020). Symbole: Siehe Legende.

Seit dem 23.10. meldeten die Niederlande HPAIV H5N8-Fälle bei mindestens 35 meist tot aufgefundenen Wasser- und Greifvögeln. Vier lebend beprobte Pfeifenten waren HPAIV H5N1 positiv. Neben einem Ausbruch bei gehaltenen Vögeln in einem Zoo wurden zwischen dem 29.10. und 10.11. drei Ausbrüche von HPAIV H5 in einem Broiler-Elterntierbestand mit knapp 40.000 Tieren, einem Legehennenbestand mit 100.000 Tieren und einem weiteren Geflügelbestand mit 47.000 Tieren bekannt.

Das Vereinigte Königreich meldete seit dem 2.11. insgesamt zwei Ausbrüche bei Hausgeflügel sowie Fälle bei Trauerschwänen, Kanada- und Graugänsen.

Bei einem Wanderfalken in Irland wurde HPAIV H5N8 nachgewiesen.

In Dänemark wurde am 16.11. ein HPAIV H5N8-Ausbruch in einer Geflügelhaltung mit 25.000 Legehennen gemeldet. Außerdem wurde HPAIV H5N8 bei 11 tot aufgefundenen Wildvögeln, überwiegend Nonnengänsen, festgestellt. Der Subtyp H5N5 wurde bei einem Wanderfalken nachgewiesen (Abbildung 2).

Am 17.11. meldete Frankreich den Ausbruch von HPAI H5N8 bei gehaltenen Vögeln auf Korsika.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

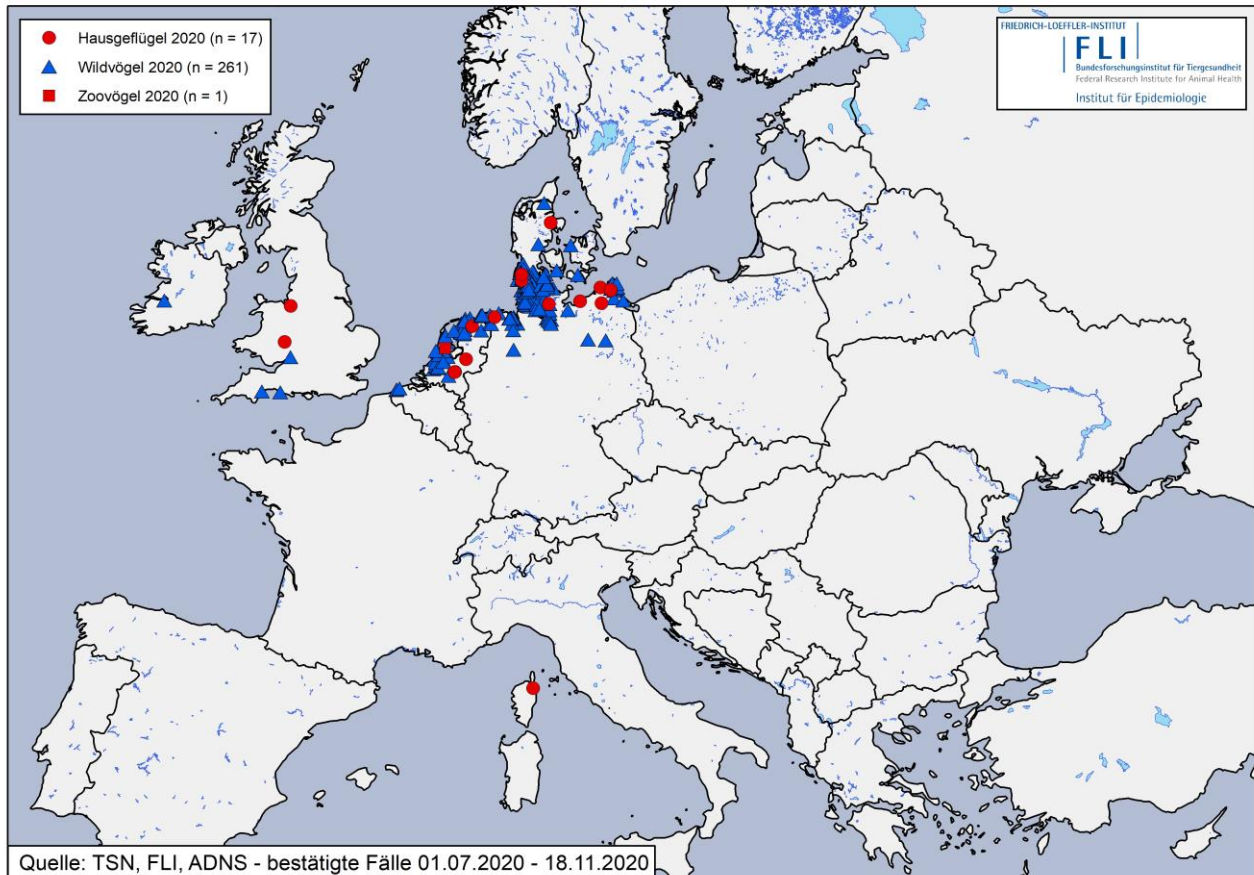


Abbildung 2: HPAI H5-Ausbrüche bei Geflügel und Fälle bei Wildvögeln in Europa, die seit 01. Oktober 2020 an ADNS und TSN gemeldet wurden. (Stand: 17.11.2020). Symbole: Siehe Legende.

Einschätzung der Situation

Ein seit Sommer 2020 aktives HPAIV H5-Geschehen im südlichen Sibirien und dem angrenzenden Norden Kasachstan hatte bereits zu ersten Warnungen geführt, dass HPAI H5-Viren mit dem Herbstvogelzug nach Europa gelangen könnten. In der Vergangenheit fielen bereits einige solcher Ausbruchsgeschehen zeitlich und räumlich mit dem Herbstzug von migrierenden Wasservögeln zusammen und führten zur Verbreitung der Viren nach Europa und Afrika.

Diese Befürchtungen wurden nun durch zahlreiche, annähernd zeitgleiche Nachweise von HPAIV H5-positiven Wildvögeln zunächst in den Niederlanden und Deutschland und nun auch im Vereinten Königreich, Irland und Dänemark vorwiegend entlang der Meeresküsten bestätigt. Das Geschehen entwickelt sich hoch-dynamisch, die Zahl HPAIV H5- positiv getesteter Vögel steigt täglich weiter an. Am 17.11. wurde ein Ausbruch bei gehaltenen Vögeln in Korsika bekannt. Seit dem 4.11. wird HPAIV H5N8 auch vereinzelt in Geflügelbeständen festgestellt: In Deutschland sind bisher 9 Haltungen betroffen, darunter auch ein Putenbetrieb mit >16.000 Tieren und ein Betrieb mit über 50.000 Legehennen. Die Eintragsquellen sind unbekannt, jedoch wird virus-

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

kontaminiertes Material (Schuhwerk, Fahrzeuge, Gegenstände, Einstreu) ist für die meisten Geflügelhaltungen als wahrscheinlichste Infektionsquelle angesehen. Das Risiko eines Eintrags über zugekauftes Geflügel, Futter und Tränkwasser ist derzeit vernachlässigbar. Überall dort, wo Kontaktmöglichkeiten zwischen Wildvögeln und Hausgeflügel, insbesondere Wasservögeln, bestehen, können Infektionen eingetragen werden und neue Infektionsquellen entstehen sofern nicht ein Virusaustrag aus diesen betroffenen Beständen unterbunden werden kann.

Niedrige Temperaturen im Herbst und Winter stabilisieren die Infektiosität von Inflenzaviren in der Umwelt. Wenn sich Wasservögel in hoher Zahl sammeln und vermischen, werden Virusübertragungen zwischen Wildvögeln und somit die Verbreitung der Viren begünstigt. Eine umfassende Untersuchung der wilden Wasservögel ist in der Regel nicht möglich, so dass die tatsächliche Verbreitung der HPAI H5 Viren nur aus sporadischen Funden, nicht aber in Gänze eingeschätzt werden kann. Es muss davon ausgegangen werden, dass sich die Viren in Deutschland bei Wildvögeln weiterverbreiten, eventuell ohne auffällig erhöhte Mortalität. Diese lokale Ausbreitung an der Nord- und Ostseeküstenregion bestimmt derzeit die Dynamik des Ausbruchsgeschehens. Es ist absehbar, dass sich das Virus von hier weiter ins Binnenland ausbreiten wird und es in den nächsten Tagen und Wochen zu Fällen in anderen Bundesländern kommen wird.

Ähnlich dem HPAIV H5N8 Geschehen im Jahr 2016/2017 kommt es aktuell überwiegend bei Wasservögeln und Vogelarten, die sich auch von Aas ernähren, z.B. verschiedene Greif-, Eulen- und Möwenvögel, zu vermehrten Todesfällen. Bisher sind in Deutschland mindestens 20 verschiedene Vogelarten betroffen, darunter zur Zeit überwiegend Pfeifenten und Nonnengänse. Aufgrund von HPAIV H5-Funden auch bei klinisch gesund erscheinenden Wasservögeln oder in deren Kot, ist zu vermuten, dass Wildvögel das Virus ausscheiden können ohne zu erkranken oder zu verenden. Tote und infizierte Greif-, Möwen- und Eulenvögel sind als Indikatoren für ein lokalisiertes Ausbruchsgeschehen in der Umgebung zu werten.

Symptomlos infizierte Wildvögel bzw. solche, die sich in der Inkubationszeit befinden, sind mobile Virusträger, die das Virus weiter verbreiten können. 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 auch auf Acker- und Weideflächen gerechnet werden muss. Personen, die solche Flächen betreten, und Fahrzeuge, die sie befahren, können das Virus weiterverbreiten und auch in Geflügel haltende Betriebe eintragen.

Bei eintretendem 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 weiteren Verlagerung des Infektionsgeschehens bei Wildvögeln in das Binnenland und weiter nach Südeuropa kommen.

Phylogenetische Untersuchungen der HPAI H5-Viren lassen auf einen neuen Eintrag schließen. Die bisher analysierten Viren gehören zwar wie die seit 2016 eingeschleppten HPAIV H5N8 zur Klade 2.3.4.4b, stehen

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

jedoch nicht in direktem phylogenetischen Zusammenhang mit den H5N8-Viren, welche die Ausbrüche im ersten Halbjahr 2020 in Europa verursachten. Stattdessen weisen die analysierten Viren eine neue genetische Signatur auf, die Ähnlichkeiten zu verschiedenen Viren der letzten Jahre aus Eurasien zeigen. Ähnlichkeiten zeigen sich besonders im HA Gen zu Viren aus den Jahren 2016/2017. Sequenzvergleiche mit den Viren aus den Niederlanden zeigen sowohl ähnliche als auch unterschiedliche Segmente. Das deutet darauf hin, dass der aktuelle Virusstamm ähnlich wie in 2016/17 eine gehäufte genetische Reassortierung (z.B. H5N5, H5N1) zulässt. Aufgrund der bisherigen Informationen über Totfunde und die Speziesverteilung ist von einer vergleichbaren Virulenz der neuen Reassortanten wie bei den HPAIV H5Nx von 2016 bis 2019 auszugehen. Gleiches gilt für das zoonotische Risiko. Bisher gibt es keine Hinweise, dass die neuen Reassortanten ein zoonotisches Potential besitzen.

Einschätzung des Risikos und Empfehlungen

Die umfangreichen Funde von HPAI H5-Viren bei Wasser-, Greif-, Eulen- und Möwenvögeln sowie die Einträge des Virus in Geflügelhaltungen in Küstenregionen der Nord- und Ostsee stehen zeitlich und räumlich in Zusammenhang mit dem Herbstzug von Wasservögeln.

Die Dichte der Wildvogelpopulationen in den Rastgebieten kann in den kommenden Wochen weiter zunehmen. Diese Bedingungen begünstigen die Virusübertragung und Ausbreitung. Tote, infizierte Wildvögel werden von Aasfressern aufgenommen, die zu einer Virusverbreitung innerhalb ihres Bewegungsradius und zu Umweltkontaminationen beitragen. Damit steigt auch das Risiko indirekter Eintragungswege in Geflügelbetriebe.

Das Risiko der Ausbreitung von HPAI H5-Viren in Wasservogelpopulationen innerhalb Deutschlands und Europas wird hoch eingestuft. Das Risiko weiterer Einträge in deutsche Nutzgeflügelhaltungen und Vogelbestände in zoologischen Einrichtungen durch direkte und indirekte Kontakte zu Wildvögeln wird ebenfalls als hoch eingeschätzt, 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 einem Eintrag und der möglichen weiteren Verbreitung von HPAIV Infektionen. Hierzu müssen die einschlägig empfohlenen Biosicherheitsmaßnahmen und Überwachungs- bzw. Abklärungsuntersuchungen überprüft und unbedingt konsequent eingehalten werden. Zur Einhaltung von Grundregeln der Biosicherheit sind Geflügelhalter gesetzlich verpflichtet. Außerdem ist die Errichtung einer funktionierenden physischen Barriere zwischen den Habitaten von wilden Wasservögeln (z.B. Gewässer, Felder auf denen sich Gänse, Enten oder Schwäne sammeln) und den Geflügelhaltungen wesentlich. Die Aufstallung von Geflügel und weitere Biosicherheitsmaßnahmen minimieren das Risiko eines direkten und indirekten Kontakts mit infizierten Wildvögeln. Berücksichtigt werden müssen vor allem indirekte Eintragswege wie kontaminiertes 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 Kleidung, Schuhen, Geräten und Fahrzeugen.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

Auffälliges Verhalten und Totfunde bei Wildvögeln sollten umgehend den Veterinärbehörden zur Bergung und Untersuchung gemeldet werden. Eine zeitnahe Bergung und sichere Entsorgung ist wichtig, um Infektionsketten durch aasfressende Vögel zu verhindern. In Zoos und Geflügelhaltungen, insbesondere mit Auslauf- und Freilandhaltung sollten Präventions- und Biosicherheitsmaßnahmen dringend überprüft und, wenn nötig, optimiert werden.

Konkret werden folgende weitere Empfehlungen ausgesprochen:

- Überprüfung der Durchführbarkeit der in den Krisenplänen für den Seuchenfall vorgesehenen Maßnahmen und Aktualisierung der Pläne, soweit erforderlich
- Personen, die Geflügel in einer Haltung regelmäßig versorgen, sollten Ställe anderer Haltungen, in denen sich Geflügel befindet, in den folgenden 72 h nicht betreten. Tierärzte und andere Personen, die berufsmäßig Geflügelbestände besuchen, sollten ihre Tour abbrechen und die genannte Karenzzeit einhalten, wenn sie einen Bestand betreten haben, in dem klinische Anzeichen einschließlich erhöhte Mortalitäten auf HPAI hindeuten.
- Vermeidung der gemeinsamen Nutzung von Gerätschaften und Fahrzeugen durch Geflügelhaltungen.
- Beschränkung von Fahrzeug- und Personenverkehr in Geflügelbetrieben auf das unerlässliche Maß.
- Risikobasierte Einschränkung der Freilandhaltung (Aufstallung) von Geflügel (mindestens im Umfeld von HPAIV H5-Fundorten).
- Aufstallung von Zoovögeln soweit möglich, Zugangsbeschränkungen zu Vogelhäusern/Vogelschauen in Risikogebieten.
- Minimierung von direkten und indirekten Kontaktmöglichkeiten zwischen Geflügel und wilden Wasservögeln und natürlichen Gewässern (z.B. Abdecken von Feuerlöschteichen auf dem Betriebsgelände etc.).
- Einschränkung der Jagd auf Wasserwild in betroffenen Bundesländern, um etwaig infizierte Tiere nicht aufzuscheuchen.
- Überprüfung, Optimierung und konsequente Umsetzung der Biosicherheitsmaßnahmen in Geflügelhaltungen, auch unter Nutzung verfügbarer Checklisten und Online-Tools (https://risikoampel.univechta.de/plugins.php/aisurveyplugin/ai/survey?disease_id=1)
- Umsetzung der Mindest-Biosicherheitsmaßnahmen in Kleinhaltungen (https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00000891/Merkblatt-AI_2016-11-25.pdf), zoologischen Gärten, Tierparks und -heimen entsprechend der Geflügelpest Schutzverordnung (<https://www.gesetze-im-internet.de/geflpestschv/>)
- Erhöhte Wachsamkeit für ein schnelles Erkennen von Verdachtsfällen bei Geflügel und unverzügliche Einleitung der diagnostischen Abklärung hinsichtlich HPAIV
- Intensivierung des passiven und aktiven Wildvogelmonitorings mit Schwerpunkt auf Wasser- und Greifvögeln:
 - Die Bevölkerung ist aufgerufen, Beobachtungen von unnormalen Verhaltensweisen bei Wasservögeln (z.B. unkoordiniertes Kopfkreisen) sowie Totfunde von Wildvögeln den Veterinärbehörden sofort zu melden, um die Früherkennung zu forcieren.
 - Tote Vögel sollten unverzüglich eingesammelt und stichprobenartig auf das Vorkommen von Influenza-A Infektionen in den Landesuntersuchungsämtern untersucht und anschließend sicher

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

entsorgt werden, um eine Umweltkontamination bzw. eine Übertragung auf aasfressende Vögel zu vermeiden. Bei der stichprobenartigen Untersuchung sollte in jedem Fall von jeder Vogelart mindestens ein Tupfer pro Gebiet genommen werden. Totfunde sollten nach Art, Alter und Ort ihres Fundes dokumentiert werden.

- Besondere Aufmerksamkeit sollte Beobachtungen in Vogelschutzgebieten gelten. In diesen Gebieten sollte auch die gezielte Untersuchung von Kot von Wasservögeln (z.B. Blessgänse, Pfeifenten) in Betracht gezogen werden, um das lokale Risiko einzuschätzen.

Weitere Hinweise:

Die Europäische Lebensmittelsicherheitsbehörde (European Food Safety Authority, EFSA) bietet vierteljährig einen frei zugänglichen Bericht (auf Englisch) zu HPAI Ausbrüchen bei Geflügel und Fällen bei Wildvögeln unter folgendem Link an:

https://www.efsa.europa.eu/en/publications/?f%5B0%5D=sm_field_so_type%3Ascientific_report_post_11