FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT
FLI
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Federal Research Institute for Animal Health

Risikoeinschätzung
zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

In Deutschland sind seit dem 30.10.2020 mehrere HPAI H5-Fälle bei Wildvögeln nahezu zeitgleich an der Nord- und Ostseeküste sowie in Hamburg aufgetreten. Im Küstenbereich des schleswig-holsteinischen Wattenmeeres wird derzeit ein hohes Aufkommen an toten Wasservögeln beobachtet. Außerdem meldeten das Vereinigte Königreich, die Niederlande und auch Deutschland Ausbrüche von HPAIV H5 in Nutzgeflügelbeständen. Das Risiko weiterer Einträge von HPAIV H5 nach Deutschland, 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 02.10.2020 wurden zahlreiche Meldungen zum Auftreten von HPAI H5N8 in Russland und Kasachstan seit Ende Juli 2020 beschrieben. Das Geschehen erstreckte sich bis zum Schwarzen Meer. Inzwischen liegen Berichte zu neuen Einträgen von HPAIV H5N8 nach Israel (Mitte Oktober), in die Niederlande, **nach Deutschland** (Ende Oktober) und in das Vereinigte Königreich (Anfang November) vor.

Aus *Israel* wurden zwischen dem 13.-19.10. drei Ausbrüche in großen Geflügelhaltungen in Haifa, Hadarom und Hazafon sowie von Trauer- und Höckerschwänen mit z.T. neurologischen Symptomen in je einem Zoo in Jerusalem und Tel Aviv an die OIE gemeldet.

Seit dem 23.10. meldeten *die Niederlande* HPAIV H5N8-Fälle bei mindestens 21 tot aufgefundenen Wasservögeln. Vier lebend beprobte Pfeifenten waren HPAIV H5N1 positiv. Zusätzlich wurde am 29.10. und 5.11. je ein Ausbruch von HPAIV H5 in einem Broiler-Elterntierbestand mit knapp 40.000 Tieren und einem Legehennenbestand mit 100.000 Tieren in Gelderland bekannt.

In *Deutschland* wurde Ende Oktober in Proben von zahlreichen Pfeifenten, Nonnengänsen, Greif- und Eulenvögeln an der schleswig-holsteinischen Wattenmeerküste HPAIV H5N8 nachgewiesen. Ein toter Mäusebussard von der Insel Rügen wurde am 30.10. HPAIV H5N5-positiv getestet, einen Tag später wurden auch aus Nordfriesland je ein HPAIV H5N5–positiver Wanderfalke und Seeadler gemeldet. Mehr als 1.000 verendete Tiere wurden im Flutsaum der Norddseeküste in Nordfriesland entdeckt, 80% sind Nonnengänse und Pfeifenten. Auf der Hallig Oland (Gemeinde Langeneß) führte das HPAI H5N8-Virus zu einem Ausbruch in einer Geflügelhaltung mit 68 Legehennen.

Mittlerweile meldete auch das *Vereinigte Königreich* einen Ausbruch von HPAI H5N8 in einem Broiler-Elterntierbestand in Cheshire.

Tabelle 1: Bestätigte Ausbrüche von HPAI H5N8 (H5N5) bei gehaltenen Vögeln und Fälle bei Wildvögeln seit 01.10.2020. Quelle: OIE, WAHIS; ADNS; TSN (Stand 05.11.2020)

Land	Region	Datum (2020)	Tierart	Anzahl Ausbrüche/Fälle	Anzahl betroffene Tiere
Russland	Kostromskaya Oblast	10.10.	Geflügel	1	14.041
Israel	Haifa	13.10.	Geflügel	1	35.000
	Hadarom	15.10.	Geflügel	1	18.800
	Hazafon	19.10.	Geflügel	1	34.000
	Jerusalem	18.10.	Zoovögel (Schwäne)	1	24
	Hazafon	21.10.	Rosapelikan (*Pelecanus onocrotalus*)	1	1
	Tel Aviv	24.10.	Zoovögel (Trauerschwan, *Cygnus atratus*)	1	1
Niederlande	Utrecht	17.-26.10.	Höckerschwan (*Cygnus olor*), Pfeifente (*Mareca penelope*), Cormorant (*Phalacrocorax carbo), Graugans (Anser anser), Saatgans (Anser fabalis)*	7	7
	Friesland	27.,30.10.	Nonnengans *(Branta leucopsis)*, Pfeifente, Höckerschwan	11	11
	Nordbrabant	29.10.	Höckerschwan	1	1
	Nordholland	16., 30.10.	Pfeifente, Graugans	6	6
	Südholland	27.10.	Höckerschwan	1	1
	Gelderland	29.10.	Geflügel	1	35.700
		05.11.	Geflügel	1	100.000
Deutschland	Rügen	28.10.	Mäusebussard (*Buteo buteo*) (H5N5)	1	1
	Hamburg	26.10., 02.11.	Pfeifente, Silbermöwe (*Larus argentatus*)	2	2
	Nordfriesland	28.10.-02.11.	Pfeifente, Wanderfalke (*Falco peregrinus*), Großer Brachvogel (*Numenius arquata*), Seeadler (*Haliaeetus albicilla*) (H5N5/8), Wanderfalke (H5N5), Nonnengans (*Branta leucopsis*)	10	>1000*
	Dithmarschen	2.11.-3.11.	Nonnengans, Uhu (*Bubo bubo*), Turmfalke (*Falco tinnunculus*)	8	?
	Nordfriesland/Hallig Langeneß	4.11.	Geflügel	1	68
Vereinigtes Königreich	Cheshire	3.11.	Geflügel	1	13.500

***** nicht labordiagnostisch bestätigt

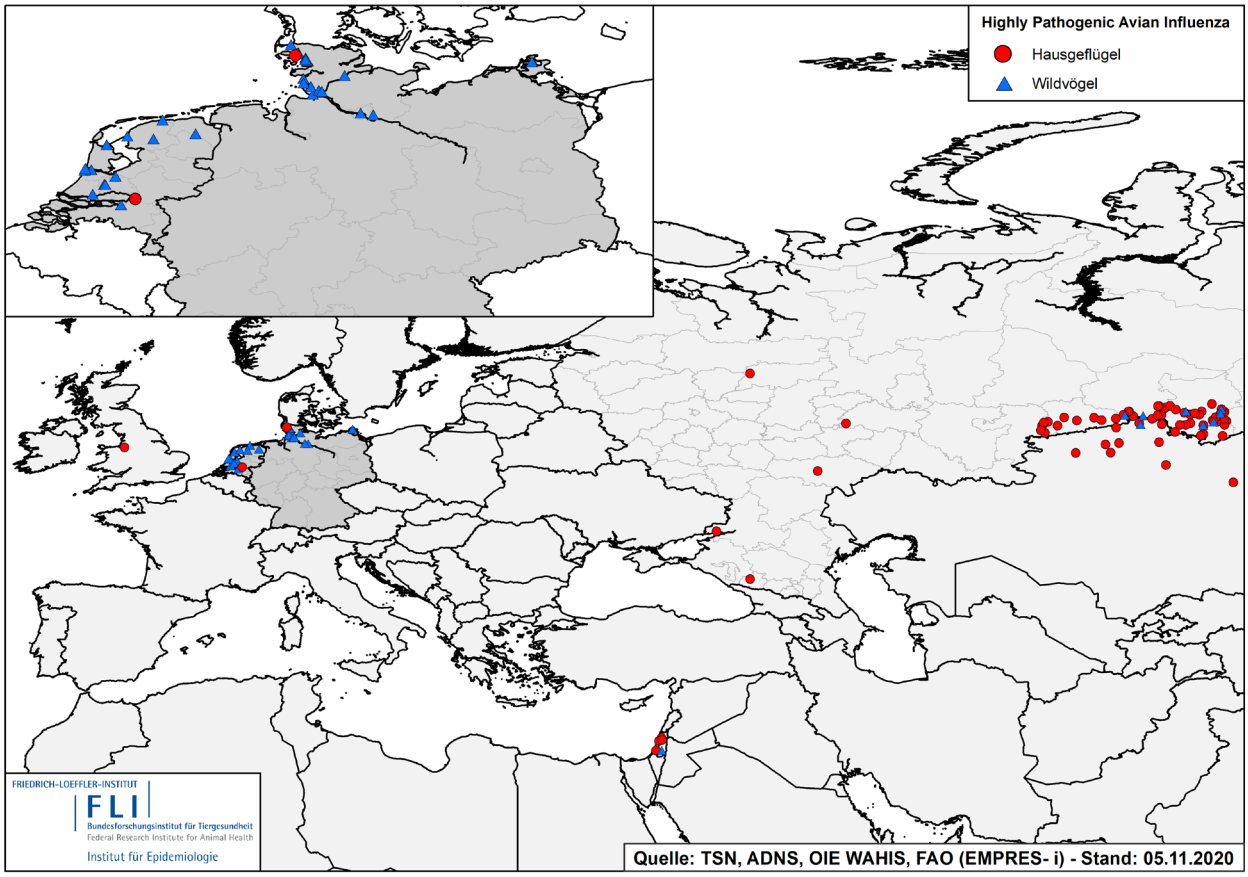

Abbildung 1*:* HPAI H5-Ausbrüche bei Geflügel und Fälle bei Wildvögeln und Hausgeflügel in den Niederlanden und Deutschland, die seit Juli 2020 an OIE/ADNS/TSN gemeldet wurden. (Stand: 05.11.2020). Symbole: Siehe Legende.

Einschätzung der Situation

Das HPAIV H5-Geschehen im Seengebiet im südlichen Ausläufer Westsibiriens und angrenzenden Nord-Kasachstan hatte bereits erste Hinweise darauf gegeben, dass HPAIV H5-Viren mit dem Vogelzug nach Europa gelangen könnten, weil dortige Ausbruchsgeschehen in der Vergangenheit häufig zeitlich und räumlich mit dem Herbstzug von migrierenden Wasservögeln zusammenfielen.

Dies wurde durch umfangreiche Nachweise von HPAIV H5-positiven Wildvögeln in den Niederlanden und Deutschland in unterschiedlichen Regionen an der Nord- und Ostseeküste bestätigt, die derzeit annähernd zeitgleich auftreten. Das Geschehen ist hoch-dynamisch, vermehrt werden Totfunde gesichtet und stichprobenartig getestet, die Zahl HPAIV H5- positiv getesteter Vögel steigt täglich an. Am 4.11. wurde HPAIV H5N8 auch bei einer Legehennenhaltung auf der Hallig Oland festgestellt.

Phylogenetische Untersuchungen der HPAI H5-Viren, die z.B. in den Niederlanden in der Nähe von Utrecht von verendeten Höckerschwänen und von einem Bussard in Deutschland gewonnen wurden, 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 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.

Der Abzug von verschiedenen Wasservogelarten in Richtung Westeuropa erfolgt bereits seit einigen Wochen, so dass sich Wildvögel in z.T. hohen Dichten an Sammelplätzen in Zwischen- oder Überwinterungsquartieren aufhalten. Nordische Wildgänse (Blässgans, Saatgans), Schwäne (Singschwan, Zwergschwan) sowie verschiedenen Entenarten kommen je nach geografischer Herkunft, die weit bis nach Russland reichen kann, erstmals zwischen Mitte Oktober und Mitte November nach Deutschland. Bei vielen Wasservogelarten gehören so genannte Kältefluchten zum normalen Zugverhalten. Auf diese Weise können Höhepunkte des Herbstzuges der Enten, Gänse und Schwäne witterungsabhängig zeitlich variabel zwischen Oktober und November erwartet werden. Somit muss jederzeit mit weiteren Einträgen von HPAIV H5 nach Europa und Deutschland gerechnet werden. Diese scheinen sich momentan gehäuft an der Nord- und Ostseeküstenregion zu ereignen, was früheren Eintragsmustern ähnelt.

Verschiedene Studien zeigten, dass Kälteeinbrüche in den Jahren 2005 und 2016 den Eintrag und die Ausbreitung von HPAIV H5 aus Asien in westliche Richtung bis nach Europa begünstigt hatten. Niedrige Temperaturen im Herbst und Winter stabilisieren die Infektiosität von Influenzaviren 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.

Die Berichte von HPAIV H5 Nachweisen in tot aufgefundenen Wildvögeln aus Israel, den Niederlanden und Deutschland enthalten wichtige Hinweise zur Empfänglichkeit von Vogelarten gegenüber klinischer Erkrankung nach Infektion mit den aktuellen HPAIV H5. Unter den Totfunden finden sich überwiegend Nonnengänse, Pfeifenten und Greifvögel. Andere Wasservögel, z.B. Gründelenten, können infiziert sein und das Virus ausscheiden, auch ohne dabei auffällig zu erkranken.

Einige Vögel, wie z.B. Bussard, Seeadler, Eulen oder Möwen ernähren sich unter anderem von Aas. Es ist plausibel, dass sich fakultative Aasfresser an verendeten oder erkrankten Wasservögeln infizieren, anschließend erkranken und verenden können. Im gegenwärtigen Geschehen wurden bisher ein Bussard, Möwen, ein Uhu und Wanderfalken positiv getestet. Während auch der Uhu ein fakultativer Aasfresser ist, jagen Wanderfalken fast ausschließlich Vögel im freien Flugraum, an den Küsten kleine Vögel (Limikolen), aber auch

kleine Enten und Möwen. Tote und infizierte Greif-, Möwen- und Eulenvögel sind somit als Indikatoren für ein Ausbruchsgeschehen in der Umgebung zu werten, wobei Wanderfalken auf Infektionen bei Vögeln ohne ausgeprägte Klinik hinweisen können.

Einschätzung des Risikos und Empfehlungen

Die neuen Funde von HPAI H5-Viren bei Wasser-, Greif- und Möwenvögeln sowie bei Geflügel in Küstenregionen der Nord- und Ostsee stehen zeitlich und räumlich in Zusammenhang mit dem bereits begonnenen Herbstzug von Wasservögeln aus Regionen, in denen HPAIV H5N8 nachgewiesen wurde und wo es vermutlich in unbekanntem Umfang in Wasservogelpopulationen zirkuliert.

Der Vogelzug (auch Wasservögel) ist derzeit in vollem Gange, und die Dichte der Vogelpopulationen in Rastgebieten wird in den kommenden Wochen weiter zunehmen bzw. durch Kälteeinbrüche beschleunigt. 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 weiterer Einträge von HPAI H5-Viren nach Deutschland wird als *hoch* eingestuft. Die Ausbreitung von HPAI H5-Viren in Wasservogelpopulationen in Deutschland und weitere Einträge in deutsche Nutzgeflügelhaltungen und Vogelbestände in zoologischen Einrichtungen durch direkte und indirekte Kontakte zu Wildvögeln wird ebenfalls als *hoch* eingeschätzt.

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.

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. Berücksichtigt werden müssen auch indirekte Eintragswege wie kontaminiertes Futter, Wasser oder verunreinigte Einstreu und Gegenstände (Schuhwerk, Schubkarren, Fahrzeuge usw.).

Sofern eine weitere Ausbreitung des Virus vor allem im Wildvogelbereich erfolgt, kann die Aufstallung von Freilandgeflügel in betroffenen Regionen als wirksame Methode zur Verhinderung der Viruseinschleppung in Erwägung gezogen 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
- Minimierung von direkten und indirekten Kontaktmöglichkeiten zwischen Geflügel und wilden Wasservögeln und natürlichen Gewässern (z.B. Abdecken von Feuerlöschteichen auf dem Betriebsgelände etc.)
- Kein Kontakt von Jägern, die mit Federwild oder dessen Ausscheidungen in Berührung gekommen sind, zu Geflügel
- Überprüfung, Optimierung und konsequente Umsetzung der Biosicherheitsmaßnahmen in Geflügelhaltungen, auch unter Nutzung verfügbarer Checklisten und Online-Tools (https://risikoampel.uni-vechta.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 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

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Hauptsitz: Insel Riems, Südufer 10, D-17493 Greifswald-Insel Riems, www.fli.de
Foto/Quelle: privat