INFEKT - INFO

Institut für Hygiene und Umwelt
Hamburger Landesinstitut für Lebensmittelsicherheit, Gesundheitsschutz und Umweltuntersuchungen

Ausgabe 22/2020, 12. November 2020
Infektionsepidemiologisches Landeszentrum

Kurzbericht über die gemäß der Infektionskrankheiten-Surveillance nach IfSG in Hamburg registrierten Krankheiten und weitere infektionsepidemiologisch relevante Ereignisse

Zur aktuellen Lage bezüglich des neuartigen Coronavirus in Hamburg verweisen wir auf die zentrale Website des Hamburger Senats: https://www.hamburg.de/coronavirus/. Die aktuellen Fallzahlen für Hamburg sind unter: https://www.hamburg.de/corona-zahlen zu finden.
Weitere Informationen sind im Internet u.a. beim Robert Koch-Institut (RKI) einsehbar unter: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/nCoV.html.
Die aktuellen Fallzahlen für Hamburg, Deutschland und weltweit aktualisiert das RKI mehrmals täglich hier: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Fallzahlen.html
Zur Lage in Europa und weltweit gibt es täglich aktualisierte Informationen auf der Website des European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC):
https://www.ecdc.europa.eu/en/covid-19-pandemic

WELT

Ebola – 11. Ausbruch in der Demokratischen Republik Kongo

Zwei weitere letale wahrscheinliche Fälle von Ebola wurden in der Demokratischen Republik Kongo (DRC) für den Juli 2020 nachgemeldet, womit sich die Gesamtzahl auf 130 Fälle (119 bestätigte und 11 wahrscheinliche), 55 Todesfälle (42,3% Todesfallrate) seit Ausbruchsbeginn im Juni 2020 erhöht hat. Bis zum 9. November 2020 sind 34 Tage vergangen, ohne dass neue bestätigte Fälle aufgetreten sind. Wenn dies noch 8 Tage andauert, kann der Ausbruch offiziell für beendet erklärt werden. (Quelle: https://reliefweb.int/report/democratic-republic-congo/democratic-republic-congo-drc-ebola-situation-report-35-november-10)

EUROPA

SARS-CoV-2: Virusmutationen in Nerzhaltungen

In Dänemark sind in zahlreichen Nerzfarmen Infektionen mit SARS-CoV-2 festgestellt worden. Durch Sequenzanalyse von Proben aus den betroffenen Beständen wurden einige genetische Veränderungen nachgewiesen, die auch das Spikeprotein des SARS-CoV-2 betreffen. Bei 12 infizierten Personen aus Jütland sei eine besondere Virusvariante (Cluster V-Variante) nachgewiesen worden, die mehrere Mutationen im Spikeprotein trägt. Acht davon ständen im Zusammenhang mit Nerzfarmen. Die Infektionsverläufe der 12 Personen unterschieden sich nicht von denen anderer SARS-CoV-2-Infizierter. Bisher gibt es daher keine Hinweise auf eine veränderte Virulenz dieser Variante. Allerdings haben

erste, noch vorläufige Untersuchungen in Dänemark zur Vermutung geführt, dass diese Variante möglicherweise weniger gut von Antikörpern, die gegen die bisher zirkulierenden Stämme gerichtet sind, neutralisiert wird. Dies könnte auch Auswirkungen auf die Effektivität von Impfstoffen gegen SARS-CoV-2 haben. Vorsorglich haben die dänischen Behörden die Räumung aller Nerzfarmen angewiesen wie auch weitere Maßnahmen angeordnet, um eine Ausbreitung der Variante in der Region Jütland einzudämmen.
SARS-CoV-2 benötigt das Spikeprotein, um an Zellen zu binden und in sie einzudringen. Zudem werden schützende Antikörper nach Infektion oder Impfung hauptsächlich gegen dieses Protein gebildet, so dass Veränderungen hier besondere Beachtung finden. Da sich SARS-CoV-2 in Nerzen gut vermehrt und effizient weitergegeben wird, sind einzelne genetische Anpassungen und Variationen nicht ungewöhnlich. Ähnliche bzw. identische Sequenzvarianten wurden bereits in den Niederlanden im Zusammenhang mit SARS-CoV-2-Infektionen in Nerzfarmen beschrieben. Insbesondere die Änderung an der Position 453 im Spike-Gen weist dabei auf eine Anpassung auf Nerze hin.

Ob die beobachteten Varianten weitergehende Veränderungen der Biologie dieser Viren zur Folge haben ist aber offen und kann anhand der vorliegenden Daten noch nicht bewertet werden. Insbesondere für die Aussage der geringeren Wirksamkeit von derzeit entwickelten Impfstoffen gegen solche in Nerzen entstandenen Virusvarianten fehlen belastbare wissenschaftliche Belege. Das Friedrich-Löffler-Institut erachtet es als sinnvoll, mit Maßnahmen die weitere Ausbreitung und Vermehrung von SARS-CoV-2 einzudämmen und damit auch weitere zoonotische Übertragungen von Nerzen auf Menschen zu verhindern.

Infektionen von Nerzen in Pelztierfarmen durch SARS-CoV-2 infizierte Menschen wurden auch aus den Niederlanden, Schweden, Italien, Spanien und den USA gemeldet. In den Niederlanden sind mindestens zwei Infektionen von Personen, die im Zusammenhang mit Nerzfarmen standen, belegt. In Deutschland gibt es keine vergleichbaren Nerzhaltungen.

Problematisch ist in Nerzfarmen insbesondere die sehr hohe Anzahl empfänglicher Tiere auf engem Raum, die die Ausbreitung von Infektionskrankheiten begünstigt. Da weder in den Niederlanden noch in Dänemark die anfänglich verschärften Biosicherheitsmaßnahmen Wirkung zeigten und sich SARS-CoV-2 auf immer mehr Haltungen ausbreitete, wurde in beiden Ländern die Tötung der Tiere veranlasst. Diese Maßnahme ist zum einen als Bekämpfung einer Tierseuche zu sehen, zum anderen als Schutzmaßnahme des Menschen vor dem zoonotischen Erreger SARS-CoV 2 (Quelle: https://www.fli.de/de/aktuelles/kurznachrichten/neues-einzelansicht/sars-cov-2-virusmutationen-in-nerzhaltungen/).

DEUTSCHLAND

Aktuelle Geflügelpest-/Vogelgrippe-Fälle in Deutschland: Kein Hinweis auf Infektionsrisiko für den Menschen

In Deutschland wurden am 30.10.2020 Fälle von Infektionen mit hochpathogenener aviärer Influenza (HPAI) / Vogelgrippe vom Subtyp H5 bei Wildvögeln nahezu zeitgleich an der Nord- und Ostseeküste

sowie in Hamburg nachgewiesen. Seither hat das Nationale Referenzlabor für Aviäre Influenza / Geflügelpest des Friedrich-Loeffler-Instituts (FLI) bei einer Reihe von Wildvögeln in Norddeutschland sowie in zwei Nutzgeflügelhaltungen in Schleswig-Holstein Fälle von Geflügelpest bestätigt. Die Infektionen wurden durch verschiedene Geflügelpestviren (hochpathogene aviäre Influenzaviren, HPAIV) verursacht. Genetische Analysen des vollständigen Virusgenoms ordnen die aktuell auftretenden Viren dem Subtyp H5 zu. Es wurde eine Reihe von Virusvarianten (H5N8, H5N5, H5N1) nachgewiesen, die genetisch mit den in den Jahren 2016/2017 in Europa aufgetretenen H5N8-Viren verwandt sind. Wie bei den H5-Viren aus den Jahren 2016/2017 gibt es derzeit auch bei den aktuellen H5-Viren keine Hinweise darauf, dass sie den Menschen infizieren können. Es handelt sich also nicht um zoonotische Viren. Mit den für den Menschen gefährlichen H5N1-Viren, die in den Jahren 2006/2007 auch in Europa auftraten, sind die aktuellen H5-Viren nur weitläufig verwandt. Nähere Informationen zur Herkunft der aktuellen Viren vom Subtyp gibt die aktuelle Risikoeinschätzung des FLI (Quellen: https://www.fli.de/de/aktuelles/kurznachrichten/neues-einzelansicht/aktuelle-gefluegelpest-vogelgrippe-faelle-in-deutschland-kein-hinweis-auf-infektionsrisiko-fuer-den-menschen/; https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00033614/Radar_Bulletin_Deutschland-Oktober_2020_oeffentlich.pdf).

Afrikanische Schweinepest

In Deutschland wurde am 31. Oktober auch ein erster Fall von Afrikanischer Schweinepest in Sachsen gemeldet. Das Tier wurde im Rahmen einer Jagd erlegt und hatte keine Krankheitssymptome. Das Wildschwein wurde routinemäßig auf Afrikanische Schweinepest (ASP) untersucht. Der Fundort liegt in der Nähe der polnischen Grenze in der Oberlausitz, Landkreis Görlitz. Gesamthaft meldete das Friedrich-Löffler Institut bis zum 10.11.2020 142 ASP Fälle (Quellen: https://www.bmel.de/SharedDocs/Pressemitteilungen/DE/2020/217-erster-asp-fall-wildschwein-sachsen.html;jsessionid=5E36DEC2073503B69D8ADA52E925A947.internet2842; https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/afrikanische-schweinepest/).

Afrikanische Schweinepest im Baltikum, Belgien, Bulgarien, Deutschland, Griechenland, Moldawien, Polen, Rumänien, Serbien, Slowakei, Ukraine und Ungarn in 2020

Quelle: ADNS, TSN (Stand: 01.01.2020-10.11.2020)

(Angabe der Anzahl der gemeldeten Ausbrüche/Fälle vom 06.11.2020 – 10:15 Uhr in Klammern)

	Hausschweine		Wildschweine		Gesamt	
Belgien	0	(0)	3	(3)	3	(3)
Bulgarien	19	(19)	447	(447)	466	(466)
Deutschland	0	(0)	142	(128)	142	(128)
Estland	0	(0)	57	(57)	57	(57)
Griechenland	1	(1)	0	(0)	1	(1)
Lettland	3	(3)	254	(252)	257	(255)
Litauen	3	(3)	193	(192)	196	(195)
Moldawien	2	(2)	30	(30)	32	(32)
Polen	103	(103)	3.505	(3.498)	3.608	(3.601)
Rumänien	877	(870)	714	(712)	1.591	(1.582)
Serbien	15	(15)	41	(41)	56	(56)
Slowakei	17	(17)	210	(208)	227	(225)
Ukraine	18	(18)	4	(4)	22	(22)
Ungarn	0	(0)	3.665	(3.649)	3.665	(3.649)
Gesamt	**1.058**	**(1.051)**	**9.265**	**(9.221)**	**10.323**	**(10.272)**

HAMBURG

Influenza

In Hamburg wurden in der KW 44 drei weitere Influenza Infektionen, die einem Ausbruch in einer Familie zugehörig sind, gemeldet. Es handelt sich dabei um ein Kind im Alter von 2 Jahren und zwei Erwachsene (41 und 45 Jahre alt). Bei allen dreien handelt sich wieder um das Influenza A(H1N1)pdm09 Virus (Quelle SurvNet Abfrage, Stand 12.11.2020, 9.00 Uhr). Insgesamt sind für die Saison 2020/2021 bisher 5 Fälle in Hamburg mit diesem Erreger übermittelt worden, davon gehören vier Fälle zu dem zuvor genannten Ausbruch.

Übersicht der aktuellen Meldezahlen in Hamburg

Die folgenden Abbildungen 1 und 2 zeigen die Zahlen der registrierten meldepflichtigen Infektionskrankheiten und Erregernachweise für die Kalenderwochen 44 und 45 des Jahres 2020.

Abb. 1: Registrierte Erkrankungen in Hamburg 2020 (mit und ohne erfüllter Referenzdefinition), 44. KW (n=2.746) – vorläufige Angaben (logarithmisch dargestellt)

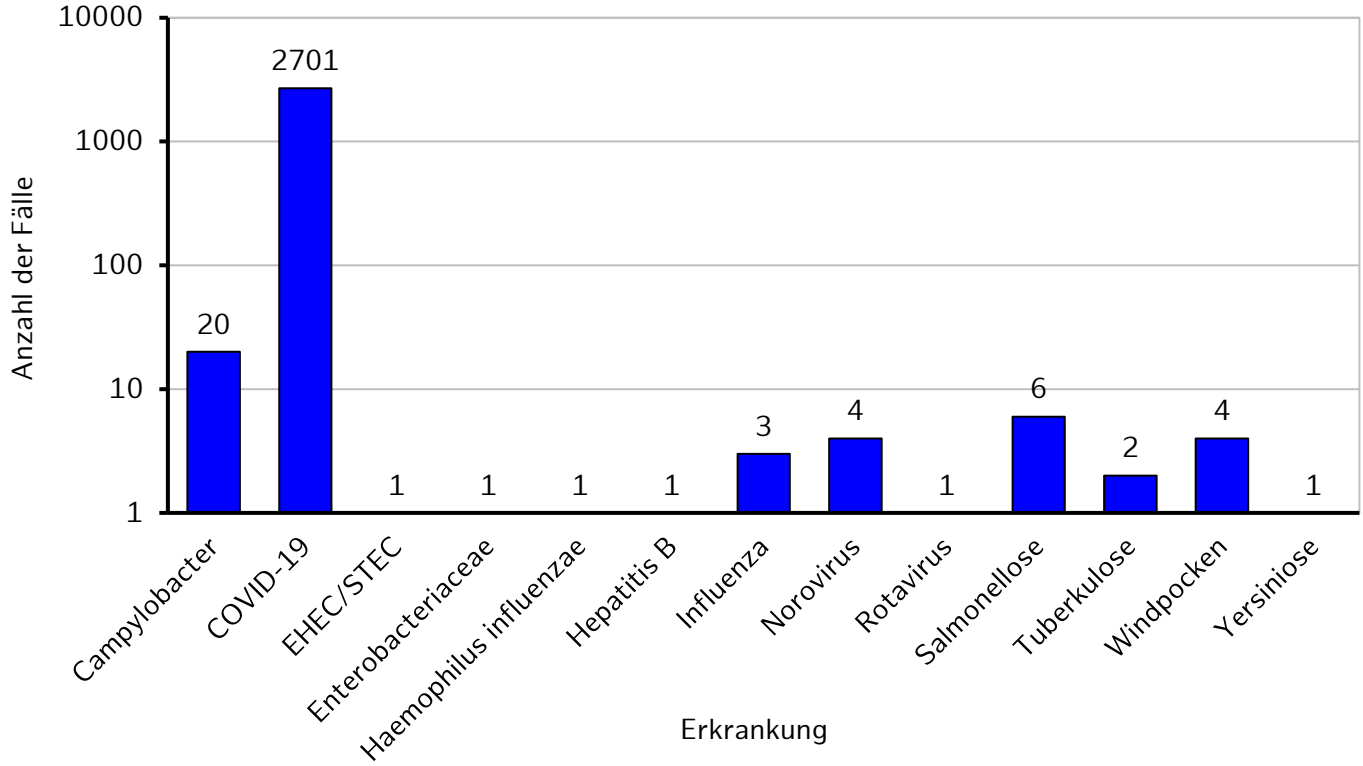
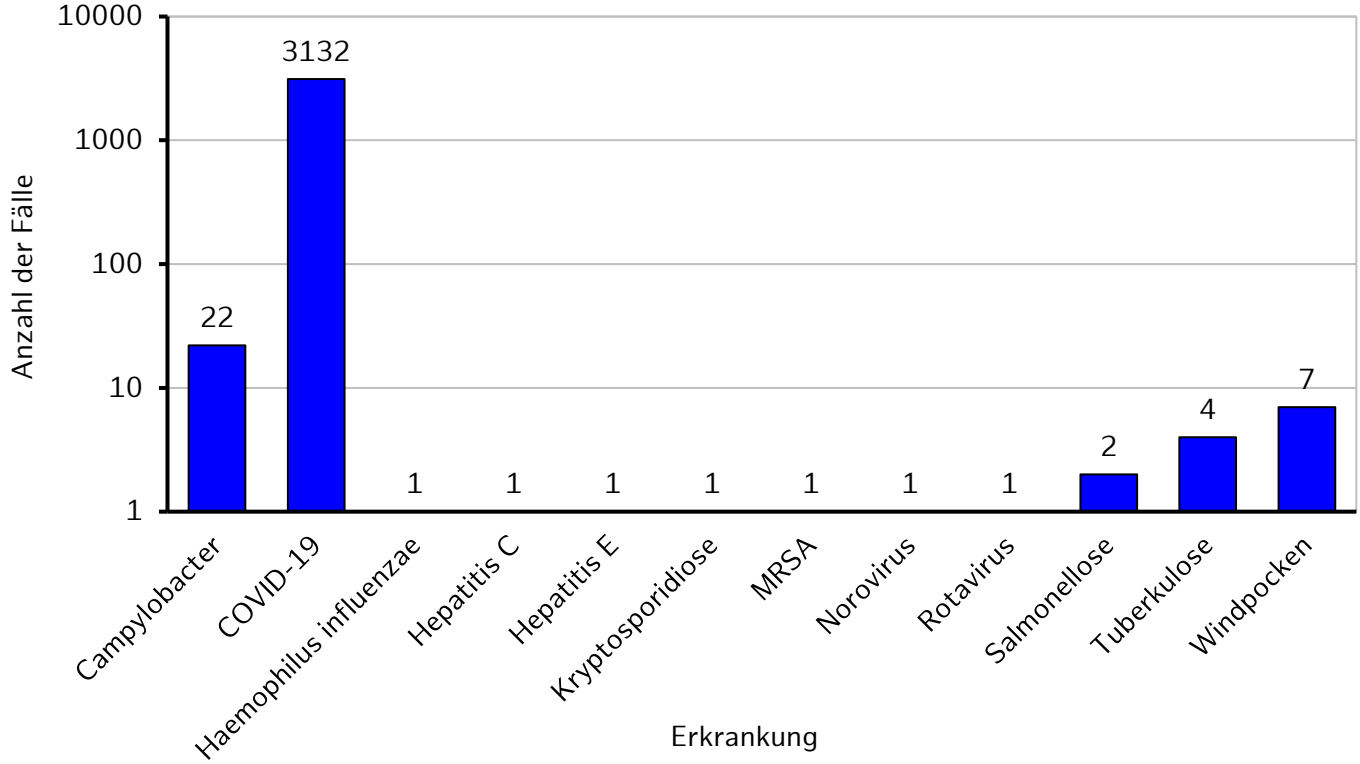


Abb. 2: Registrierte Erkrankungen in Hamburg 2020 (mit und ohne erfüllter Referenzdefinition), 45. KW (n=3.174) – vorläufige Angaben (logarithmisch dargestellt)



In der folgenden Tabelle 1 sind die Zahlen der registrierten meldepflichtigen Infektionskrankheiten und Erregernachweise mit erfüllter Referenzdefinition für die erste bis fünfundvierzigste Kalenderwoche des Jahres 2020 im Vergleich zum Vorjahr zusammengefasst.

Tab. 1: Anzahl in Hamburg registrierter Infektionskrankheiten mit erfüllter Referenzdefinition+, Kalenderwoche 1 bis 45 / 2020 (n=24.582) mit Vergleichszahlen aus dem entsprechenden Vorjahreszeitraum (n=11.057) – vorläufige Angaben.

Krankheit / Erreger	***Anzahl der Fälle***	
	2020 KW 1-45	***2019 KW 1-45***
COVID-19-Infektion	17951	0
Influenzavirus	3909	4756
Campylobacter-Infektion	917	1588
Norovirus-Infektion	443	1234
Windpocken	326	450
Tuberkulose	163	187
Rotavirus-Infektion	124	1190
Salmonellose	106	296
Hepatitis B	81	122
Hepatitis C	80	128
Keuchhusten	75	284
Giardiasis	66	171
Enterobacteriaceae	66	104
Hepatitis E	41	53

Tab. 1 ff:

EHEC/STEC	32	45
Adenovirus-Konjunktivitis	20	26
Kryptosporidiose	19	45
Yersiniose	19	26
Acinetobacter	18	31
MRSA	18	30
Hepatitis A	16	35
Legionellose	16	18
Haemophilus influenzae-Infektion	15	23
Mumps	14	11
Clostridiodes difficile-Infektion	12	21
Listeriose	12	12
Shigellose	7	59
Meningokokken-Erkrankung	4	12
Hämolytisch-urämisches Syndrom	4	3
Denguefieber	3	49
Hantavirus	1	3
Creutzfeldt-Jakob-Erkrankung	1	2
Typhus	1	2
Pneumokokken-Erkrankung	1	0
Masern	0	18
Leptospirose	0	8
Chikungunya-Fieber	0	5
Paratyphus	0	4
Hepatitis D	0	3
Trichinellose	0	1
Q-Fieber	0	1
Zikavirus-Infektion	0	1

+Fälle mit Einzelfallkontrolle durch das RKI erscheinen erst nach einigen Wochen in der kumulierten Tabelle.

Impressum

Herausgeber: Freie und Hansestadt Hamburg
Behörde für Umwelt, Klima, Energie und Agrarwirtschaft
Institut für Hygiene und Umwelt
Infektionsepidemiologisches Landeszentrum
Marckmannstraße 129a
20539 Hamburg
Tel.: 040 428 45-7961
https://www.hamburg.de/hu/epidemiologie

Redaktion: Dr. Anita Plenge-Bönig, MPH
PD Dr. Silja Bühler, MSc
Stefan Schneider

Nachdruck mit Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu gewerblichen Zwecken.