

Ausgabe 02/2021, 21. Januar 2021
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. Die Erhebung der Daten zur Covid-19 Impfung publiziert das RKI auf der folgenden Website:

https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Daten/Impfquoten-Tab.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, EUROPA und DEUTSCHLAND

Neue SARS-CoV-2 Varianten

Weiterhin ist die rasche Verbreitung der neuen Varianten des SARS-CoV-2 Virus besorgniserregend. Vertreter der neuen Varianten sind bereits in verschiedenen Ländern Kontinentaleuropas und weltweit identifiziert worden. Auch in Deutschland wurden dem Robert Koch-Institut bereits einige Infektionen mit den Varianten B.1.1.7 (UK) und B.1.351 (Südafrika) übermittelt. Es ist zu erwarten, dass hierzulande weitere Fälle bekannt und Ausbrüche durch die neuen Varianten verursacht werden. Bis heute sind keine Unterschiede bzgl. der Erkrankungsschwere für die neuen Varianten bekannt geworden; allerdings führen höhere Übertragungsraten zu höheren Fallzahlen, und somit zu einer größeren Anzahl an Menschen, die klinische Hilfe benötigen und hospitalisiert werden müssen. Dadurch kann es zu einer weiteren Strapazierung des Gesundheitssystems und zu mehr Todesfällen kommen.

(i) Variante, die zuerst im Vereinigten Königreich (UK) im September 2020 entdeckt wurde (VOC 202012/01, B.1.1.7-Linie, u.a. N501Y-, D614G-Mutationen im S-Protein).

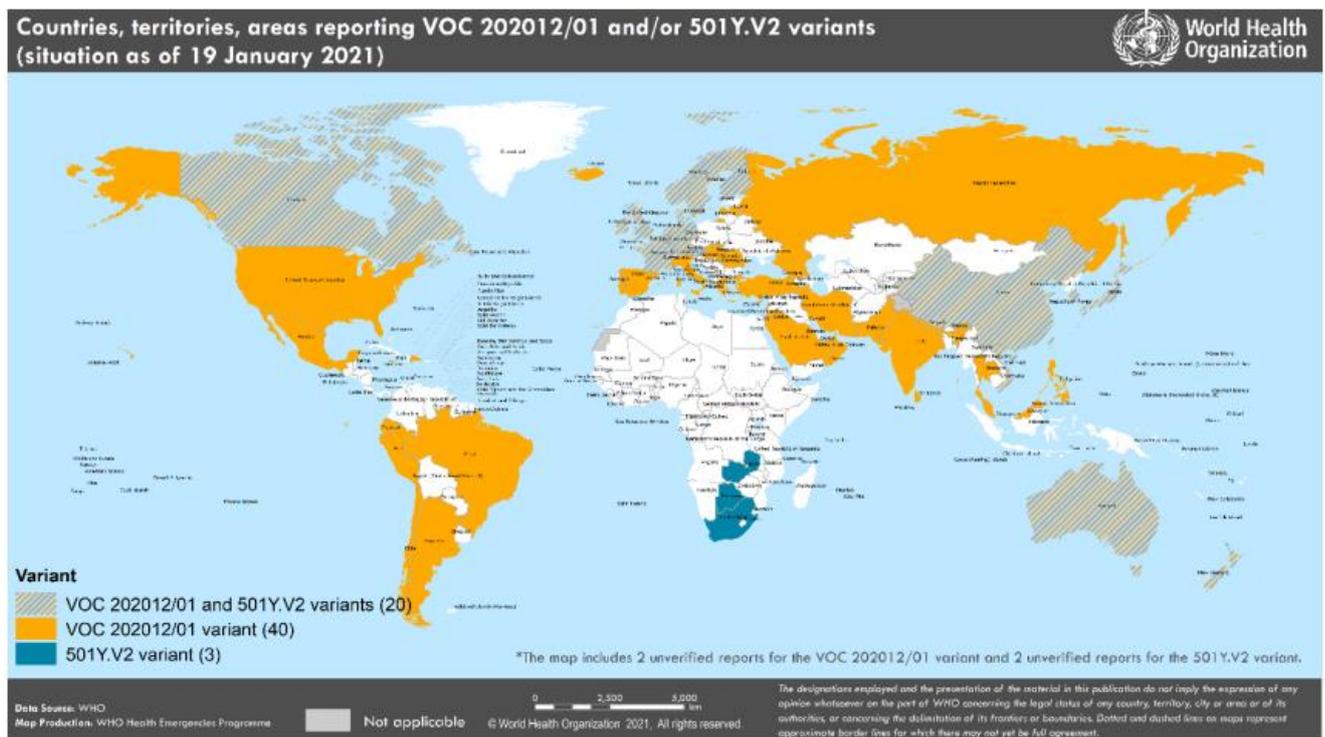
(ii) Variante, die zuerst in Südafrika im Oktober 2020 entdeckt wurde (501.V2, B.1.351-Linie, u.a. N501Y-, D614G-, E484K-Mutationen im S-Protein)

(iii) Variante aus Brasilien, die zuerst in Japan im Januar 2021 entdeckt wurde (P.1 bzw. B.1.1.28-Linie, u.a. N501Y-, E484K-, K417T-Mutationen im S-Protein). Über diese Variante wurde erstmalig am 10. Januar 2021 bei 4 in Japan aus Manaus, Brasilien, Einreisenden berichtet. Die Reisenden trafen in Japan am 2. Januar 2021 ein. Es existiert keine direkte genetische Verbindung zwischen der durch Japan gemeldeten Variante und den anderen beiden Varianten. Die gemeinsamen Mutationen scheinen sich unabhängig voneinander entwickelt zu haben.

(Quellen: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virusvariante_Großbritannien.html, <https://www.who.int/csr/don/31-december-2020-sars-cov2-variants/en/>, <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/communicable-disease-threat-report-16-jan-2021.pdf>)

Die allen drei Varianten gemeinsame **N501Y-Mutation** befindet sich an der Rezeptorbindungsstelle des Spike-Proteins und wird mit einer leichteren Übertragbarkeit des Virus in Verbindung gebracht. Die der südafrikanischen und brasilianischen Variante gemeinsame **E484K-Mutation** im Spike-Protein wird mit einem schlechteren Ansprechen auf Rekonvaleszenten-Sera und monoklonale Antikörper in Verbindung gebracht (Quellen: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.12.31.425021v1>; <https://elifesciences.org/articles/61312>, <https://www.cdc.gov/mmwr/volumes/70/wr/mm7003e2.htm>)

Figure 3. Countries, territories and areas reporting SARS-CoV-2 VOC 202012/01 and SARS-CoV-2 501Y.V2 variant as of 19 January 2021



Karte: Auftreten der neuen SARS-CoV-2 Varianten, Quelle: WHO Weekly epidemiological update, 19 January 2021
(Um zu dem WHO-Bericht zu gelangen, klicken Sie bitte auf das Bild)

Neutralisation von SARS-CoV-2 mit N501Y-Mutation durch Serum von BNT162b2 geimpfter Personen (in vitro Studie)

Serumproben von 20 Teilnehmenden einer Phase-3-Studie mit dem mRNA-basierten BioNTech/Pfizer COVID-19-Impfstoff BNT162b2 wurden in vitro mit SARS-CoV-2 getestet, die entweder die Wildtyp-N501 oder die mutierte N501Y-Mutation des Virus aufwiesen. Diese Aminosäure im Spike-Protein stellt ein wichtiges Ziel für virusneutralisierende Antikörper dar. In dieser In-vitro-Studie wurde das Virus sowohl mit als auch ohne diese Mutation durch die Seren von den 20 Teilnehmenden neutralisiert (Quellen: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.01.07.425740v1.full.pdf>; <https://www.pfizer.com/news/press-release/press-release-detail/vitro-study-shows-pfizer-biontech-covid-19-vaccine-elicits>)

Molekularbiologische Untersuchungen in Deutschland

Zirkulierende SARS-CoV-2-Viren werden auch in Deutschland zunehmend molekularbiologisch untersucht. Die Zahl der Genomsequenzierungen wird aktuell verstärkt, dies wurde in einer Verordnung des Bundesministeriums für Gesundheit geregelt. Ansprechpartner für Sequenzierungen ist das Konsiliarlabor für Coronaviren an der Berliner Charité (einen Überblick über aktuelle Sequenzen liefert u.a. die Internetseite des Konsiliarlabors: <https://civnb.info/sequences/>). Auch das Robert Koch-Institut führt Genomsequenzierungen durch, ebenso Universitätskliniken, Landeslabore oder entsprechend befähigte private Labore (Quelle: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virusvariante_Grossbritannien.html)

HAMBURG

Influenza

Seit Beginn der Influenzasaison in der 40. KW 2020 sind in Hamburg bis heute insgesamt 14 Fälle gemeldet worden, Todesfälle wurden nicht verzeichnet. Es handelte sich um 2 Infektionen mit Influenza A Virus, 5 Fälle mit Influenza A(H1N1)pdm09 Virus und 7 Fälle einer Infektion mit dem Influenza B Virus.

Übersicht der aktuellen Meldezahlen in Hamburg

Die folgenden Abbildungen 1 und 2 zeigen die Zahlen der registrierten meldepflichtigen Infektionskrankheiten und Erregernachweise für die Kalenderwochen 1 und 2 des Jahres 2021.

Abb. 1: Registrierte Erkrankungen in Hamburg 2021 (mit und ohne erfüllter Referenzdefinition), 1. KW (n=2.975) – vorläufige Angaben (logarithmisch dargestellt)

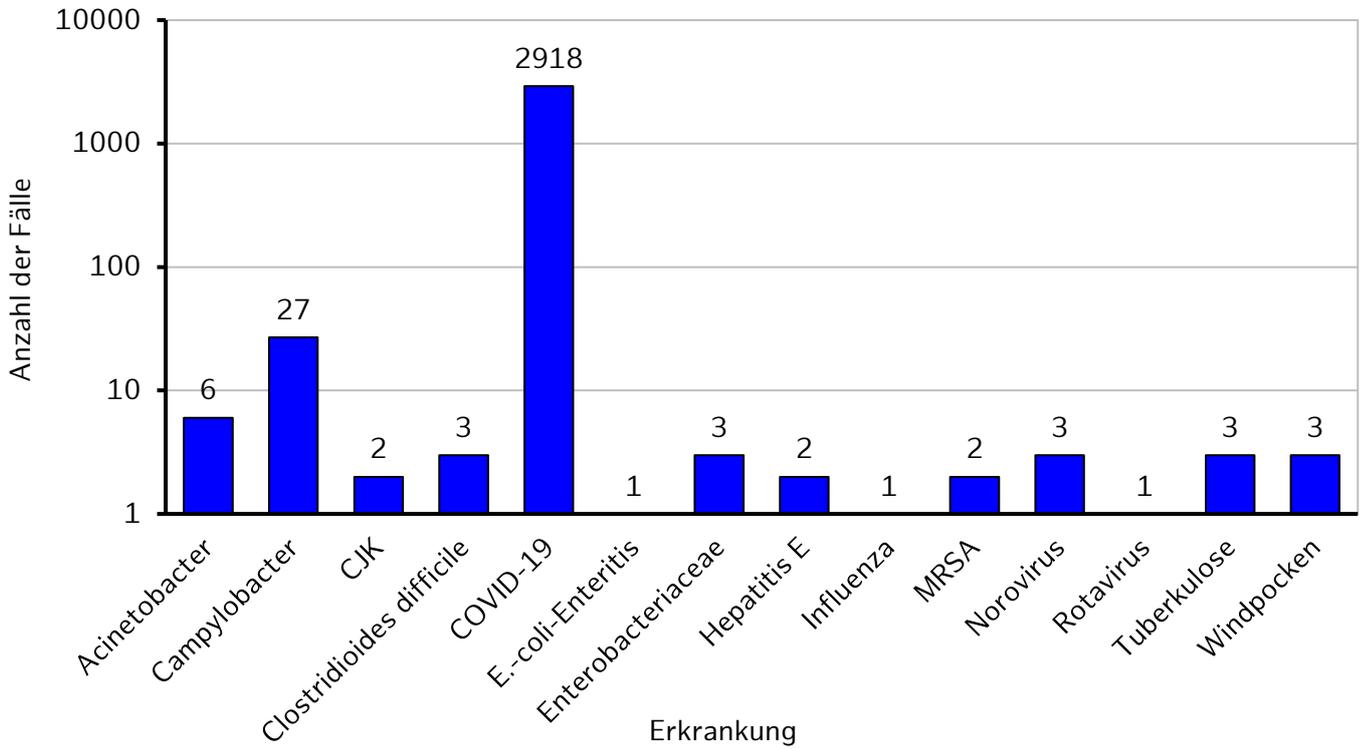
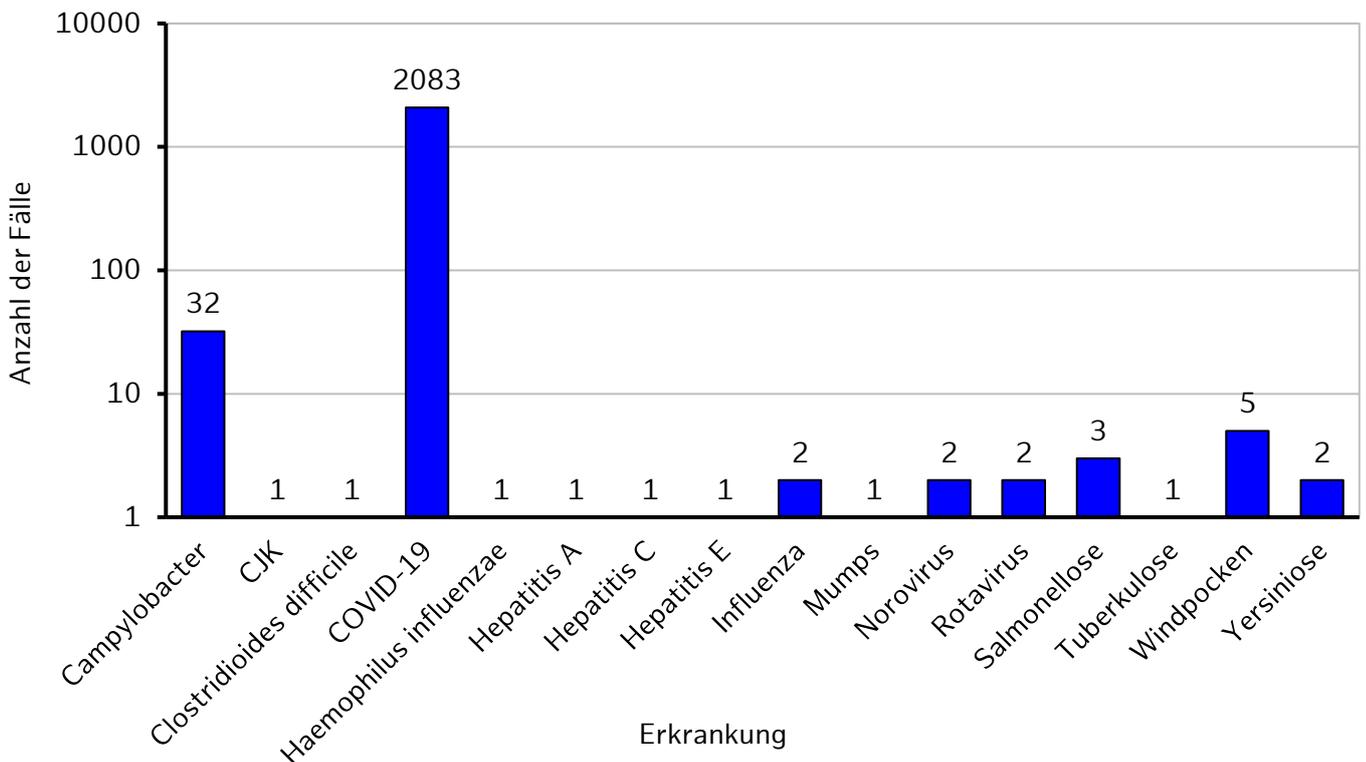


Abb. 2: Registrierte Erkrankungen in Hamburg 2021 (mit und ohne erfüllter Referenzdefinition), 2. KW (n=2.139) – vorläufige Angaben (logarithmisch dargestellt)



In der folgenden Tabelle 1 sind die Zahlen der registrierten meldepflichtigen Infektionskrankheiten und Erregernachweise mit erfüllter Referenzdefinition für die erste und zweite Kalenderwoche des Jahres 2021 im Vergleich zum Vorjahr zusammengefasst.

Tab. 1: Anzahl in Hamburg registrierter Infektionskrankheiten mit erfüllter Referenzdefinition⁺, Kalenderwoche 1 bis 2 / 2021 (n=5.039) mit Vergleichszahlen aus dem entsprechenden Vorjahreszeitraum (n=689) – vorläufige Angaben.

Krankheit / Erreger	Anzahl der Fälle	
	2021 KW 1-2	2020 KW 1-2
COVID-19-Infektion	4976	0
Campylobacter-Infektion	28	74
Acinetobacter	6	0
Windpocken	5	25
Tuberkulose	4	4
Influenzavirus	3	422
Norovirus-Infektion	3	115
<i>Enterobacteriaceae</i>	3	3
Salmonellose	2	3
MRSA	2	2
<i>Clostridioides difficile</i> -Infektion	2	1
Rotavirus-Infektion	1	5
Hepatitis C	1	4
Mumps	1	3
Hepatitis E	1	1
Hepatitis A	1	0
Keuchhusten	0	11
Adenovirus-Konjunktivitis	0	6
<i>Haemophilus influenzae</i> -Infektion	0	2
Hepatitis B	0	2
Giardiasis	0	2
Yersiniose	0	1
Denguefieber	0	1
Kryptosporidiose	0	1
Shigellose	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
 Dr. Kohelia Choudhury
 Stefan Schneider