

Ausgabe 07/2021, 1. April 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

Eine Übersicht sowie Empfehlungen des RKI zu besorgniserregenden SARS-CoV-2-Virusvarianten (VOC) finden Sie auf der folgenden Webseite: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Virusvariante.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>

DEUTSCHLAND

Hantavirus 2021

Bis zur Kalenderwoche 11/2021 bundesweit bereits 155 Hantavirus-Infektionen dem RKI gemeldet, deutlich mehr als in der entsprechenden Vorjahresperiode (43 Fälle). Es wird vermutet, dass die ansteigenden Fallzahlen durch eine hohe Verbreitung der Rötelmaus bedingt sind.

Die in Europa vorkommenden Hantaviren lassen sich zwei Gruppen zuordnen, der Hantaan-Gruppe und der Puumala-Gruppe. Zur Hantaan-Gruppe gehören u.a. das Hantaan-Virus und das Dobrava-Virus; zur Puumala-Gruppe unter anderem das Puumala-Virus, welches in Europa am häufigsten vorkommt. Ein weiteres in Deutschland vorkommendes Hantavirus – das Tulavirus (TULV) – ist nach heutigem Kenntnisstand für den Menschen nur selten pathogen.

Die Viren werden von infizierten Nagetieren über Speichel, Urin und Kot ausgeschieden. In Europa sind dies v. a. für Puumala-Infektionen die Rötelmaus und für Dobrava-Infektionen die Brand- und die Gelbhalsmaus. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt durch die Inhalation virushaltiger Aerosole (z. B.

bei Holzarbeiten, beim Reinigen von Kellern, Schuppen, Scheunen etc.), durch den Kontakt der verletzten Haut mit kontaminiertem Staub oder durch Bisse. Die Infektion führt in Abhängigkeit vom Virustyp zu verschiedenen schweren Krankheitsbildern bis hin zu lebensbedrohenden, fieberhaften Verläufen mit massiver Blutungsneigung. Typisch für die Infektion mit in Deutschland vorkommenden Hantaviren ist die Nierenbeteiligung. Im Jahr 2019 wurde bei der in Deutschland registrierten Infektionen in 97 % das Puumala-Virus und bei 1,7 % das Dobrava-Virus angegeben. Dabei wurde ein großer Anteil (39 %) der Dobrava-Virus-Fälle aus den Bundesländern Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein an das RKI übermittelt. Puumala-Virus-Infektionen wurden dagegen überwiegend (93 %) aus Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und Bayern übermittelt.

Die Dichte der Nagetierpopulationen, die das Reservoir für Hantaviren bilden, ist erheblichen jährlichen Schwankungen unterworfen. Eine Zunahme der Populationsdichte tritt in mehrjährigen Zyklen auf und wird u. a. durch klimatische Faktoren sowie das Nahrungsangebot (Buchenmast im jeweiligen Vorjahr) beeinflusst (Quellen: RKI - Epidemiologisches Bulletin 12/2021, erschienen 25.3.2021; RKI - Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2019).

Tulavirus

Erstmalig wurde das Tulavirus als Ursache einer Hantaviruserkrankung bei einem Patienten in Deutschland festgestellt. Bei einem aus der Nähe von Hamburg stammenden 21-jährigen immunkompetenten Mann wurde mit einem molekularen Nachweis eine Tulavirus Infektion diagnostiziert. Bei dem Sanitärtechniker und Heizungsinstallateur waren keine Vorerkrankungen bekannt. Der Patient war aufgrund von Fieber, Übelkeit, starker Kopfschmerzen, Bauchschmerzen und Gliederschmerzen hospitalisiert worden und entwickelte labordiagnostisch eine Thrombozytopenie sowie Hinweise auf ein akutes Nierenversagen. Die serologischen Untersuchungen bestätigten den Verdacht einer Hantaviruserkrankung, erlaubten aber nicht die Identifikation des erkrankungsauslösenden Virus. Eine anschließende molekulare Analyse durch das Konsiliarlabor für Hantaviren der Charité führte zum erstmaligen molekularen Nachweis einer Tulavirusinfektion bei einem Patienten in Deutschland. Das mit dem Puumalavirus eng verwandte Tulavirus kommt in allen Teilen Deutschlands vor. Der Hauptreservoirwirt des Tulavirus ist die Feldmaus, ein bedeutender Schädling in Land- und Forstwirtschaft, der wie die Rötelmaus Massenvermehrungszyklen zeigt.

(Quellen: Hofmann et al. Tula Virus as Causative Agent of Hantavirus Disease in Immunocompetent Person, Germany, Emerg. Inf. Dis. 27, 4, April 2021; Pressemitteilung Friedrich-Loeffler-Institut, 26.3.2021).

Aviäre Influenza

In Deutschland sind seit dem 30.10.2020 etwa 1.000 HPAIV (**Hoch Pathogene Aviäre Influenza Viren**) H5-Fälle bei Wildvögeln und 133 Ausbrüche bei Geflügel, davon sechs bei gehaltenen Vögeln in Tierparks oder ähnlichen Einrichtungen, festgestellt worden. Seit Ende Februar sind die Fälle bei Wildvögeln erneut angestiegen, wobei aktuell überwiegend Schwäne und Gänse (Grau- und Kanadagänse) von Todesfällen betroffen sind. Außerdem meldet weiterhin eine Vielzahl europäischer Länder täglich Wildvogelfälle bzw. Ausbrüche von HPAIV des Subtyps H5 bei gehaltenen Vögeln. Vierzehn Bundesländer sind

bisher betroffen (hier in chronologischer Reihenfolge des Auftretens von Fällen): Schleswig-Holstein, Hamburg, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Brandenburg, Bremen, Sachsen, Nordrhein-Westfalen, Bayern, Berlin, Hessen, Baden-Württemberg, Thüringen und Rheinland-Pfalz. Die Daten weisen auf ein überregionales Geschehen hin, welches sich geografisch von Norddeutschland in südlicher Richtung ausgeweitet hat.

Dabei verteilen sich die HPAIV H5 Subtypen der Klade 2.3.4.4B seit 01.10.2020 in Deutschland bei Wildvögeln wie folgt:

Subtyp (Reassortante)	Anteil	Betroffene Vogelarten oder -gruppen
H5N8	91%	Enten, Gänse, Schwäne aller Arten, Greifvögel, Eulen, Möwen, Reiher, Austernfischer, Kiebitz, Regenbrachvogel, Großer Brachvogel, Sichelstrandläufer, Rabenvögel
H5N3	4%	Knutt, Großer Brachvogel, Wanderfalke
H5N5	3%	Eiderente, Pfeifente, Stockente, Kanadagans, Nonnengans, Saatkans, Bussard, Lach- und Silbermöwe, Höckerschwan, Krähe
H5N4	1%	Reiherente, Gänse, Wanderfalke, Silbermöwe, Schwäne
H5N1	1%	Nonnengans, Gans, Schwan

In **Hamburg** wurden Infektionen bei Schwänen, Gänsen, einem Wanderfalken, einem Bussard und Möwen an den folgenden Gewässern nachgewiesen: Stadtparksee, Öjendorfer See, Dove Elbe, Alster, Osterbekkanal.

Bei HPAIV besteht immer die Möglichkeit einer Änderung der Eigenschaften, u.a. auch des Wirtsspektrums. Zudem können bei einer hohen Viruslast, wie sie in betroffenen Geflügelhaltungen zu erwarten ist, sporadische Übertragungen auf Menschen nicht ausgeschlossen werden. So teilten am 19.02.2021 russische Behörden mit, dass bei sieben Mitarbeitern eines Geflügelmastbetriebes weltweit erstmals retrospektiv Infektionen mit HPAIV des Subtyps H5N8 festgestellt wurden. Die Infektionen fanden bereits im Dezember 2020 statt, den Betroffenen geht es laut Behördenangaben gut. Eine Weiterverbreitung von Mensch zu Mensch wurde nicht beobachtet.

Infizierte Vögel scheiden aviäre Influenza Viren über den Speichel, die Schleimdrüsen, und den Kot aus. Zu Übertragungen auf den Menschen kann es kommen, wenn eine ausreichende Virusmenge in Augen, Nase, oder Mund gerät oder eingeatmet wird. Über eine Weiterverbreitung von Mensch zu Mensch wurde weltweit bisher sehr selten berichtet. In den seltenen Fällen einer Mensch-zu-Mensch-Übertragung war die Anzahl der Übertragungen gering, ineffizient und nicht anhaltend. Wegen der Möglichkeit einer Veränderung des aviären Influenza Virus mit einer besseren zwischenmenschlichen Übertragbarkeit müssen humane Infektionen eng beobachtet werden. Veränderungen mit dem Potential für pandemische Varianten könnten durch direkte Veränderungen von aviären Influenza Viren zustande kommen oder durch eine Rekombination von aviären Influenza Viren mit humanpathogenen Influenza Viren/ Influenza Viren, die andere Tiere befallen.

Ein sporadisches Überspringen des HPAIV H5-Virus auf Säugetiere wurde auch aus dem Vereinigten Königreich berichtet, wo ein Fuchs, eine Kegelrobbe und 4 Seehunde von einer HPAIV H5N8-Infektion betroffen waren. Trotz des umfangreichen und nach wie vor aktiven Geschehens bei Geflügel und Wildvögeln liegen bisher keine weiteren Hinweise auf humane Infektionen oder natürliche Infektionen bei Säugetieren in Deutschland vor (Quellen: Friedrich-Loeffler-Institut: Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland, 26.3.2021 https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00036488/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5N8_2021-03-25-bf.pdf, <https://www.who.int/csr/don/26-feb-2021-influenza-a-russian-federation/en/>, accessed 01 April 2021; <https://www.cdc.gov/flu/avianflu/avian-in-humans.htm>, accessed 01 April 2021, <https://www.ecdc.europa.eu/en/avian-influenza-humans/facts>, accessed 01 April 2021).

Influenza

Die Rate der akuten Atemwegserkrankungen (ARE) liegt weiterhin unter den Werten der Vorsaisons auf einem extrem niedrigen Niveau. Im ambulanten Bereich (Arbeitsgemeinschaft Influenza) wurden in der 12. KW 2021 insgesamt etwas mehr Arztbesuche wegen ARE im Vergleich zur Vorwoche registriert, die Werte befinden sich in der 12. KW weiterhin deutlich unter den Vorjahreswerten um diese Zeit. Im Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Influenzaviren wurden in der 12. KW 2021 insgesamt 149 (54 %) der 276 eingesandten Sentinelproben respiratorische Viren identifiziert, darunter 98 (36 %) mit Rhinoviren, 42 (15 %) mit humanen saisonalen Coronaviren, zwölf (4 %) mit SARS-CoV-2 und drei (1 %) mit Parainfluenzaviren. Influenzaviren wurden nicht nachgewiesen.

Im Rahmen der ICD-10-Code basierten Krankenhaussurveillance schwerer akuter respiratorischer Infektionen (ICOSARI) lagen validierte Daten bis zur 11. KW 2021 vor. Die Zahl stationär behandelte Fälle mit akuten respiratorischen Infektionen (SARI-Fälle) ist in der 11. KW 2021 weiter angestiegen. Der Anteil an COVID-19-Erkrankungen bei SARI-Fällen bewegt sich seit einigen Wochen um die 50 %, in der 11. KW 2021 lag der Anteil bei 53 %. Für die 12. Meldewoche (MW) 2021 wurden nach Infektionsschutzgesetz (IfSG) bislang zehn laboridiagnostisch bestätigte Influenzafälle an das Robert Koch-Institut übermittelt (Quelle: RKI - Influenza-Wochenbericht KW 12, Datenstand: 30.3.2021).

HAMBURG

Influenza (aktualisiert)

In Hamburg wurden für die 11. MW keine und für die 12. MW ein neuer laboridiagnostisch bestätigter Influenzafall gemeldet. Seit Beginn der Influenzasaison in der 40. KW 2020 sind in Hamburg bis heute insgesamt 19 Fälle mit erfüllter Referenzdefinition gemeldet worden. Es handelte sich um 4 Infektionen mit Influenza A Virus, 5 Fälle mit Influenza A(H1N1)pdm09 Virus und 10 Fälle einer Infektion mit dem Influenza B Virus. In der bisherigen Saison ist ein Todesfall aufgrund des Influenzavirus zu verzeichnen (im gleichen Vorjahrzeitraum waren es 11 Todesfälle). In Hamburg befindet sich die Influenza-Aktivität weiterhin auf einem nie erreichten niedrigen Niveau.

Übersicht der aktuellen Meldezahlen in Hamburg

Die folgenden Abbildungen 1 und 2 zeigen die Zahlen der registrierten meldepflichtigen Infektionskrankheiten und Erregernachweise für die Kalenderwochen 11 und 12 des Jahres 2021.

Abb. 1: Registrierte Erkrankungen in Hamburg 2021 (mit und ohne erfüllter Referenzdefinition), 11. KW (n=2.271) – vorläufige Angaben (logarithmisch dargestellt)

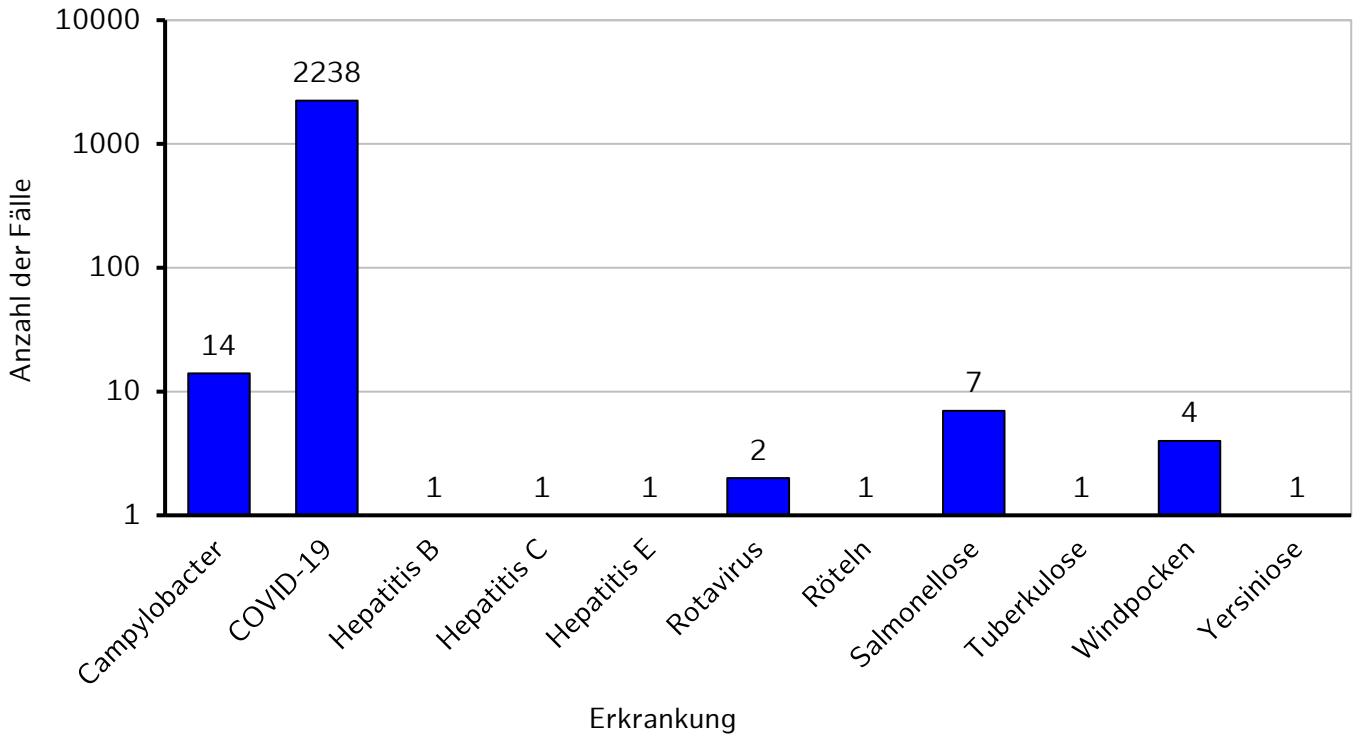
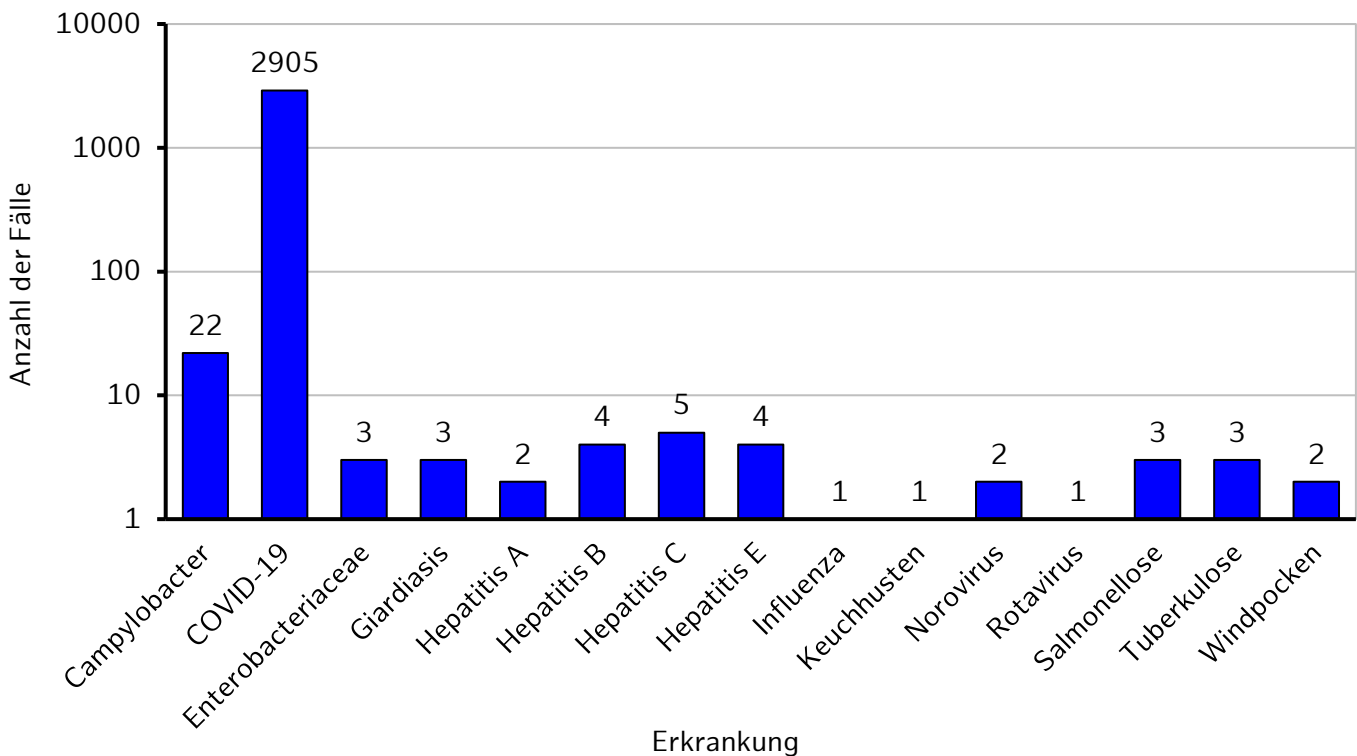


Abb. 2: Registrierte Erkrankungen in Hamburg 2021 (mit und ohne erfüllter Referenzdefinition), 12. KW (n=2.961) – vorläufige Angaben (logarithmisch dargestellt)



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

Tab. 1: Anzahl in Hamburg registrierter Infektionskrankheiten mit erfüllter Referenzdefinition⁺, Kalenderwoche 1 bis 12 / 2021 (n=17.552) mit Vergleichszahlen aus dem entsprechenden Vorjahreszeitraum (n=4.408) – vorläufige Angaben.

Krankheit / Erreger	Anzahl der Fälle	
	2021 KW 1-12	2020 KW 1-12
COVID-19-Infektion	22236	1274
Campylobacter-Infektion	184	272
Tuberkulose	40	42
Windpocken	34	171
Hepatitis B	34	32
Salmonellose	29	36
Hepatitis C	19	25
Rotavirus-Infektion	17	73
Norovirus-Infektion	16	345
Giardiasis	10	21
Hepatitis E	9	10
<i>Enterobacteriaceae</i>	8	22
Influenzavirus	7	3670
Yersiniose	7	5
MRSA	6	7
Acinetobacter	6	3
Keuchhusten	5	49
<i>Clostridiodes difficile</i> -Infektion	5	3
<i>Haemophilus influenzae</i> -Infektion	3	12
Hepatitis A	3	4
Kryptosporidiose	2	6
Masern	2	0
Mumps	1	12
Listeriose	1	3
Hepatitis D	1	0
Adenovirus-Konjunktivitis	0	17
EHEC/STEC	0	6
Shigellose	0	6
Legionellose	0	6
hämolytisch-urämisches Syndrom	0	2
Meningokokken-Erkrankung	0	2
Denguefieber	0	2
Typhus	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

Nachdruck mit Quellenangabe gestattet, jedoch nicht zu gewerblichen Zwecken.