

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland



In Deutschland sind seit dem 30.10.2020 ca. 400 HPAIV H5-Fälle bei Wildvögeln und 12 Ausbrüche bei Geflügel vorwiegend in den Küstenregionen festgestellt worden. Außerdem meldeten das Vereinigte Königreich, die Niederlande, Frankreich (u.a. Korsika), Dänemark, Irland, Belgien, Spanien, Italien, Norwegen, Schweden, Polen, Slowenien und Kroatien Wildvogelfälle bzw. Ausbrüche von HPAI des Subtyps H5 bei Geflügel. Das Risiko der Ausbreitung in Wasservogelpopulationen und des Eintrags in Geflügelhaltungen und Vogelbestände in zoologischen Einrichtungen wird als *hoch* eingestuft. Überwachungsmaßnahmen hinsichtlich toter oder kranker Wildvögel sollten unverzüglich weiter intensiviert sowie die Biosicherheit in den Geflügelhaltungen 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 18.11.2020 wurde über das HPAIV H5 Geschehen in Deutschland und Europa berichtet. Aktualisierungen sind in gelb markiert.

Lage in Deutschland

Seit dem 30.10.2020 werden täglich HPAIV H5-infizierte, vorwiegend tot aufgefundene Wildvögel an das Tierseuchennachrichtensystem (TSN) gemeldet. Die Nachweise stammen nach wie vor überwiegend aus Schleswig-Holstein (n=266), gefolgt von Niedersachsen (n=53), Mecklenburg-Vorpommern (n=36), Bayern (n=13), Hamburg (n=11), Brandenburg (n=4), Nordrhein-Westfalen (n=2), Bremen (n=2), Berlin und Sachsen mit je einem Nachweis bei Wildvögeln (Stand: 04.12.2020; Abbildung 1, Tabelle 1). Die Daten weisen auf ein starkes überregionales Geschehen in der Wildvogelpopulation hin.

Es zirkulieren überwiegend zwei Virussubtypen: HPAIV H5N8 und, weit weniger häufig vertreten, HPAIV H5N5. In Einzelfällen wurde eine Doppelinfektion bei einer Pfeifente (H5N8+H5N1) und einem Seeadler (H5N8+H5N5) nachgewiesen.

Bei Wildvögeln wird HPAIV H5 am häufigsten in Proben von verendeten Nonnengänsen, Pfeifenten und anderen Gänsearten nachgewiesen. Nach Angabe der Nationalparkverwaltung Schleswig-Holsteinisches Wattenmeer wurden im Bereich der Wattenmeerküste (überwiegend Kreis Nordfriesland, 94%) seit dem 25.10. knapp 11.000 tote Wat- und Wasservögel (Nonnengänse, ca. 61%, und Pfeifenten, ca. 14%) registriert. Es mehren sich allerdings auch Fälle bei Möwen, Eulen- und Greifvögeln einschließlich einzelner Seeadler und Uhus sowie europaweit auffällig häufig bei Wanderfalken (Tabelle 2). Allerdings wurde HPAIV H5N5/N8 nicht nur bei toten, sondern auch bei 35 klinisch gesund beprobten Enten und Gänsen bzw. in Kotproben dieser Vögel nachgewiesen.

Seit HPAIV H5N8 zu einem ersten Ausbruch bei Geflügel auf Langeneß in Nordfriesland geführt hat (04.11.2020), wurden weitere 11 Ausbrüche bei Geflügel in Schleswig-Holstein (n=5), Mecklenburg-Vorpommern (n=6) und Niedersachsen (n=1) gemeldet, darunter befinden sich auch 4 große kommerzielle Geflügelhaltungen (Abbildung 1, Tabelle 3).

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

Tabelle 1: Bestätigte HPAIV H5 Fälle bei Wildvögeln seit 01.10.2020 in Deutschland nach Bundesland und Kreis. Quelle: TSN (Stand 04.12.2020)

Bundesland	Kreis	Anzahl H5-positiver Vögel
Berlin		1
Brandenburg	Ostprignitz-Ruppin	1
	Prignitz	2
	Havelland	1
Bayern	Passau	13
Bremen		2
Hamburg		11
Mecklenburg-Vorpommern	Nordwestmecklenburg	1
	Vorpommern-Greifswald	4
	Vorpommern-Rügen	31
Niedersachsen	Aurich	16
	Cloppenburg	1
	Cuxhaven	2
	Diepholz	1
	Emden	2
	Friesland	5
	Hannover	1
	Harburg	1
	Leer	5
	Nienburg a.d. Weser	1
	Oldenburg	1
	Stade	3
	Verden	1
	Wesermarsch	5
	Wilhelmshaven	7
	Wittmund	1
Nordrhein-Westfalen	Kleve	2
Schleswig-Holstein	Dithmarschen	83
	Herzogtum Lauenburg	2
	Neumünster	1
	Nordfriesland	139
	Ostholstein	2
	Pinneberg	3
	Plön	1
	Rendsburg-Eckernförde	13
	Schleswig-Flensburg	5
	Segeberg	3
	Steinburg	13
	Stormarn	1
Sachsen	Nordsachsen	1

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

Tabelle 2: Anzahl bestätigter HPAIV H5 Nachweise bei Wildvögeln seit 01. 10.2020 in Deutschland nach Vogelart. Quelle: TSN (Stand 04.12.2020)

Vogelart	Anzahl H5-positiver Nachweise
Nonnengans (<i>Branta leucopsis</i>)	140
k.A.	101
Pfeifente (<i>Mareca penelope</i>)	32
Graugans (<i>Anser anser</i>)	17
Stockente (<i>Anas platyrhynchos</i>)	16
Mäusebussard (<i>Buteo buteo</i>)	14
Silbermöwe (<i>Larus argentatus</i>)	10
Großer Brachvogel (<i>Numenius arquata</i>)	9
Bussard (<i>Buteo spp</i>)	6
Wanderfalke (<i>Falco peregrinus</i>)	5
Lachmöwe (<i>Larus ridibundus</i>)	5
Saatgans (<i>Anser fabalis</i>)	4
Uhu (<i>Bubo bubo</i>)	4
Turmfalke (<i>Falco tinnunculus</i>)	4
Mantelmöwe (<i>Larus marinus</i>)	3
Kanadagans (<i>Branta canadensis</i>)	2
Ringelgans (<i>Branta bernicla</i>)	2
Kranich (<i>Grus grus</i>)	2
Blesshuhn (<i>Fulica atra</i>)	1
Krickente (<i>Anas crecca</i>)	1
Sperber (<i>Accipiter nisus</i>)	1
Seeadler (<i>Haliaeetus albicilla</i>)	1
Sichelstrandläufer (<i>Calidris ferruginea</i>)	1
Raubmöwe (<i>Stercorarius</i>)	1
Waldkauz (<i>Strix aluco</i>)	1
Eiderente (<i>Somateria mollissima</i>)	1
Höckerschwan (<i>Cygnus olor</i>)	2
Blessgans (<i>Anser albifrons</i>)	1
Austernfischer (<i>Haematopus ostralegus</i>)	1
Möwe (<i>Larus spp.</i>)	1
Gesamtergebnis	389

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

Tabelle 3: Bestätigte HPAIV H5-Ausbrüche bei Geflügel seit 01.10.2020 in Deutschland. Quelle: TSN/ADNS (03.12.2020)

Bundesland	Kreis	Betroffene Geflügelart	Nutzungsrichtung	Anzahl gehaltener Tiere	Datum Feststellung
Mecklenburg-Vorpommern	Vorpommern-Rügen	Huhn/Gans	Gemischt/Hobby	167	10.11.2020
	Vorpommern-Rügen	Pute	Mast	16.100	16.11.2020
	Vorpommern-Rügen	Huhn	Gemischt/Hobby	257	12.11.2020
	Landkreis Rostock	Huhn	Eiererzeugung	3.002	15.11.2020
	Landkreis Rostock	Huhn	Eiererzeugung	52.891	16.11.2020
	Mecklenburgische Seenplatte	Huhn	Eiererzeugung	28.808	01.12.2020
Niedersachsen	Aurich	Huhn	Gemischt/Hobby	43	17.11.2020
Schleswig-Holstein	Nordfriesland	Huhn	Hobby	68	04.11.2020
	Segeberg	Huhn	Gemischt/Hobby	167	09.11.2020
	Nordfriesland	Gans	Mast	1.236	16.11.2020
	Nordfriesland	Gans	Mast	661	19.11.2020
	Dithmarschen	Gans	Zucht	659	24.11.2020

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

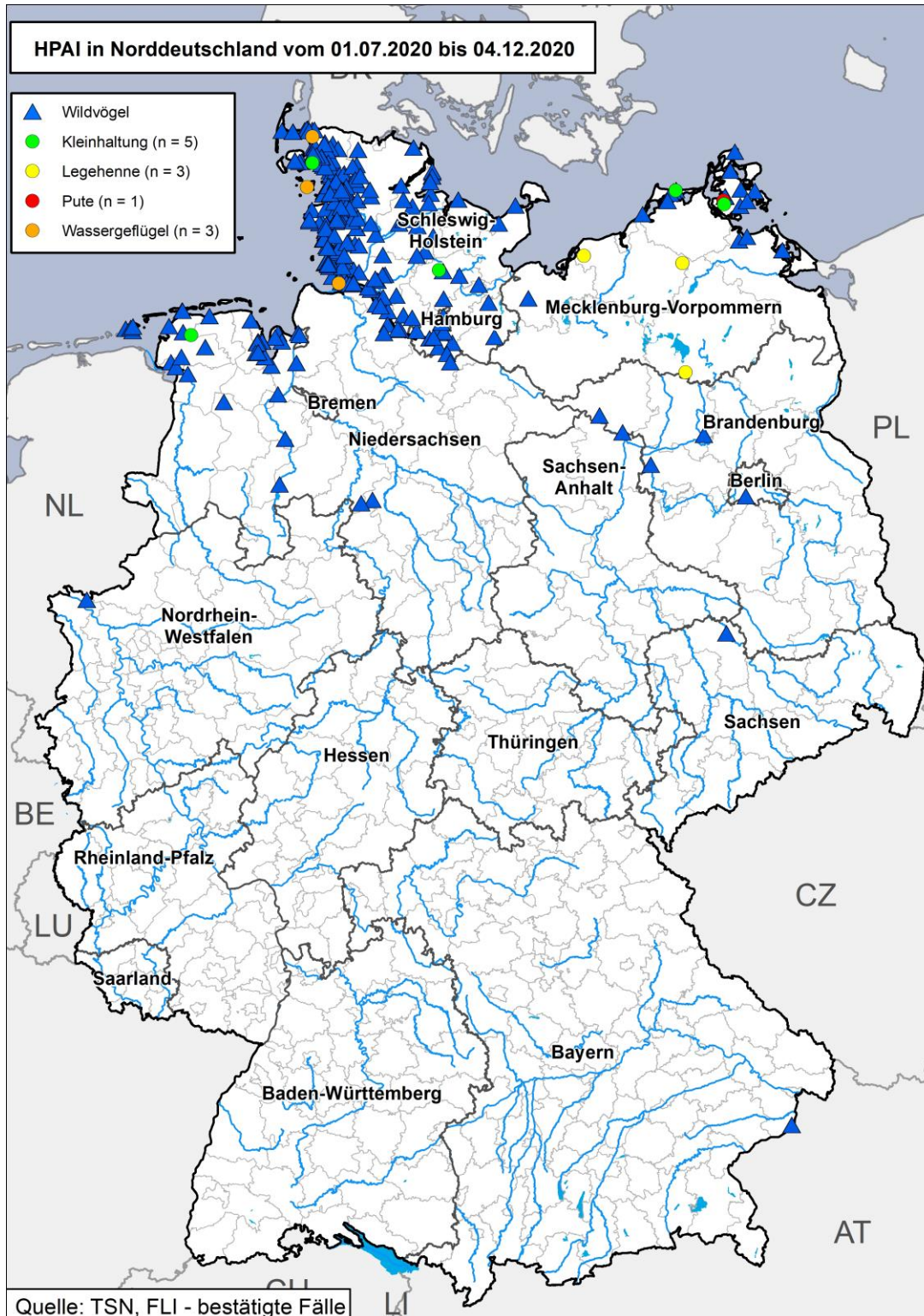


Abbildung 1: HPAIV H5-Ausbrüche bei Geflügel und Fälle bei Wildvögeln in Deutschland, die seit 01. Oktober 2020 an TSN gemeldet wurden. (Stand: 04.12.2020). Symbole: Siehe Legende.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

Lage in Europa (Abbildung 2)

Seit dem 23.10. meldeten die Niederlande HPAIV H5N8/H5N1/H5N5-Fälle bei 100 meist tot aufgefundenen Wasser- und Greifvögeln. Neben Ausbrüchen bei gehaltenen Vögeln in 7 Zoos wurden seit dem 29.10. sechs HPAI Ausbrüche bei Geflügel bekannt. Die Tierverluste betragen über 400.000 Vögel.

Das Vereinigte Königreich meldete seit dem 2.11. insgesamt 4 Ausbrüche bei Geflügel sowie Dutzende Fälle von HPAIV H5N8/H5N1 bei Trauerschwänen, Kanada- und Graugänsen sowie ein Ausbruch bei gehaltenen Vögeln eines Naturparks.

Bei 8 verendeten Vögeln, darunter 3 Wanderfalken in Irland wurde HPAIV H5N8 nachgewiesen.

In Dänemark wurde am 16.11. ein HPAIV H5N8 Ausbruch bei Geflügel mit 25.000 Legehennen gemeldet. Außerdem wurde HPAIV H5N8/H5N5 bei 68 tot aufgefundenen Wildvögeln, überwiegend Nonnengänse, festgestellt.

Zwischen dem 16. und 25.11.2020 meldete Frankreich 7 Ausbrüche von HPAIV H5N8 bei gehaltenen Vögeln auf Korsika und einen Ausbruch bei Geflügel westlich von Paris.

Belgien meldet seit dem 13.11. einen HPAIV H5N5-Ausbruch bei Geflügel und 10 HPAIV H5N8-Fälle bei wilden Gänsen, Schwänen, einer Elster und Möwen.

In Schweden wurde HPAIV H5N8 bei Mastputen sowie zwei Wildvögeln nachgewiesen.

Auch Norwegen, Slowenien und Spanien meldeten Ende November HPAIV H5 Fälle bei einem Wanderfalken, zwei Schwänen, zwei Kurzschnabelgänsen und einer Möwe.

Weiterhin wurde HPAIV H5 bei 13 Stock- und Pfeifenten nachgewiesen, die Mitte November in Italien gesund erlegt wurden.

In Westpolen musste eine Geflügelhaltung mit fast 1 Million Legehennen nach dem Auftreten von HPAIV H5N8 am 24.11.2020 geräumt werden. Außerdem wurde am 03.12.2020 ein weiterer Ausbruch bei Mastputen im Osten des Landes gemeldet.

Nach der Bestätigung eines Ausbruchs von HPAIV H5N8 bei Geflügel am 21.11.2020 in Kroatien mussten dort 70.000 Puten getötet werden.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

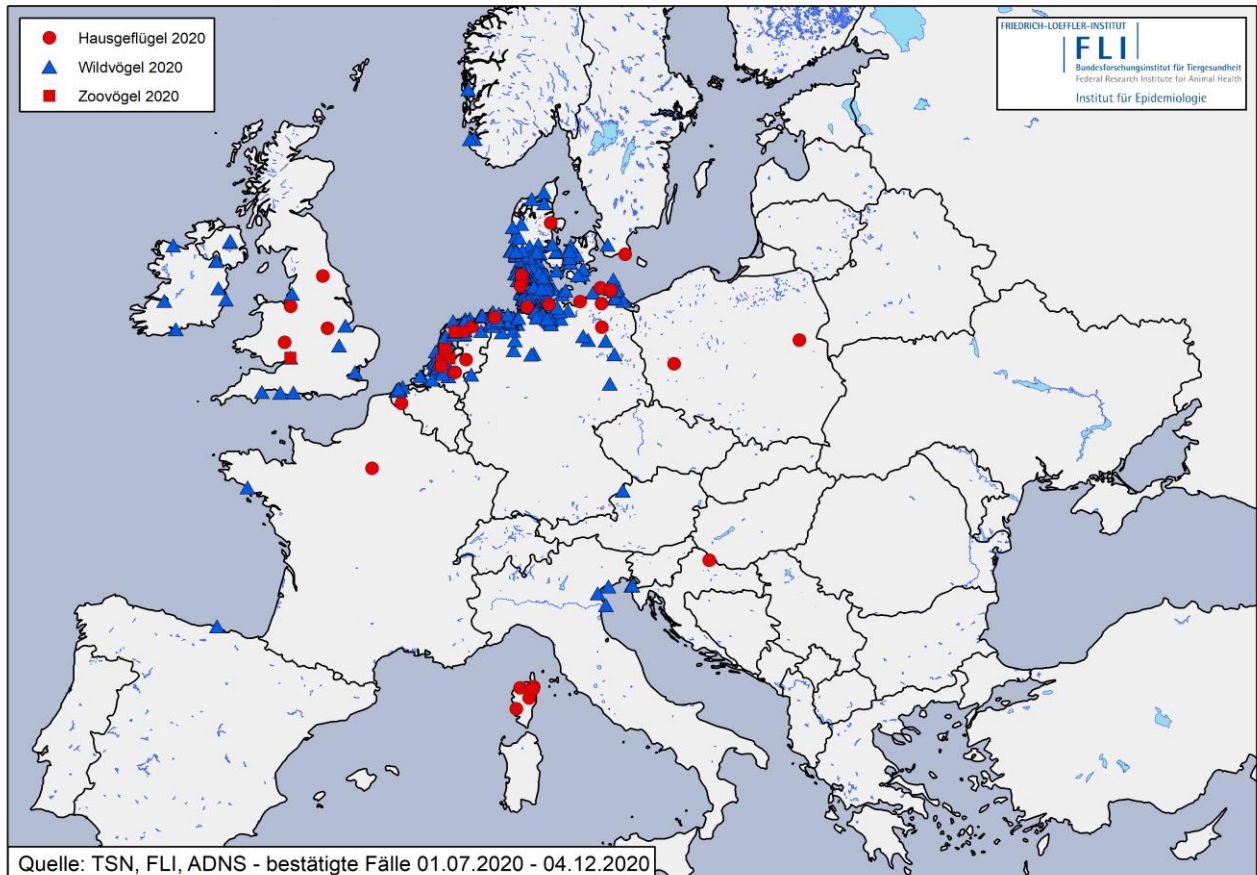


Abbildung 2: HPAIV H5-Ausbrüche bei Geflügel und Fälle bei Wildvögeln in Europa, die seit 01. Oktober 2020 an ADNS und TSN gemeldet wurden. (Stand: 04.12.2020). Symbole: Siehe Legende.

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 Vereinigten Königreich, Irland, Dänemark, Belgien, Schweden 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 Südeuropa, Korsika, bekannt. Anschließend meldeten auch Italien, Spanien, Kroatien, Slowenien und Polen Ausbrüche bei Geflügel bzw. Fälle bei Wildvögeln.

In Deutschland sind bisher 12 Geflügelhaltungen betroffen, darunter ein Putenbetrieb mit 16.000 Tieren, ein Betrieb mit über 50.000 und einer mit 30.000 Legehennen. Die Eintragsquellen sind unbekannt, jedoch

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

wird virus-kontaminiertes Material (Schuhwerk, Fahrzeuge, Gegenstände, Einstreu) 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 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. Diese lokale Ausbreitung an der Nord- und Ostseeküstenregion bestimmt nach wie vor die Dynamik des Ausbruchsgeschehens. Die neuen Meldungen aus Süddeutschland und Südeuropa weisen darauf hin, dass sich das Virus ausbreitet und es jederzeit zu weiteren Fällen kommen kann, auch in bisher nicht betroffenen Bundesländern. 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 Ausweitung des Infektionsgeschehens bei Wildvögeln in das Binnenland und weiter nach Südeuropa kommen.

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. Das betroffene Artenspektrum ist in ganz Europa ähnlich. Auffällige Mortalitäten zeigen sich bei Nonnengänsen und Pfeifenten. Tote und infizierte Greif-, Möwen- und Eulenvögel sind als Indikatoren für ein lokalisiertes Ausbruchsgeschehen in der Umgebung zu werten. Aufgrund von HPAIV H5-Funden auch bei klinisch gesund erscheinenden Stock- und Pfeifenten oder in deren Kot, ist zu vermuten, dass Wildvögel das Virus ausscheiden können, ohne sichtbar zu erkranken oder zu verenden.

Symptomlos infizierte Wildvögel bzw. solche, die sich in der Inkubationszeit befinden, sind mobile Virusträger, die das Virus weiterverbreiten 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. Geflügelhaltungen, in denen oft Material (Einstreu etc.) in die Ställe eingebracht wird, Geflügel im laufenden Betrieb um- oder ausgestellt wird (z.B. „Vorgriff“) oder bei denen Tore etc. häufig geöffnet werden, sind besonders gefährdet.

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

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 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 Geflügelhaltungen.

Das Risiko der Ausbreitung von HPAI H5-Viren in Wasservogelpopulationen innerhalb Deutschlands und Europas wird hoch eingestuft. Das Risiko weiterer Einträge in deutsche Geflügelhaltungen 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 des Geflügels 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

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

Biosicherheitsmaßnahmen getroffen werden, insbesondere die konsequente Reinigung und Desinfektion von Kleidung, Schuhen, Geräten und Fahrzeugen.

Auffälliges Verhalten und Totfunde bei Wildvögeln sollten umgehend den Veterinärbehörden zur Bergung und Untersuchung gemeldet werden. Die Dokumentation der betroffenen Arten sollte, wo möglich, in enger Kooperation mit den Naturschutzbehörden erfolgen, um das Geschehen in Zusammenhang mit dem Auftreten und Bewegungen von Vogelpopulationen zu werten. 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 48 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 erhöhter Mortalitäten auf HPAI hindeuten.
- Derzeit gibt es keine Evidenz dafür, dass die hier betrachteten aviären Influenzaviren Infektionen bei Menschen ausgelöst haben. Dennoch sollten Personen, die in Kontakt mit infiziertem Geflügel kommen, beispielsweise bei der Tötung und unschädlichen Beseitigung, für mindestens 10 Tage auf das Auftreten von respiratorischen Symptomen bzw. Konjunktividen achten. Sollten Symptome auftreten, ist unverzüglich ein Arzt aufzusuchen und eine Testung zu initiieren. Bei umfangreichem Kontakt mit infizierten Vögeln sollte die Aufnahme von antiviralen Medikamenten als Prophylaxe in Betracht gezogen werden.
- 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 Gebieten, um etwaig infizierte Tiere nicht aufzuscheuchen.
- Jäger und Personen, die mit verendeten Wildvögeln in Kontakt gekommen sind, sollten Ställe, in denen sich Geflügel befindet, in den folgenden 48 h nicht betreten.
- 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)

Risikoeinschätzung zum Auftreten von HPAIV H5 in Deutschland

- 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 eine wissenschaftliche Auswertung des aktuellen Geschehens in Europa unter folgendem Link an:

<https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/j.efsa.2020.6341>