

# TIERGESUNDHEITS JAHRESBERICHT 2013



## **Tiergesundheitsjahresbericht 2013**

14. Jahrgang 2014

ISSN 1867-9374

### **Herausgeber**

Friedrich-Loeffler-Institut

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Südufer 10

17493 Greifswald-Insel Riems

Internet: [www.fli.bund.de](http://www.fli.bund.de)

### **Redaktion**

Dr. T. Homeier-Bachmann, A. Beidler, H. Kubitz

Friedrich-Loeffler-Institut

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Institut für Epidemiologie

Südufer 10, 17493 Greifswald - Insel Riems

### **Redaktionsschluss**

10. November 2014

### **Druck**

Druckhaus Panzig, Studentenweg 1, 17489 Greifswald

## Inhaltsverzeichnis

Einleitung .....	3
Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland .....	4
Kapitel 2 Finanzielle Beteiligung der Europäischen Union im Rahmen der Entscheidung 2009/470/EG .....	8
Kapitel 3 Der Viehbestand .....	12
Kapitel 4 Fallstatistiken .....	27
Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten .....	33
1. Afrikanische Schweinepest - African Swine Fever .....	33
2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen - American foulbrood .....	36
3. Aujeszkysche Krankheit - Aujeszky's Disease (Pseudorabies) .....	40
4. Geflügelpest - Avian Influenza .....	41
5. Beschälseuche der Pferde - Dourine .....	49
6. Bovine Herpesvirus Typ1-Infektion (alle Formen) - Infectious bovine rhinotracheitis .....	51
7. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease - Bovine viral diarrhea/Mucosal Disease .....	64
8. Chlamydiose - Chlamydiosis .....	69
9. Echinokokkose - Echinococcosis .....	72
10. Enzootische Leukose der Rinder - Enzootic bovine leukosis .....	73
11. Hantaviren in Deutschland - Hantaviruses in Germany .....	77
12. Koi-Herpesvirus-Infektion der Karpfen (KHV-I) - koi herpesvirus disease (KHVD) .....	84
13. Paratuberkulose - Paratuberculosis .....	92
14. Q-Fieber - Q-Fever .....	96
15. Rauschbrand - Blackleg .....	98
16. Salmonellose der Rinder - Salmonellosis in cattle .....	101
17. Tollwut - Rabies .....	110
18. Toxoplasmose - Toxoplasmosis .....	113
19. Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (TSE) .....	116
20. Trichomonadenseuche des Rindes - Trichomoniasis in cattle .....	120
21. Tuberkulose der Rinder - Bovine Tuberculosis .....	122
22. Usutu-Virus-Infektion (USUV) - Usutu virus infection .....	129
23. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN) - Viral Hemorrhagic Septicemia and Infectious Hematopoietic Necrosis .....	134
24. West-Nil-Virus-Infektion (WNV) - West Nile virus infection .....	144
Anlagen .....	148
Anlage 1: Anschriften der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner .....	148
Anlage 2: Anschriften der für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden in den Bundesländern .....	160
Anlage 3: Abkürzungsverzeichnis .....	164

### Einleitung

Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft,  
Referat 322 - Tiergesundheit

Der Bedeutung der Tiergesundheit als Grundpfeiler einer nachhaltigen Tierhaltung und Voraussetzung für den Handel mit Tieren und tierischen Erzeugnissen in Deutschland Rechnung tragend, kommt das Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, seiner zwischenzeitlich im Tiergesundheitsgesetz verankerten Aufgabe zur Erstellung eines Jahresberichtes zur Situation der Tiergesundheit in der Bundesrepublik Deutschland (Tiergesundheitsjahresbericht) nach.

Der Tiergesundheitsjahresbericht wird zum zwölften Mal vorgelegt. Ihm liegen die Ergebnisse von epidemiologischen und labordiagnostischen Untersuchungen, von Bekämpfungsmaßnahmen sowie der Einschätzung zur Gefährdung von Tieren und Menschen zu ausgewählten Tierseuchen/Tierkrankheiten im Jahr 2013 zu Grunde.

Die Reihenfolge der Berichte zu bestimmten anzeigenpflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten richtet sich nach der auf der

Generalversammlung der Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE) im Mai 2004 beschlossenen neuen Klassifikation von Tierseuchen und Tierkrankheiten und ermöglicht insoweit eine bessere Vergleichbarkeit und Bewertbarkeit der vorliegenden Daten mit internationalen Berichten.

Der Tiergesundheitsjahresbericht zeigt, dass es in der Bundesrepublik Deutschland keine absolute Freiheit von Tierseuchen oder Tierkrankheiten gibt. Gleichwohl wird deutlich, dass sich der Tiergesundheitsstatus auf einem sehr hohen Niveau bewegt. Der Tiergesundheitsjahresbericht macht auch deutlich, dass es im Zusammenwirken der jeweils zuständigen Behörden in Bund und Ländern gelungen ist, durch konsequente Anwendung erforderlicher und geeigneter Maßnahmen Deutschland frei von klassischen Tierseuchen zu halten. Dabei darf nicht darüber hinwegtäuschen, dass insbesondere bei Vektor übertragenen Tierseuchen, wie jüngst dem Auftreten des Schmallenberg Virus, die staatlichen Eingriffsmöglichkeiten begrenzt sind.

## Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland

Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft, Referat 323  
Tierseuchen - EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum

### Die Tierärzteschaft insgesamt

In der Bundesrepublik Deutschland waren gemäß der „Statistik 2013: Tierärzteschaft in der Bundesrepublik Deutschland“ zum 31.12.2013 insgesamt 38.775 Tierärztinnen und Tierärzte bei den Kammern gemeldet.

Davon waren 27.338 in Deutschland und 543 im Ausland tierärztlich tätig. Von den 27.338 im Inland tierärztlich Tätigen waren 19.025 in der tierärztlichen Praxis (einschließlich Assistentinnen und Assistenten sowie Vertreterinnen und Vertretern) und 5.869 im Beamten- (1.624) und Angestelltenverhältnis (4.245) im öffentlichen Dienst tätig. Weitere Tierärzte waren in der Industrie, bei der Bundeswehr und in anderen tierärztlichen Tätigkeiten beschäftigt.

Der Dachverband aller deutschen Tierärzte ist die Bundestierärztekammer

Französische Straße 53, 10117 Berlin  
Telefon: 030/201 4338-0  
Telefax: 030/201 4338-88  
E-Mail: geschaeftsstelle@btkberlin.de.

### Das öffentliche Veterinärwesen

Öffentliches Veterinärwesen ist der öffentliche Dienst, der die im allgemeinen Interesse liegenden veterinärmedizinischen Aufgaben zum Schutz der Gesundheit von Tier und Mensch wahrnimmt.

#### Aufgaben

Für das öffentliche Veterinärwesen sind der Schutz der Gesundheit von Tier und Mensch sowie das Allgemeinwohl übergeordnete und bestimmende Verpflichtungen. Die grundlegenden Aufgaben des öffentlichen Veterinärwesens sind:

- a) Verhütung und Bekämpfung von Krankheiten, insbesondere von übertragbaren Krankheiten der Tiere
- b) Schutz des Menschen vor Gefahren und Schädigungen durch Tierkrankheiten
- c) Schutz des Menschen vor Gesundheitsgefährdung und -schädigung sowie vor Irreführung und Täuschung durch Lebensmittel, darunter Erzeugnisse tierischer Herkunft
- d) Schutz des Lebens und Wohlbefindens der Tiere sowie Verhütung von Schmerzen, Leiden und Schäden
- e) Erhaltung und Steigerung der Güte von Lebensmitteln tierischer Herkunft
- f) Schutz der Umwelt vor den von Tieren sowie tierischen Erzeugnissen und Nebenprodukten ausgehenden schädlichen Einflüssen

Die Aufgaben des Veterinärwesens decken somit das Prinzip „vom Stall bis zum Tisch“ als grundlegendes Prinzip der Lebensmittelsicherheit vollständig ab. Die Aufgaben werden in Abstimmung mit anderen Fachverwaltungen, vor allem mit der Gesundheitsverwaltung und der Landwirtschaftsverwaltung, durchgeführt. Verantwortlich für die Durchführung ist die Veterinärverwaltung.

#### Verhütung und Bekämpfung von Tierseuchen

Die Veterinärverwaltung ist für die Verhütung und Bekämpfung übertragbarer Tierkrankheiten im Inland und die Abwehr der Einschleppung dieser Krankheiten aus dem Ausland verantwortlich (staatliche Tierseuchenbekämpfung). Sie trägt Mitverantwortung für einen seuchenfreien Tierbestand innerhalb der Europäischen Union, beispielsweise

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

in Form veterinärrechtlicher Kontrollen an den deutschen Außengrenzen der Gemeinschaft.

Den von Tieren auf Menschen übertragbaren Krankheiten (Zoonosen) wird besondere Aufmerksamkeit gewidmet. Die Gesundheitsverwaltung wird über Beobachtungen, die für ihre Tätigkeit von Bedeutung sind, unterrichtet.

### Allgemeiner Tiergesundheitsschutz

Außerhalb der staatlichen Tierseuchenbekämpfung werden Aufgaben zur Sicherung und Verbesserung der Tiergesundheit (allgemeiner Tiergesundheitsschutz) in der Regel von Tiergesundheitsdiensten durchgeführt. Die Tiergesundheitsdienste (Pferde-, Rinder-, Schweine-, Schaf-, Geflügel-, Eutergesundheitsdienste u. a.) führen regelmäßig Kontrolluntersuchungen durch und beraten in Fragen der Tierhaltung, insbesondere der Tierhygiene, der Stallhygiene, der Stallbautechnik und der Fütterung. Soweit die Veterinärfachverwaltung keine eigenen Tiergesundheitsdienste unterhält, wirkt sie in den Tiergesundheitsdiensten nichtstaatlicher Einrichtungen mit oder ergänzt bzw. unterstützt diese.

### Tierzucht und Tierernährung

Die Veterinärverwaltung wirkt bei der Zucht landwirtschaftlicher Nutztiere im Sinne der Erhaltung und Steigerung der Leistung mit. Ihre Aufgabe erstreckt sich auf die Überprüfung der Zuchttiere, die Zuchthygiene und auf die Überwachung der Besamungsstationen aus veterinärhygienischer Sicht. Die Veterinärverwaltung wirkt bei Fragen der Tierernährung, der Futtermittelherstellung und des Futtermittelverkehrs mit, um die Gesundheit der Tiere zu schützen, die Verschleppung von Krankheitserregern mit dem Futter zu verhüten, die Leistungsfähigkeit der Tiere zu fördern und die gesundheitliche und qualitative Unbedenklichkeit der von Tieren gewonnenen Lebensmittel zu gewährleisten.

### Tierschutz

Die Veterinärverwaltung sorgt für den Schutz des Lebens und Wohlbefindens der Tiere. Sie überwacht insbesondere die Schlachtstätten, den Tierhandel, die Tiertransporte, die Tierhaltungen und Versuchstiereinrichtungen; sie genehmigt und überwacht die Durchführung von Tierversuchen.

### Fleischhygiene - Schlacht- und Fleischuntersuchung

Die Veterinärfachverwaltung ist für die amtliche Untersuchung und Beurteilung der Schlachttiere vor und nach der Schlachtung zuständig. Amtlich zu untersuchen ist ferner erlegtes Wild.

Bei der amtlichen Untersuchung wird unter anderem auf sichtbare Zeichen von Zoonosen und Tierseuchen geachtet. Hierunter fallen auch die Untersuchungen auf BSE sowie die Überwachung des Umgangs mit Risikomaterialien (SRM) in Schlacht- und Zerlegungsbetrieben. Die stichprobenartigen Untersuchungen auf Arzneimittelrückstände, mikrobiologische Untersuchungen und die Untersuchung auf Trichinen sind ebenfalls Teil der amtlichen Fleisch- und Geflügelfleischuntersuchung. Die Zulassung von Betrieben für den innergemeinschaftlichen bzw. nationalen Handelsverkehr mit Fleisch, Fleischerzeugnissen und -zubereitungen ist ebenso wie die Hygienekontrollen in diesen Betrieben während des Schlachtens von Tieren, des Zerlegens, Kühlens, Gefrierens, Be- und Verarbeitens, des Beförderns von Fleisch oder Geflügelfleisch ein bedeutendes Aufgabenfeld zur Sicherstellung des vorbeugenden gesundheitlichen Verbraucherschutzes.

### Überwachung des Verkehrs mit Lebensmitteln tierischer Herkunft und Milchüberwachung

Die Veterinärverwaltung überwacht den Verkehr mit Lebensmitteln tierischer Herkunft sowie die Gesundheit der Milchviehbestände und die Hygiene bei der Gewinnung, Behandlung und beim Inver-

kehrbringen von Milch und Milcherzeugnissen, um einen umfassenden Schutz des Verbrauchers vor Gesundheitsgefährdung und -schädigung sowie vor Irreführung und Täuschung zu gewährleisten.

### **Arzneimittelüberwachung und Anwendung von Sera und Impfstoffen**

Die Veterinärverwaltung überwacht den Verkehr mit Arzneimitteln einschließlich Betäubungsmitteln für Tiere und deren Anwendung, insbesondere bei den Tieren, die der Gewinnung von Lebensmitteln dienen. Sie überwacht ferner den Betrieb der tierärztlichen Hausapotheken und die Ausübung des tierärztlichen Dispensierrechts. Sera, Impfstoffe und Antigene dürfen nur abgegeben oder angewendet werden, wenn sie vom Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit (FLI) oder vom Bundesinstitut für Impfstoffe und biomedizinische Arzneimittel (Paul-Ehrlich-Institut) zugelassen worden sind.

### **Überwachung der Beseitigung und Verwendung von tierischen Nebenprodukten**

Die Veterinärverwaltung überwacht die Beseitigung und Verwendung von tierischen Nebenprodukten, um die Gefährdung der Gesundheit von Mensch und Tier, die Verbreitung von Erregern übertragbarer Krankheiten sowie toxischer Stoffe zu verhindern. Das Verfüttern dieser Produkte ist weitestgehend verboten.

### **Aufbau des öffentlichen Veterinärwesens**

Der Aufbau und die Verteilung der Kompetenzen des öffentlichen Veterinärwesens in der Bundesrepublik Deutschland folgen dem föderalen Aufbau.

### **Auf Bundesebene ressortiert das Veterinärwesen im Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)**

Rochusstraße 1, D-53123 Bonn

Tel. +49-228/99529-0, Fax: +49-228/99529-4262

E-mail: [poststelle@bmelv.bund.de](mailto:poststelle@bmelv.bund.de)

Im BMEL ist es in der Abteilung 3 (Lebensmittelsicherheit, Tiergesundheit) insbesondere in der Unterabteilung 32 „Tiergesundheit, Tierschutz“ angesiedelt, mit den Referaten:

- 321: Tierschutz
- 322: Tiergesundheit
- 323: Tierseuchen - EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum
- 324: Veterinärangelegenheiten beim Export
- 325: Rechtsangelegenheiten der Abteilung 3, Lebensmittelrecht, Recht der Veterinärberufe

Die Leiterin der Unterabteilung 32 ist gleichzeitig Delegierte beim Internationalen Tierseuchenamt (OIE) und Leiterin des Veterinärdienstes („Chief Veterinary Officer“, CVO) der Bundesrepublik Deutschland.

Ein weiterer Bereich des Veterinärwesens befindet sich in der Unterabteilung 31 „Sicherheit der Lebensmittelkette“ mit den Referaten:

- 311: Strategie und Koordinierung der Abteilung 3, Internationale Lebensmittelsicherheitspolitik
- 312: Lebensmittelüberwachung, Krisenmanagement, Ernährungsvorsorge
- 313: Rückstände und Kontaminanten in Lebensmitteln, Lebensmittelbedarfsgegenstände
- 314: Fleischhygiene, Lebensmittelhygiene
- 315: Futtermittelsicherheit, Tierernährung
- 316: Tierarzneimittel, Rückstände von pharmakologisch wirksamen Stoffen in Lebensmitteln

In der Unterabteilung 21 „Ernährungspolitik“ sind die Bereiche „Ernährungsinformation, Ernährungsprävention“ (Referat 212), „Spezielle Lebensmittel, Nahrungsergänzungsmittel, Lebensmittelzusatzstoffe“ (Referat 214) und „Lebensmittelinformation, Lebensmittelkennzeichnung“ (Referat 215) vertreten.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Das Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) ist auf Bundesebene zuständig für die Zulassung von Tierarzneimitteln nach den Vorgaben des Arzneimittelgesetzes. Dabei untersteht es der Fachaufsicht des Bundesministeriums für Gesundheit (BMG).

Im Bereich der **Bundeswehr** werden alle Belange des Veterinärwesens durch die Sanitätsoffiziere Veterinär wahrgenommen.

Die entsprechende oberste Bundesbehörde ist das Bundesministerium der Verteidigung (BMVg)  
Fontainengraben 150, D-53123 Bonn  
Tel.: 0228/12-00  
Fax: 0228/12-180 369 39  
E-Mail: [bmvgfuesani4@bmvg.bund.de](mailto:bmvgfuesani4@bmvg.bund.de)  
Referat FÜ SK II 7 - Fachaufgaben Gesundheitswesen; vorbeugender Gesundheitsschutz und öffentlichrechtliche Aufgaben im Geschäftsbereich BMVg

Der Veterinärverwaltung auf Bundesebene obliegen die Rechtsetzung auf allen einschlägigen öffentlich-rechtlichen Gebieten sowie der Kontakt zu den Veterinärverwaltungen anderer Staaten, ferner die Wahrnehmung der fachlichen Interessen und Aufgaben innerhalb der Europäischen Union (EU). In veterinärrechtlichen Gesetzen und Verordnungen werden alle notwendigen Maßnahmen, die sich aus den Aufgaben des öffentlichen Veterinärwesens ergeben, für das Bundesgebiet selbst und gegenüber anderen Staaten getroffen und die Durchführung dieser Maßnahmen zusammen mit den Bundesländern koordiniert; dies gilt auch für die Umsetzung von EU-Recht in nationales Recht.

### *Krisenmanagement „Tierseuchen“*

Beim BMEL ist das Krisenzentrum Tierseuchen angesiedelt, dessen Leiter gleichzeitig Leiter der Bund-Länder-Task Force Tierseuchenbekämpfung ist. Die Task Force Tierseuchenbekämpfung besteht ferner aus den Tierseuchenreferenten der Länder sowie Vertretern des BMVg und des FLI. Sie ist seit dem 1. April 2004 vollständig operativ.



## Kapitel 2 Finanzielle Beteiligung der Europäischen Union im Rahmen der Entscheidung 2009/470/EG

Heuser, R.

Die Entscheidung 2009/470/EG stellt die Basis für die finanzielle Beteiligung der Union im Veterinärbereich dar.

Mit der genannten Entscheidung werden die Modalitäten der finanziellen Beteiligung der Union an

- spezifischen Veterinärmaßnahmen,
- Kontrollmaßnahmen im Veterinärbereich,
- Programmen zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und
- Zoonosen

festgelegt.

Die weiteren Ausführungen beziehen sich auf die im Jahr 2013 durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen sowie die Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen.

### Dringlichkeitsmaßnahmen

Die in den Artikeln 3 bis 18 der Entscheidung 2009/470/EG zusammengefassten spezifischen Veterinärmaßnahmen umfassen u. a. auch die Dringlichkeitsmaßnahmen.

Danach besteht für die Mitgliedsstaaten die Möglichkeit, im Falle des Ausbruchs einer der in Artikel 3 der genannten Entscheidung gelisteten Tierseuchen in ihrem Hoheitsgebiet eine finanzielle Beteiligung der Union an den Seuchentilgungsmaßnahmen zu erhalten, soweit bestimmte Bedingungen seitens des Mitgliedstaates erfüllt wurden.

Grundsätzlich beteiligt sich die Kommission zu 50 % an den Ausgaben des Mitgliedstaates für die Entschädigung der Bestandseigentümer, für die Tötung und unschädliche Beseitigung seiner Tiere, die Reinigung und Desinfektion seines Betriebes und der Geräte, die Ungezieferbekämpfung im Betrieb und

an den Geräten sowie die Vernichtung verseuchter Futtermittel und verseuchter Geräte.

Des Weiteren beteiligt sich die Kommission zu 100 % an den Ausgaben für Impfstoffe und zu 50 % an den Impfkosten, soweit die Durchführung von Impfungen beschlossen wurde.

Mit der Verordnung (EG) Nr. 349/2005 hat die Kommission die „technischen Vorgaben“ zur Abwicklung und Konkretisierung der gemeinschaftlichen Finanzierung von Dringlichkeitsmaßnahmen und Bekämpfung bestimmter Tierseuchen und eine klare Abgrenzung zur Abwicklung der Programme zur Tilgung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen geschaffen.

Für das Jahr 2013 wurde für die durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen, bedingt durch das Auftreten der niedrigpathogenen Aviären Infuenza, eine Finanzhilfe der Union beantragt.

### Programm zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen

Gemäß den Artikeln 25 bis 29 der Entscheidung 2009/470/EG besteht für die Mitgliedsstaaten unter Wahrung bestimmter Voraussetzungen die Möglichkeit, im Rahmen der Finanzierung nationaler Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung der im Anhang 1 der genannten Entscheidung aufgeführten Tierseuchen und Zoonosen eine finanzielle Beteiligung der Gemeinschaft zu erhalten.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Für das Jahr 2013 hatte die Bundesrepublik Deutschland der Kommission im Hinblick auf eine finanzielle Beteiligung folgende Bekämpfungs- und Überwachungsprogramme vorgelegt:

- Plan zur Bekämpfung der Blauzungenkrankheit
- Plan zur Bekämpfung bestimmter zoonotisch übertragbarer Salmonellen bei Zucht-, Legehennen- und deren Aufzuchtbeständen, Masthähnchenbeständen der Spezies Gallus gallus sowie Zucht- und Mastputenbeständen der Spezies Meleagris gallopavo
- Plan zur Bekämpfung und Überwachung der Klassischen Schweinepest
- Plan zur Überwachung von Geflügel und Wildvögeln auf die Aviäre Influenza
- Plan zur Tilgung und Überwachung der Transmissiblen Spongiformen Enzephalopathien (TSE)

Die vorgenannten Pläne wurden seitens der Kommission überprüft und gemäß Durchführungsbeschluss 2012/761/EU genehmigt. Die jeweiligen Höchstbeträge der finanziellen Beteiligung der Union wurden ebenfalls mit dem o. g. Durchführungsbeschluss festgesetzt.

Der Durchführungsbeschluss beinhaltet darüber hinaus die Voraussetzungen (z. B. Berichtspflichten, Fristen), welche die Mitgliedsstaaten zu erfüllen haben, um überhaupt eine Finanzhilfe der Union erhalten zu können.

Über die Durchführung der Programme war der Kommission im abgelaufenen Jahr Bericht zu erstatten, wobei neben den einzelnen Bekämpfungs- und Überwachungsmaßnahmen auch die dabei angefallenen Kosten aufzuführen waren.

Auf der Grundlage dieser Berichte wurde seitens der Kommission u. a. geprüft, ob die durch den Durchführungsbeschluss 2012/761/EU ursprünglich zugewiesenen Höchstbeträge für die Pläne der Mitgliedsstaaten ausreichten bzw. gekürzt oder erhöht werden mussten.

Mit dem Durchführungsbeschluss 2013/766/EU wurden die Deutschland betreffenden Pläne zur Bekämpfung der Aviären Influenza, der Blauzungenkrankheit, der Salmonellen, und der Schweinepest im Hinblick auf die Höchstbeträge abgeändert bzw. neu festgesetzt.

### **Plan zur Bekämpfung der Blauzungenkrankheit**

Gemäß Artikel 4 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2012/761/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 2 Buchstabe b der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 100.000 Euro festgesetzt.

Durch den Durchführungsbeschluss 2013/766/EU wurde dieser Höchstbetrag verringert und auf 86.000 Euro neu festgesetzt. Die finanzielle Beteiligung umfasst eine Pauschale für die Kosten, die bei der Durchführung der virologischen und serologischen Laboruntersuchungen und der Probenahme entstehen.

Im Jahr 2013 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrags 9.658 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 4.167 virologische Tests mittels PCR und Pool-PCR sowie 10.100 Probenahmen bei Rind, Schaf, Ziege und Wildtieren geltend gemacht.

### **Plan zur Bekämpfung bestimmter zoonotisch übertragbarer Salmonellen bei Zuchtgeflügel, Legehennen- und deren Aufzuchtbeständen, Masthähnchen der Spezies Gallus gallus sowie Zucht- und Mastputenbeständen der Spezies Meleagris gallopavo**

Gemäß Artikel 5 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2012/761/EU wurde der von der Bundesrepublik Deutschland eingereichte Plan genehmigt und gemäß Absatz 2 Buchstabe c der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 900.000 Euro festgesetzt.

Durch den Durchführungsbeschluss 2013/766/EU wurde dieser Höchstbetrag verringert und auf 790.000 Euro neu festgesetzt.

Die finanzielle Beteiligung der Union umfasst eine Pauschale für die Kosten, die bei der Durchführung von bakteriologischen Untersuchungen (Kultivierung/Isolierung, Überprüfung der Desinfektionswirksamkeit sowie Nachweis antimikrobieller Mittel), Serotypisierungstests im Rahmen der amtlichen Probenahme und der Beschaffung von Impfstoffen entstehen. Des Weiteren gewährt die Union eine Finanzhilfe in Höhe von 50 % der Kosten für die Entschädigung von Bestandseigentümern für die Tötung der unter das Programm fallenden Tiere sowie die Vernichtung von Eiern.

Im Jahr 2013 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrages insgesamt 10.164 bakteriologische Tests, 400 Serotypisierungen, 10.882 Probenahmen, über 17,7 Mio Impfstoffdosen und Entschädigungszahlungen für 17.782 getötete Tiere gemeldet.

Zu berücksichtigen ist hierbei, dass in einigen Bundesländern Untersuchungen durchgeführt wurden, die für eine Finanzhilfe der Union nicht infrage kamen und somit auch nicht im Rahmen der Erstattung gemeldet wurden.

Eigenkontrolluntersuchungen sind in den oben angegebenen Untersuchungen nicht enthalten, da nicht kofinanzierungsfähig.

### **Plan zur Bekämpfung und Überwachung der Klassischen Schweinepest**

Gemäß Artikel 6 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2012/761/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 2 Buchstabe b der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 810.000 Euro festgesetzt. Durch den Durchführungsbeschluss 2013/766/EU wurde dieser Höchstbetrag erhöht und auf 950.000 Euro neu festgesetzt.

Die finanzielle Beteiligung der Union umfasst eine Pauschale für sämtliche Kosten, die bei der Durchführung der virologischen und serologischen Untersuchung von Haus- und Wildschweinen, der Probenahme sowie dem Erwerb und der Verteilung von Impfstoffen und Ködern zur Impfung von Wildschweinen entstehen.

Im Jahr 2013 wurden bei Haus- und Wildschweinen insgesamt rund 109.218 Untersuchungen durchgeführt, davon 77.674 serologische und 31.544 virologische Untersuchungen.

### **Plan zur Überwachung von Geflügel und Wildvögeln auf die Aviäre Influenza**

Gemäß Artikel 9 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2012/761/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 2 Buchstabe c der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 50.000 Euro festgesetzt.

Durch den Durchführungsbeschluss 2013/766/EU wurde dieser Höchstbetrag erhöht und auf 135.000 Euro neu festgesetzt

Die finanzielle Beteiligung der Union beinhaltet eine Pauschale für die Kosten der Probenahme. Je nach Art der durchgeführten Labortests umfasst die Finanzhilfe ebenfalls eine Pauschale oder 50 % der dabei entstandenen Kosten. Im Rahmen des der Kommission für das Jahr 2013 vorgelegten Erstattungsantrages wurden insgesamt 1.144 Probenahmen bei Wildvögeln, 9.002 bei Hausgeflügel, 6.975 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 4.550 Hämagglutinationshemmungstests für Serotyp H5H7, 411 Virusisolationstests und 4.105 virologische Tests mittels PCR geltend gemacht.

### **Plan zur Überwachung der Transmissiblen Spongiformen Enzephalopathien (TSE)**

Gemäß Artikel 10 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2012/761/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 2 Buchstabe c der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Union auf 6,260 Mio Euro festgesetzt. Mit dem Durchführungsbeschluss 2013/76/EU zur Änderung der Entscheidung 2009/719/EG zur Ermächtigung bestimmter Mitgliedsstaaten, ihr jährliches BSE-Überwachungsprogramm zu überarbeiten, wurde das Alter zur Testung aller gesundgeschlachteter Rinder, die im Inland geboren und gehalten worden sind oder aus Mitgliedsstaaten stammen, die im Anhang der Entscheidung 2011/358/EG aufgeführt sind von über 72 Monaten auf über 96 Monate erhöht.

Durch den Durchführungsbeschluss 2013/403/EU wurde dieser Höchstbetrag verringert und auf 4.700.000 Euro neu festgesetzt.

Die finanzielle Beteiligung der Union umfasst für die Durchführung von Tests bei Rindern, Schafen und Ziegen und für molekulare differentialdiagnostische Ersttests eine Pauschale, die in Abhängigkeit der Tierart eine unterschiedliche Höhe ausweist.

Daneben beträgt die finanzielle Beteiligung 50 % der Kosten, die im Rahmen der Entschädigung von Bestandseigentümern für die Tötung und unschädliche Beseitigung der Tiere im Rahmen der Tilgungsprogramme entstehen.

Im Rahmen des der Kommission zu übersendenden Erstattungsantrages wurden 486.980 Tests bei Rindern, 20.278 Tests bei Schafen und 2.697 Tests bei Ziegen gemeldet; ein molekular differentialdiagnostischer Ersttest wurde nicht geltend gemacht.

Im Jahr 2013 wurde kein BSE-Ausbruch amtlich festgestellt. Im Rahmen des der Kommission zugeleiteten Erstattungsantrages wurden für 4 Rinder (Kohortentiere) Entschädigungszahlungen an die Tierbesitzer geltend gemacht.

Im Jahr 2013 wurden 7 Scrapieausbrüche in vier Bundesländern amtlich festgestellt.

Die Anzahl der gegenüber der Kommission geltend gemachten Genotypisierungen betrug 2.383 Untersuchungen.

## Kapitel 3 Der Viehbestand

### Bestandsentwicklung und aktuelle Bestandszahlen für Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen, Pferde und Geflügel in Deutschland

Höreth-Böntgen, D., Neumann, N.

#### Vorbemerkungen

Auf der Grundlage des Agrarstatistikgesetzes (AgrStatG) finden regelmäßige Erhebungen der Bestandszahlen für Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen und Geflügel statt. Diese Erhebungen werden zweimal jährlich in allen Bundesländern mit Ausnahme der Stadtstaaten durchgeführt und finden im Rahmen einer Agrarstrukturerhebung, die wechselweise als Vollerhebung oder als Stichprobenbefragung durchgeführt wird, statt. Die Erhebungen zum Rinderbestand werden zweimal jährlich am 3. Mai und am 3. November als Auszug aus dem Herkunfts- und Informationssystem für Tiere (HIT-Datenbank) erstellt und für statistische Zwecke ausgewertet. Im Rahmen der Viehbestandserhebung Schweine werden repräsentativ Betriebe mit mindestens 50 Schweinen oder 10 Zuchtsauen jeweils zum Stichtag 3. Mai und 3. November befragt. Hierzu wird eine geschichtete Stichprobe einmal jährlich gezogen. Zur Erhebung über die Schweinebestände am 3. Mai 2010 wurden die Erfassungsgrenzen auf 50 Schweine oder 10 Zuchtsauen angehoben, um insbesondere die kleineren Betriebe zu entlasten. Daher sind die Schweinebestände zu den Vorerhebungen nur begrenzt vergleichbar und die Betriebszahlen sind überhaupt nicht vergleichbar. Im Rahmen der Viehbestandserhebung für Schafe werden repräsentativ Betriebe mit mindestens 20 Schafen jeweils zum Stichtag 3. November befragt. Hierzu wird eine geschichtete Stichprobe einmal jährlich gezogen. Die Stadtstaaten Berlin, Bremen und Hamburg nehmen bei der Viehbestandserfassung eine Sonderstellung ein. Dort finden seit Mai 2005 alle 4 Jahre repräsen-

tative Erhebungen für Rinder, Schweine, Schafe, Pferde und Geflügel statt, die seit Mai 2003 durch eine im Vierjahresabstand durchgeführte Totalzählung aufgeführter Tierbestände ergänzt werden.

Die Erhebung ist an die Betriebsgröße gekoppelt, wobei nur landwirtschaftliche Betriebe im Sinne von Artikel 2 Buchstabe a der Verordnung (EG) Nr. 1166/2008 berücksichtigt werden. Es werden nur Tierbestände der Betriebe erfasst, die entweder über eine landwirtschaftliche Nutzfläche (LF) von mindestens 5 ha oder über eine Waldfläche (WF) von mindestens 10 ha verfügen oder die folgenden Bestandszahlen erreichen oder überschreiten:

- jeweils 10 Rinder
- 50 Schweine oder 10 Zuchtsauen
- 20 Schafe oder 20 Ziegen
- oder 1.000 Stück Geflügel

Die Anzahl gehaltener Einhufer wird in diesen Betrieben gegebenenfalls miterfasst (§ 27 Absatz (1) Abschnitt 5 (d) - AgrStatG). Für die Geflügelstatistik werden Einzelerhebungen in Brütereien, Unternehmen mit Hennenhaltung und in Geflügelschlachtereien durchgeführt.

Die letzten Erhebungsdaten für Rinder, Schweine und Schafe basieren auf dem Zensus vom 03. November 2013. Die letzte repräsentative Zählung der Pferde- und Geflügelbestände erfolgte im Rahmen der Landwirtschaftszählung im März 2010.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013



Im Jahr 2010 wurde in Deutschland eine Landwirtschaftszählung (LZ) durchgeführt. Die nach dem Agrarstatistikgesetz durchzuführende Großzählung soll alle 10 Jahre stattfinden. Seit dem Jahr 1999 bis zum Jahr 2007 wurde eine Agrarstrukturerhebung (ASE) im 2-Jahresrhythmus durchgeführt, sie wurde 2010 in die LZ 2010 integriert. Seit dem Jahr 2010 soll die ASE nur noch im dreijährlichen Abstand als Stichprobenerhebung mit 80.000 Erhebungseinheiten durchgeführt werden

(festgeschriebene Termine gelten bereits für die Jahre 2013 bzw. 2016). Die ASE 2009 wurde ausgesetzt. Die ASE Daten für das Jahr 2013 wurden im ersten Halbjahr 2013 erhoben und wurden am 19. Mai 2014 in der Fachserie 3, Reihe 2.1.3 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei, Viehhaltung der Betriebe Agrarstrukturerhebung 2013, unter Artikelnummer: 2030213139004 vom Statistischen Bundesamt veröffentlicht.

Inhaltlich weicht die ASE 2013 deutlich von den Strukturerhebungen vor 2010 ab. So werden Ergebnisse zu den Themen Bodennutzung, Viehbestände, Arbeitskräfte und über weitere Strukturmerkmale dargestellt. Hiermit kann beispielsweise der Strukturwandel in der Landwirtschaft und der Einfluss der Landwirtschaft auf die Entwicklung des ländlichen Raums beschrieben werden. Außerdem dienen die dargelegten Daten als Grundlage zur zukünftigen Ausgestaltung der Gemeinsamen Agrarpolitik der Europäischen Union und für die Verteilung des Agrarhaushalts auf die Mitgliedsstaaten. Die Ergebnisse der Strukturerhebungen ab 2010 (ASE/LZ) sind nur eingeschränkt mit denen

vorhergehender Erhebungen vergleichbar, weil z. B. die unteren Erfassungsgrenzen deutlich angehoben (bis 2007 2 ha LF, ab 2010 5 ha LF), Merkmale inhaltlich-methodisch neu abgegrenzt bzw. erstmals erhoben wurden und somit keine vergleichbaren Daten zur Verfügung stehen.

### Langzeitentwicklung des Viehbestandes

Die Darstellung der Langzeitentwicklung des Viehbestandes beruht auf Daten des Statistischen Bundesamtes und wurde den Statistiken und Datentabellen der Fachserie 3, Reihe 4.1 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehbestand 3. November 2013, entnommen (Erscheinungsfolge: unregelmäßig, erschienen am 21. Februar 2014, Artikelnummer: 2030410125324 Seitenzahl: 60).

Herausgeber: Statistisches Bundesamt, Wiesbaden 2014.

Die seit dem Jahr 1990 zu beobachtende kontinuierliche Abnahme des Rinderbestandes (Abb. 1 a) hat sich im Jahr 2013 gegenüber dem Vorjahr konsolidiert, die absoluten Tierzahlen haben geringfügig zugelegt. Die Gesamtzahl gehaltener Rinder im Jahr 2013 hat um knapp 1 Prozent (1,02 %) oder um 127.984 Tiere gegenüber dem Vorjahr zugenommen. Der Bestand stieg leicht von 12.535.053 Tieren auf 12.663.037 an (diese Zahlen beruhen auf der bereinigten Auswertung der HI-Tier Rinderdatenbank mit Stand vom 04.02.2014). Im Vergleich zur letzten vom Statistischen Bundesamt durchgeführten Erhebung am 3. November 2013 (gleichfalls auf einem Datenbankauszug aus dem Herkunfts- und Informationssystem für Tiere {HIT-Datenbank} basierend und seit dem Jahr 2008 jeweils zum Stichtag 3. Mai und 3. November erstellt und für statistische Zwecke ausgewertet) mit 12.685.993 Rindern ist dies eine geringfügige Abnahme um 22.956 Tiere. Vergleicht man den Zeitraum vom Jahr 2001 bis zum Jahr 2013, so ist trotz der leichten Zunahmen seit 2012 immer noch ein

deutlicher Rückgang der Rinderzahlen um ca. 13,12 Prozent oder 1.917.000 Rinder feststellbar (14.603.000 Rinder im Jahr 2001).

Allerdings sind diese Zahlenvergleiche mit gewissen Einschränkungen zu bewerten, da sich die Erfassungssysteme geändert haben und man seit dem Jahr 2008 die Erhebung der Zahlen für den Rinderbestand aus den Meldungen in der HI-Tier Rinderdatenbank (Haltebestände) bezieht.

Beim Schweinebestand (Abb. 1 a) ist eine leicht absteigende Tendenz bis zur Konsolidierung feststellbar, darauf deuten die Bestandszahlen der Novemberzählung des Jahres 2013 hin, diese betragen 28,133 Mio. (ohne Stadtstaaten), im Vergleich zum Vorjahr (28,331 Mio. Schweine) ist eine Abnahme um 0,7 Prozent feststellbar (Abb. 1 a), damit hat der Schweinebestand das Vorjahresniveau gehalten und verharrt nahezu auf dem seit 1995 erreichten Höchststand. Auch im Langzeittrend vom Jahr 2001 bis zum Jahr 2013 macht sich diese Entwicklung bemerkbar, hier ist sogar eine Zunahme von 9,11 Prozent feststellbar (25,784 Mio. Schweine im Jahr 2001).

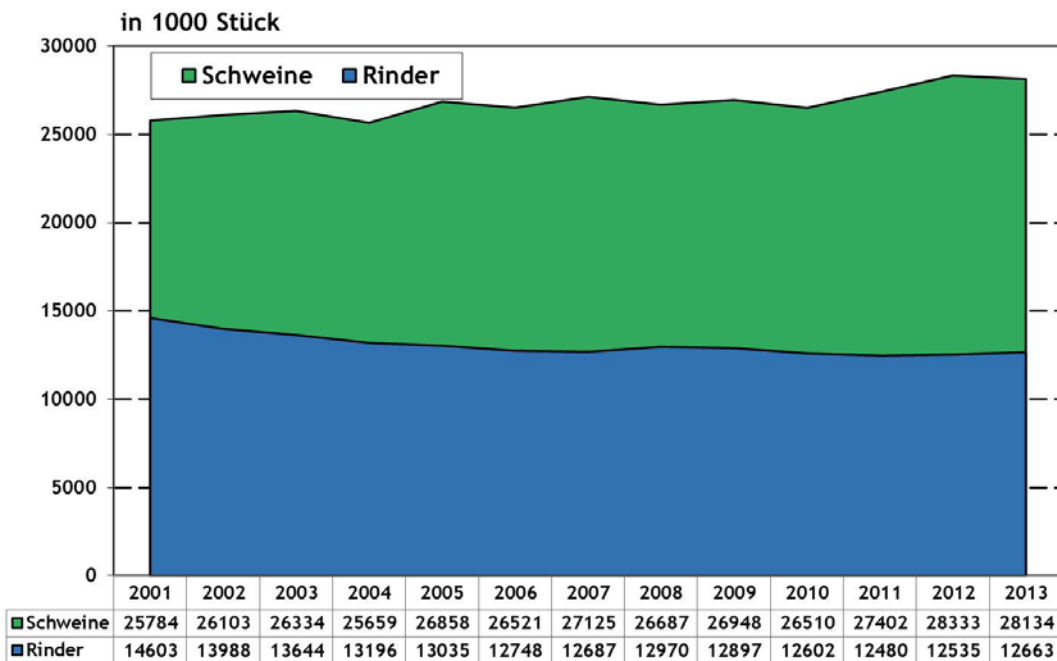


Abb. 1 a: Langzeitentwicklung im Viehbestand Deutschlands für Rinder und Schweine

Quellen: Statistisches Jahrbuch über Ernährung, Landwirtschaft und Forsten 2013 - X. Viehhaltung und Veterinärwesen, Statistisches Bundesamt, BMELV (123), Auswertung der HI-Tier-Datenbank Stand 31.12.2013 (Rinder RIA Stand 04.02.2014)

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Eine ausführliche Darstellung der Schweinebestandszahlen der einzelnen Bundesländer bietet die Tabelle 3.

Für Pferde (Abb. 1 b) hat sich an den im letzten Jahr berichteten Daten wenig geändert. Die letzten aktualisierten Zahlen stammen aus der LZ 2010, nach diesen Angaben lag der Pferdebestand bei 461.779, bei der im Rahmen der ASE am 01. März 2013 durchgeführten Erfassung wurden 461.300 Pferde gezählt. Die Anzahl der Pferdehaltungen beträgt demnach 46.300 gegenüber 49.000 bei der LZ 2010. Bei statistischen Erhebungen zur Pferdehaltung werden ausschließlich in landwirtschaftlichen Betrieben gehaltene Pferde, erfasst. Klein- und Hobbyhaltungen gehen nicht in die Erhebung ein. Deshalb ist mit einer sehr großen Dunkelziffer nicht erfasster Pferde mindestens im Größenordnungsbereich der erhobenen Bestandszahlen zu rechnen. Bestandschätzungen für die Pferdepopulation Deutschlands liegen seit dem Jahr 2007 bei ca. 1 Million Pferde.

Beim Geflügel (Abb. 2) beruhen die letzten vollständigen Zahlen ebenfalls auf der LZ 2010. Die neuesten Erfassungsangaben stammen hingegen aus der ASE von 2013 (Stand 01. März. 2013). Im Folgenden werden die Zahlen aus der ASE aufgeführt und dazu in Klammern immer die Zahlen aus der LZ von 2010 angegeben. Bei der ASE ist zu bedenken, dass die Daten nur auf einer Stichprobenerhebung von 80.000 Betrieben beruhen. Nach der ASE 2013 betrug der Geflügelbestand am 01. März 2013 insgesamt 160,773 Mio. gehaltene Hühner (114,113 Mio./LZ 2010), davon waren 47,987 Mio. Legehennen (35,279 Mio./LZ 2010) und 97,146 Mio. Masthähnchen (67,531 Mio./LZ 2010). Weiterhin wurden 544.200 Gänse (278.080/LZ 2010), 2,760 Mio. Enten (3,16 Mio./LZ 2010) und 13,256 Mio. Puten (11,34 Mio./LZ 2010) gehalten.

Bei der Schafpopulation (Abb. 1 b) wurden im Jahr 2013 bei der Novemberzählung 1,57 Mio. Schafe erfasst (hier fehlen jedoch die Angaben für die Stadtstaaten). Legt man die Zahlen aus der LZ 2010 oder die von der ASE 2013 zu Grunde, damals wurden 2,09 Mio. (1,893 Mio./ASE, 01. März 2013) Schafe in Deutschland gehalten, so ist dies ein deutlicher Rückgang um 24,88 (17,06 %/ASE, 01. März 2013) Prozent. Vergleicht man die aktuellen Zahlen mit denen der letzten Erfassung im Jahr 2009 (2.437 Mio.), so ist die Abnahme noch wesentlich größer (35,58 % bzw. 54,42 %/ASE, 01. März 013) und hat den niedrigsten Stand seit dem Jahr 1990 erreicht. Genauere Angaben zur Schafpopulation der Bundesländer sind in der Tabelle 4 wiedergegeben.

Für den Ziegenbestand (Abb. 1 b) gilt Ähnliches wie für Pferde und Geflügel, es liegen Zahlen aus der LZ 2010 (Stand März 2010) vor und aktuellere aus der ASE 2013 (Stand 01. März 2013). Nach Angaben aus der ASE 2013 betrug der Ziegenbestand 130.200 Ziegen (149.936 Tiere nach LZ 2010). Dies stellt einen erheblichen Rückgang im Vergleich zur letzten Erfassung im Jahr 2009 dar, ein Rückgang um mehr als ein Drittel (40,82 % ASE 2013 bzw. 31,85 %), allerdings beruhen die Zahlenangaben hier nur auf Schätzwerten.



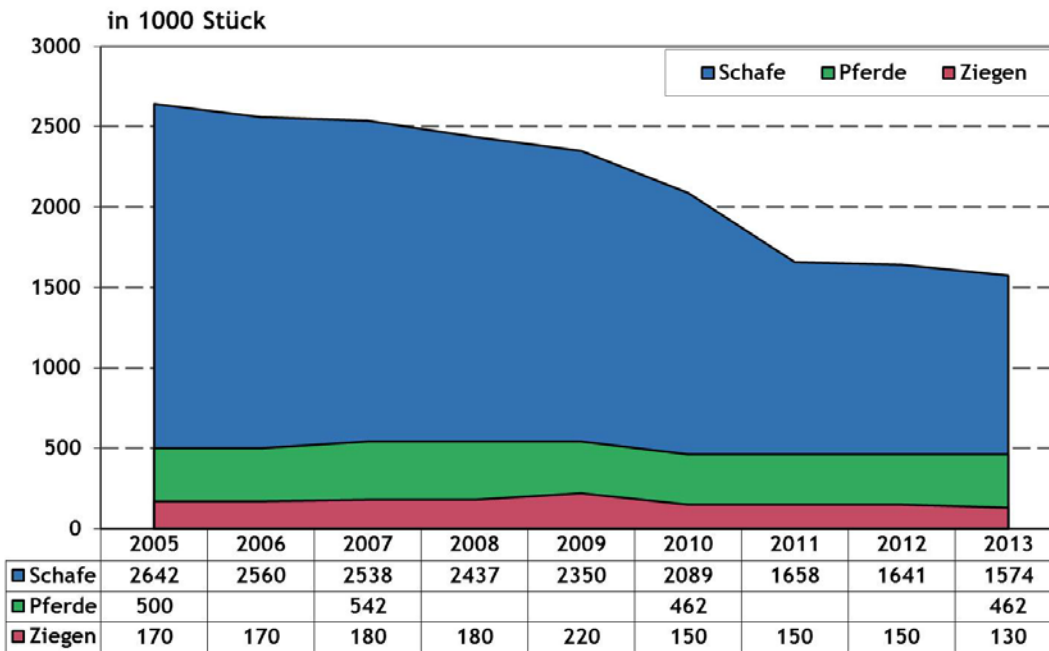


Abb. 1 b: Langzeitentwicklung des Pferde-, Schaf- und Ziegenbestands in Deutschland

Quellen: Statistisches Jahrbuch über Ernährung, Landwirtschaft und Forsten 2013 - X. Viehhaltung und Veterinärwesen, Statistisches Bundesamt, BMELV (123)

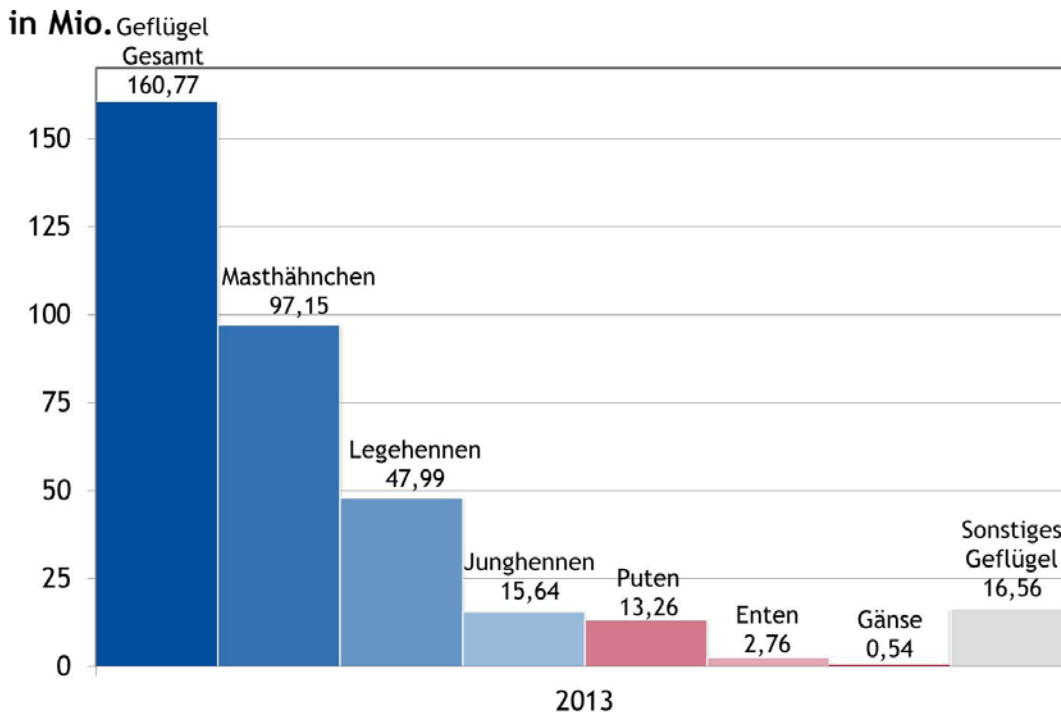


Abb. 2: Geflügelbestand nach Nutzungsrichtung

Quellen: Fachserie 3, Reihe 2.1.3 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehhaltung, Statistisches Bundesamt, Wiesbaden 2014, Artikelnummer 2030213139004, erschienen am 19. Mai 2014

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 1: Anzahl Rinderhalter Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen

(Quelle: HI-Tier-Datenbank, Stand 31.12.2013 - Risikoanalyse v. 04.02.2014)

Bundesland*	Anzahl Rinderhalter in genannten Größenklassen								
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-299	300-499	≥ 500
SH	8.217	1.527	742	966	937	1.778	1.171	860	236
HH	117	34	25	23	18	7	9	1	0
NI	22.746	4.398	2.113	3.429	3.434	4.824	2.602	1.461	485
HB	99	21	8	11	14	31	11	2	1
NW	18.359	4.484	2.371	3.507	2.990	3.051	1.173	605	178
HE	9.196	2.662	1.604	2.208	1.338	940	316	106	22
RP	5.718	1.540	800	1.177	926	899	255	103	18
BW	19.373	5.540	2.912	4.373	3.235	2.489	605	187	32
BY	52.029	7.354	6.053	13.980	14.203	8.705	1.406	292	36
SL	774	250	94	133	117	120	37	20	3
BE	27	15	1	5	5	1	0	0	0
BB	4.433	2.060	465	474	325	342	207	229	331
MV	3.264	1.354	326	372	209	286	172	215	330
SN	7.259	4.316	900	704	347	389	173	165	265
ST	3.110	1.606	301	291	191	221	130	160	210
TH	4.194	2.566	476	308	202	200	104	146	192
<b>BRD</b>	<b>158.91</b>	<b>39.727</b>	<b>19.191</b>	<b>31.961</b>	<b>28.491</b>	<b>24.283</b>	<b>8.371</b>	<b>4.552</b>	<b>2.339</b>

Tabelle 2: Anzahl Rinder Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen

(Quelle: HI-Tier-Datenbank, Stand 31.12.2013 - Risikoanalyse v. 04.02.2014)

Bundesland*	Anzahl Rinder in genannten Größenklassen								
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-299	300-499	≥ 500
SH	1.142.993	6.774	10.347	31.410	68.433	263.019	285.200	319.943	157.867
HH	6.187	160	330	740	1.299	1.050	2.209	399	0
NI	2.639.136	18.784	29.547	113.992	249.643	704.282	632.583	538.436	351.869
HB	10.131	88	117	386	1.085	4.495	2.697	752	511
NW	1.447.315	20.138	33.238	114.654	214.733	431.917	282.842	224.027	125.766
HE	460.224	12.413	22.590	70.008	93.620	132.741	75.583	38.826	14.443
RP	361.519	6.437	11.092	38.466	66.266	127.904	61.406	38.193	11.755
BW	1.013.839	24.135	40.824	142.374	229.297	348.299	142.563	66.452	19.895
BY	3.249.236	34.229	86.634	472.524	1.009.517	1.182.895	331.616	105.599	26.222
SL	50.491	1.016	1.328	4.252	8.334	17.331	9.199	7.297	1.734
BE	725	53	18	140	374	140	0	0	0
BB	549.828	6.808	6.392	15.208	23.380	49.774	50.709	87.683	309.874
MV	549.138	4.536	4.483	11.863	14.752	41.261	42.137	84.814	345.292
SN	499.666	14.983	12.267	21.555	24.175	54.474	42.522	64.970	264.720
ST	345.607	5.135	4.175	9.152	13.615	31.910	32.341	62.913	186.366
TH	337.002	8.679	6.339	9.516	14.346	28.660	25.780	57.408	186.274
<b>BRD</b>	<b>12.663.037</b>	<b>164.368</b>	<b>269.721</b>	<b>1.056.240</b>	<b>2.032.869</b>	<b>3.420.152</b>	<b>2.019.387</b>	<b>1.697.712</b>	<b>2.002.588</b>

\*) Bundeslandschlüssel s. Anlage 2

Tabelle 3: Anzahl Schweine insgesamt, davon Zuchtschweine einschließlich Eber und Mastschweine nach Bundesländern (in 1.000 Stück)

Bundesland*	Schweine		dav. Zuchtschweine**)		dav. Mastschweine	
	2012	2013	2012	2013	2012	2013
SH	1.550,1	1.503,8	104,4	96,1	728,2	708,4
HH	0,4	0,4	0,2	0,2	0,1	0,1
NI	9.013,4	8.760,6	549,6	517,4	4.420,0	4.316,2
HB	0,6	0,6	0,1	0,1	0,4	0,4
NW	7.133,0	7.374,4	447,9	441,9	3.392,4	3.566,1
HE	622,0	607,9	47,2	44,3	266,1	263,5
RP	215,8	204,7	15,6	14,8	93,2	85,6
BW	1.952,1	1.902,7	189,9	181,4	715,7	705,5
BY	3.499,6	3.366,9	277,2	262,2	1.592,7	1.500,5
SL	7,0	6,3	0,5	0,4	3,6	3,1
BE	0,1	0,1	0	0	0,1	0,1
BB	774,0	777,4	91,1	88,5	218,7	214,9
MV	864,0	895,7	98,2	100,5	281,5	279,2
SN	643,1	641,7	74,8	68,7	209,6	213,6
ST	1.228,9	1.260,7	152,7	143,9	332,5	321,3
TH	828,4	830,4	95,1	97,5	204,3	204,5
<b>BRD</b>	<b>28.332,5</b>	<b>28.134,3</b>	<b>2.144,5</b>	<b>2.057,9</b>	<b>12.459,1</b>	<b>12.383,0</b>

\*) Bundeslandschlüssel s. Anlage 2

Quelle: Tabelle 2.2.1: Fachserie 3, Reihe 4.1 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehbestand, 3. November 2013 - Statistisches Bundesamt, Wiesbaden 2014, Artikelnummer: 2030410125325, erschienen am 21. Februar 2014

Tabelle 4: Anzahl Schafe insgesamt, davon zur Zucht benutzte weibliche Schafe einschließlich gedeckte Jährlinge (in 1.000 Stück)

Bundesland*	Schafe insgesamt		Davon: weibliche Zuchtschafe einschl.	
	2012	2013	2012	2013
SH	194,0	186,5	135,8	128,8
HH	2,0	2,0	1,0	1,0
NI	162,9	154,9	112,9	105,6
HB	0,4	0,4	0,3	0,3
NW	130,2	130,2	94,2	94,2
HE	113,5	108,8	81,7	78,0
RP	69,1	64,4	50,2	47,0
BW	221,7	216,1	156,3	156,4
BY	286,5	274,6	196,3	186,7
SL	7,3	6,9	5,0	4,8
BE	0,3	0,3	0,2	0,2
BB	79,7	72,8	57,5	54,7
MV	69,2	67,4	48,5	45,3
SN	78,8	75,5	58,0	54,3
ST	79,3	74,0	58,7	53,5
TH	148,8	137,8	115,2	108,1
<b>BRD</b>	<b>1.643,7</b>	<b>1.572,6</b>	<b>1.171,8</b>	<b>1.118,9</b>

### Aktuelle Tierbestände

#### *Rinderbestand*

Mit Stand vom 31.12.2013 weist die Auswertung der HI-Tier-Datenbank für Deutschland 158.915 Rinderhalter (Tabelle 1) und 12,663 Mio. Rinder (Tabelle 2) aus. Zu diesem Zeitpunkt standen 45,17 Prozent der gehaltenen Rinder in Betrieben mit mehr als 200 Tieren, dies entspricht einer Zunahme von 2,20 Prozent gegenüber dem Vorjahr. Diese Zunahme ist vor allem einem Rückgang der Kleinbestände geschuldet. Standen im Jahr 2012 noch 1.551.086 Rinder in Betrieben mit bis zu 50 Tieren, so waren dies Ende des Jahres 2013 nur noch 1.490.329 Rinder, ein Rückgang um 60.757 Tieren oder 3,92 Prozent. Betriebe mit Beständen bis zu 50 Tieren (90.879 Betriebe) haben um 3.338 gegenüber dem Vorjahr (94.217 Betriebe) abgenommen, damit waren im Jahr 2013 am Jahresende 3,54 Prozent weniger Kleinbestände gemeldet. Im gleichen Zeitraum haben Rinderhaltungen mit über 200 Tieren um weitere 5,50 Prozent zugenommen, von 14.466 Betrieben (2012) auf 15.262 Betriebe (2013). Die Gesamtzahl der Rinderhalter hat sich gegenüber dem Jahr 2012 um 2,57 Prozent verringert, von 163.111 (2012) auf 158.915 (2013), wobei der Rinderbestand insgesamt in Deutschland seit 2008 wieder etwas zugelegt hat. Der Bestand hat gegenüber dem Vorjahr um 1,02 Prozent von 12,54 Mio. auf 12,66 Mio. zugenommen, was einer Bestandszunahme von 127.984 Rindern entspricht.

#### **Handelsverkehr**

Bei der Beurteilung des Viehbestandes spielt der Handel eine nicht unerhebliche Rolle.

### Inneregemeinschaftliches Verbringen nach Deutschland

War in den Jahren 2005 bis 2006 eine kontinuierliche Zunahme der Anzahl innergemeinschaftlich nach Deutschland verbrachter Rinder zu verzeichnen, hat sich der Trend in den Folgejahren 2007 und 2008 umgekehrt. Der bereits im Vorjahr beobachtete Abwärtstrend der Verbringungen von Zucht- und Schlachtrindern in die Bundesrepublik hat sich im Jahr 2013 weiter fortgesetzt, auf einen Tiefpunkt seit dem Jahr 2005 mit 93.671 Stück Vieh. Die absoluten Werte sind in Tabelle 5 dargestellt und Abbildung 3 zeigt den Trend für die innergemeinschaftliche Verbringung von Vieh aus verschiedenen EU-Ländern nach Deutschland. Gegenüber 2012 ist ein weiterer Rückgang um 4,18 Prozent zu verzeichnen.

Aus insgesamt 19 Mitgliedsstaaten wurden Rinder innergemeinschaftlich nach Deutschland verbracht, wobei im Vergleichszeitraum der Jahre 2005 bis 2013 erhebliche Verschiebungen bei den Herkunftsländern zu verzeichnen waren. Die Hauptlieferländer im Jahr 2013 waren die Tschechische Republik, Österreich, die Niederlande, Frankreich, Luxemburg und Litauen, in geringerem Umfang Belgien, Polen, Italien, Lettland und Dänemark. Tierlieferungen aus Estland, Rumänien und Ungarn sind sehr stark zurückgegangen. Bei vielen Ländern ist ein Rückgang der Verbringungen zu verzeichnen. Abbildung 4 verdeutlicht den kumulativen Stand, hinsichtlich der über den Zeitraum 2007 bis 2013 nach Deutschland innergemeinschaftlich verbrachten Rinder.

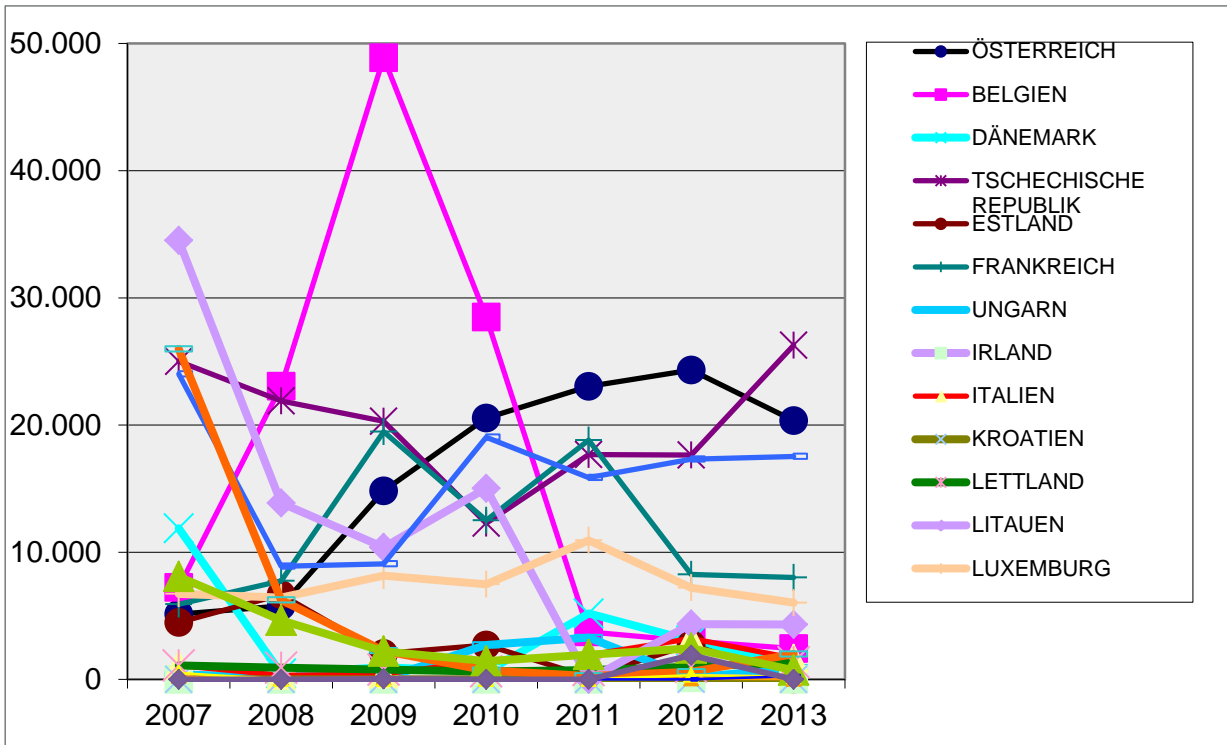


Abb. 3: Innergemeinschaftliche Rinderverbringungen nach Deutschland 2007-2013 (Quelle: Eurostat). Zur besseren Darstellung wurden die Länder Bulgarien, Schweden und das Vereinigte Königreich wegen der geringen Verbringungszahlen nicht berücksichtigt (Werte in Tabelle 5)

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 5: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz 2007-2012

(Quelle: Eurostat)

Verbringungsländer	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Belgien	7.229	23.054	48.875	28.490	3.741	3.015	2.431
Bulgarien	0	0	3	0	0	0	0
Dänemark	11.879	467	961	598	5.184	3.056	1.305
Estland	4.477	6.675	2.032	2.705	203	2.758	29
Frankreich	5.917	7.752	19.481	12.508	18.812	8.253	8.016
Irland	1	2	0	0	6	128	1
Italien	1.096	330	429	1.473	1.921	3.227	1.665
Lettland	1.095	923	773	623	735	997	1.342
Litauen	34.515	13.869	10.386	15.029	0	4.351	4.317
Luxemburg	6.729	6.433	8.158	7.486	10.931	7.204	6.029
Niederlande	24.006	8.897	9.083	19.043	15.863	17.317	17.526
Österreich	5.136	5.777	14.820	20.546	23.041	24.330	20.354
Polen	25.979	6.243	2.248	716	270	594	1.993
Portugal	0	0	0	0	0	0	0
Rumänien	8.089	4.643	2.211	1.443	1.946	2.451	725
Schweden	0	1	0	0	0	0	0
Schweiz	236	65	128	14	76	55	25
Slowakei	510	0	0	0	0	338	223
Slowenien	0	0	0	0	0	0	257
Spanien	0	1	35	0	0	1.901	0
Tschechische Republik	25.005	21.894	20.301	12.277	17.681	17.645	26.269
Ungarn	406	136	71	2.705	3.284	133	891
Vereinigtes Königreich	0	12	5	0	2	5	273
<b>Gesamtverbringung Rinder</b>	<b>162.305</b>	<b>107.174</b>	<b>140.000</b>	<b>125.656</b>	<b>103.696</b>	<b>97.758</b>	<b>93.671</b>

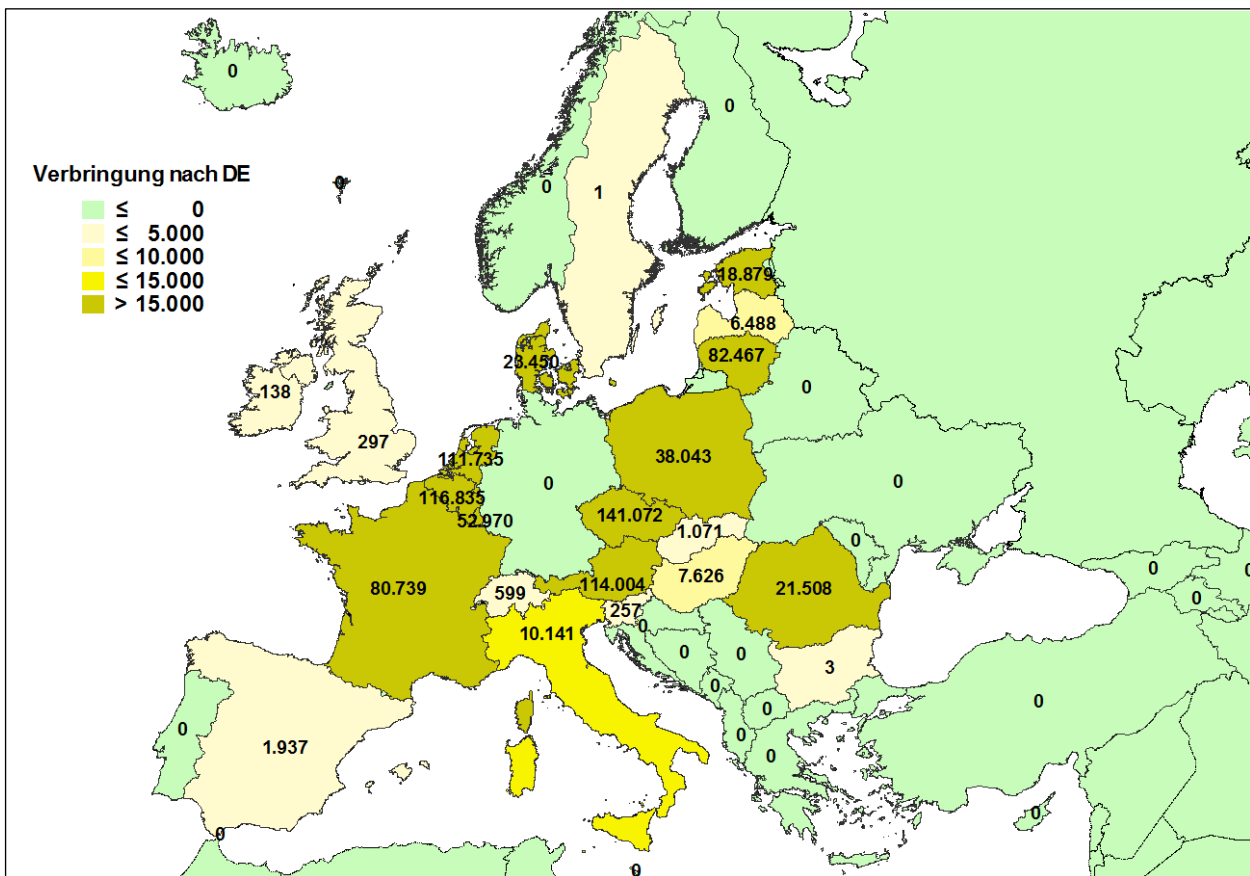


Abb. 4: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz in Stück Vieh 2007-2013 (Quelle: Eurostat)

### Innergemeinschaftliches Verbringen aus Deutschland und Exporte in Drittstaaten

Beim Verbringen von Schlacht- und Zuchtrindern aus Deutschland in EU-Mitgliedsstaaten und die Schweiz setzt sich der bereits im letzten Jahr beobachtete Trend einer Konsolidierung über den Beobachtungszeitraum (2005-2013) fort. Der Höchststand im Jahr 2005 mit 590.403 Rindern, die aus Deutschland innergemeinschaftlich verbracht wurden, wurde im Jahr 2013 überschritten sein, im Jahr 2013 wurden 595.950 Rinder aus Deutschland verbracht, gegenüber dem Vorjahr ist dies eine Zunahme um 10,17 Prozent (siehe Tabelle 6).

Deutschland verbrachte innergemeinschaftlich im Jahr 2013 Rinder in 22 EU-Mitgliedsländer, nur nach Finnland, Portugal, Slowakei, Schweden, Mal-

ta und Zypern wurden keine Verbringungen durchgeführt, dafür erstmals nach Kroatien. Die Verbringungen in das Nicht-EU-Land Schweiz haben sich wieder etwas zugenommen. Hier scheint die erfolgreiche BHV-1 Bekämpfung in Deutschland und hier besonders in Bayern eine Rolle zu spielen. Die Niederlande sind der Hauptempfänger für deutsche Rinder, gefolgt mit großem Abstand bei Spanien, Belgien, Italien und Frankreich (siehe Tabelle 6). Der Trend für Rinderverbringungen aus Deutschland für die einzelnen EU-Länder ist in Abbildung 5 dargestellt, wobei sich der große Zahlenunterschied negativ auf die Darstellungsmöglichkeit auswirkt. Viele Länder überlagern sich auf niedrigem Niveau. Abbildung 6 verdeutlicht den Stand hinsichtlich der kumulativ über den Zeitraum 2007 bis 2013 verbrachten Rinder.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 6: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz 2007-2013

(Quelle: Eurostat)

Verbringungsländer	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Belgien	11.282	12.009	21.571	33.745	33.202	18.634	18.244
Bulgarien	1.573	427	74	289	278	232	193
Dänemark	29	3	8	22	7	37	69
Estland	0	0	0	0	703	28	13
Frankreich	64.179	17.666	18.167	21.770	11.698	14.095	16.872
Griechenland	1.391	1.794	2.517	1.203	624	277	480
Irland	307	25	0	0	0	1.578	177
Italien	39.965	20.144	44.567	41.548	47.970	27.037	17.011
Kroatien	0	0	0	0	0	0	663
Lettland	2.218	717	387	609	757	594	1.096
Litauen	13.076	2.567	335	1.254	433	213	203
Luxemburg	1.663	1.277	4.920	1.341	3.032	2.459	2.240
Niederlande	297.174	311.451	386.709	403.680	414.531	432.032	472.705
Österreich	4.594	1.885	4.558	1.355	1.041	94	1.484
Polen	6.874	2.979	1.922	5.982	6.143	4.421	6.008
Portugal	709	258	1.224	929	291	115	0
Rumänien	1.204	470	422	1.010	761	489	1.631
Schweden	0	0	0	0	0	17	0
Schweiz	0	0	205	481	255	142	321
Slowakei	175	33	7	517	212	98	0
Slowenien	35	0	0	0	2	67	2
Spanien	62.498	35.160	56.530	50.257	35.087	30.839	47.701
Tschechische Republik	560	292	250	189	81	1.927	809
Ungarn	4.128	1.783	1.841	9.056	5.835	2.298	3.645
Vereinigtes Königreich	104	325	1.278	1.929	1.577	3.188	4.383
Zypern	0	0	0	0	0	30	0
<b>Gesamtverbringung Rinder</b>	<b>513.738</b>	<b>411.265</b>	<b>547.492</b>	<b>577.166</b>	<b>564.520</b>	<b>540.941</b>	<b>595.950</b>



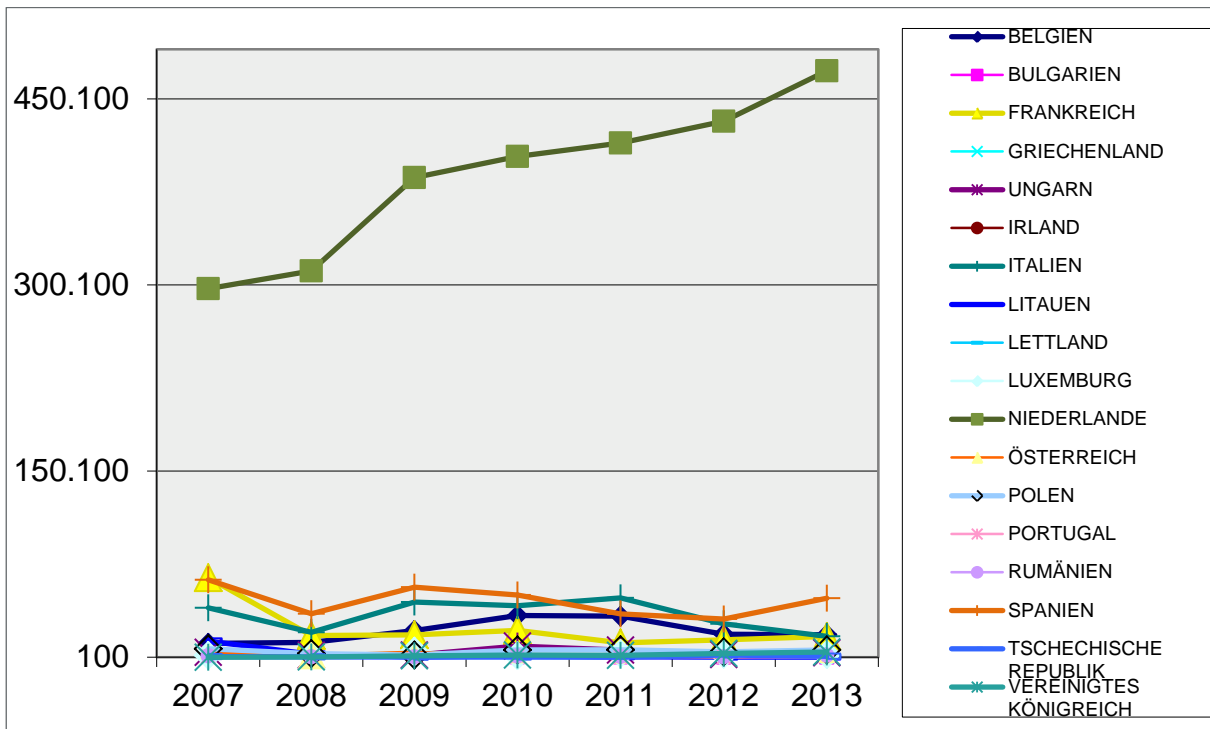


Abb. 5: Rinderverbringungen aus Deutschland in andere EU-Länder und die Schweiz 2007-2013 (Quelle: Eurostat). Zur besseren Darstellung wurden Dänemark, Estland, Finnland, Malta, Schweden, Schweiz, Slowakei, Slowenien und Zypern wegen der geringen Verbringunzshen nach Deutschland nicht berücksichtigt (Werte in Tabelle 6)

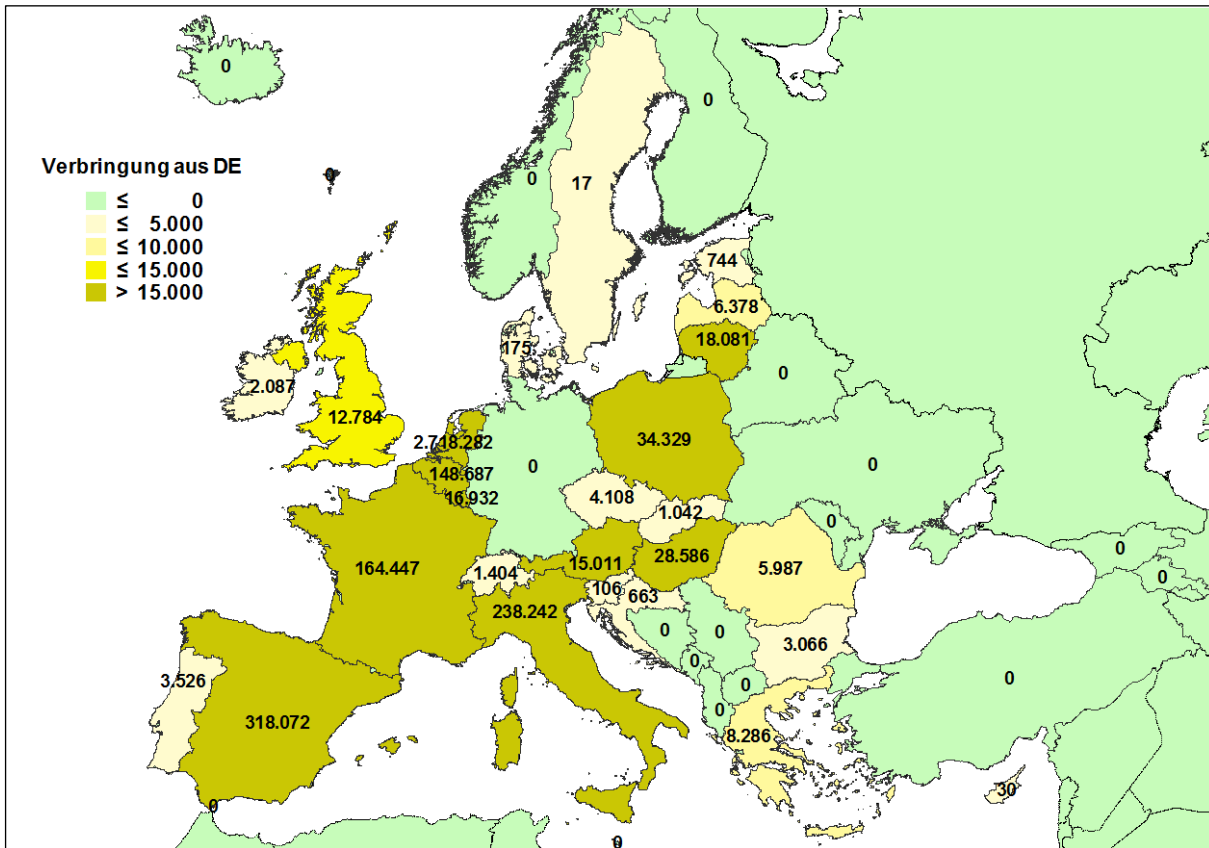


Abb. 6: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz in Stück Vieh 2007-2013 (Quelle: Eurostat)

In den Jahren 2007 bis 2013 exportierte Deutschland Rinder in 31 Drittstaaten, wie die Daten von EUROSTAT belegen. Im Berichtsjahr 2013 war ein deutlicher Rückgang der Ausfuhrzahlen zu verzeichnen. Die Ausfuhr bewegen sich wieder auf eine Ebene zu, die im Jahre 2008 erzielt wurde (siehe Tabelle 7). Der Export in Drittländer hat gegenüber dem Vorjahr um knapp ein Fünftel abgenommen (17,62 %).

Die wichtigsten Empfängerländer waren die Algerien, Marokko, Libanon, Türkei und Kuwait. Auffällig ist der sehr starke Rückgang von Rinderexporten in die Russische Föderation und Aserbaidschan, Kroatien ist seit 1. Juli 2013 EU Mitgliedsstaat. Betrachtet man die Zahlen für die einzelnen Länder, so sind starke Schwankungen im Beobachtungszeitraum feststellbar. Neu hinzugekommen sind Ausfuhr nach Mauretanien, Moldawien und Ruanda.

Tabelle 7: Rinderexporte aus Deutschland in Drittländer 2007-2013

(Quelle: Eurostat)

Ausfuhr Drittländer	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Ägypten	0	0	1.175	6.129	4.789	1.432	1.412
Albanien	132	63	215	66	0	66	0
Algerien	0	0	7.408	10.553	8.661	8.786	12.244
Armenien	0	0	0	263	0	90	634
Aserbaidshan	0	0	613	214	1.398	2.923	559
Australien	30	0	0	0	0	0	0
Bahrain	0	33	0	0	0	0	0
Bosnien-Herzegowina	820	1.516	196	1.141	301	332	450
Burundi	0	0	0	0	0	102	0
Eh. Rep. Jugosl. Mazedonien	96	0	0	0	136	0	192
Georgien	292	177	0	0	64	0	65
Jordanien	0	0	0	433	262	0	0
Kasachstan	0	0	0	7	3.546	0	0
Kosovo	62	0	0	222	92	0	163
Kroatien*	3.516	3.323	1.856	4.824	8.197	1.452	0
Kuwait	0	0	0	0	2.544	2.886	2.259
Libanon	1.028	4.479	7.291	10.767	4.322	2.359	3.550
Liberia	0	0	37	0	0	0	0
Libyen	0	0	276	0	0	1.852	293
Marokko	4.632	6.074	11.222	16.154	11.653	4.584	4.897
Mauretanien	0	0	0	0	0	0	33
Moldawien	0	0	0	0	0	0	93
Montenegro	0	0	0	0	0	82	28
Süd-Korea	98	5	0	0	0	0	0
Ruanda	0	0	0	0	0	0	149
Russische Föderation	31.944	12.107	4.862	4.733	10.054	773	937
Saudi-Arabien	0	32	0	0	0	0	0
Serbien	519	784	257	459	3.011	2.114	22
Sudan	0	0	0	0	0	250	0
Tunesien	0	90	420	1.156	627	244	1.091
Türkei	0	229	20	0	886	9.295	3.146
Ukraine	2.236	2.051	1.930	930	1.793	255	38
Usbekistan	165	1.043	1.333	266	2.630	0	1.599
Vereinigte Arab. Emirate	0	0	0	0	0	1.218	0
<b>Gesamt Ausfuhr</b>	<b>45.570</b>	<b>32.006</b>	<b>39.111</b>	<b>58.317</b>	<b>64.966</b>	<b>41.095</b>	<b>33.854</b>

\*) Kroatien ist seit dem 1. Juli EU Mitgliedsstaat

### Kapitel 4 Fallstatistiken

#### Vorkommen von anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2013

Homeier T., Conraths F. J.

#### Anzeigepflichtige Tierseuchen

##### Einführung

Die Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen umfasste im Berichtszeitraum 2013 insgesamt 55 Tierseuchen, wovon 24 noch nie in Deutschland aufgetreten sind. Im Jahr 2013 wurden Neuausbrüche von 14 anzeigepflichtigen Tierseuchen im TSN dokumentiert (Tabellen 1 und 2).

Die Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen liegt auf dem Niveau der letzten Jahre. Bei der Zahl der BVD-Ausbrüche setzt sich der Abwärtstrend fort. Nicht mehr festgestellt wurden Ansteckende Anämie der Einhufer, Aujeszkysche Krankheit und Milzbrand.

##### Aviäre Influenza

Im Jahr 2013 wurden im Rahmen des routinemäßigen und EU-kofinanzierten Wildvogel- und Geflügelmonitorings 9.163 Stück Geflügel und 1.207 Wildvögel untersucht.

a) Hochpathogene aviäre Influenza (HPAI)

Es wurde kein hochpathogenes aviäres Influenzavirus (HPAIV) festgestellt.

b) Niedrigpathogene aviäre Influenza (NPAI)

Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus (NPAIV) des Subtyps H5 wurde in drei Geflügelbeständen festgestellt (Baden-Württemberg, Brandenburg und Thüringen). Der Subtyp H7 wurde in sieben Geflügelbeständen festgestellt. Sechs dieser Bestände befanden sich in Niedersachsen und einer in Nordrhein-Westfalen. Bei Wildvögeln wurde im Rahmen des aktiven Monitorings ein positiver Nachweis für NPAIV des Subtyps H5 geführt (Mecklenburg-Vorpommern). Der Subtyp H7 wurde bei Wildvögeln nicht nachgewiesen.

##### BHV1-Infektion (Stand der Sanierung)

Nachdem Bayern im Oktober 2011 als frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis anerkannt wurde, hat Thüringen inzwischen ein Anerkennungsverfahren für eine „Artikel 10“-Anerkennung nach der Richtlinie 64/432/EWG eingeleitet. Die Länder Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Berlin und Mecklenburg-Vorpommern bereiten einen gemeinsamen abgestimmten Antrag vor. Mit Ausnahme von Schleswig-Holstein haben die übrigen Länder inzwischen zur Spitzengruppe freier oder fast freier Bundesländer aufgeschlossen. Der Prozentsatz BHV 1-freier Betriebe hat sich von 94,1 % (2012) auf 95,6 % in 2013 erhöht.

##### Blauzungenkrankheit

Im Jahr 2013 wurden im Rahmen des Monitoringprogramms gemäß der Verordnung EG Nr. 1266/2007 22.004 Rinder, Schafe und Ziegen auf BTV untersucht. Dabei gab es keinen Hinweis auf ein Zirkulieren des Virus.

##### Bovine Virusdiarrhoe Typ 2

Ende 2012 gab es Berichte von Landwirten über schwere klinische Symptome, wie wässrigen oder blutigen Durchfall und perakutes Verenden. Bei insgesamt 23 Betrieben wurde eine Infektion mit BVD-Virus vom Typ 2 festgestellt. Der Initialausbruch war den Ermittlungen zufolge ein Bestand in Nordrhein-Westfalen. Der vermutete Eintragszeitpunkt in diesen Bestand liegt Mitte bis Ende Oktober 2012, wobei jedoch nicht ausgeschlossen werden kann, dass das Virus in der Region schon länger zirkuliert, auch wenn dies aufgrund der starken

klinischen Symptomatik eher unwahrscheinlich ist. Der wahrscheinlichste Einschleppungsweg war der Zukauf von Tieren. Von diesem Bestand wurde die Infektion wahrscheinlich über Tier- und Personenkontakte (Tierarzt; Landwirte) in weitere Bestände verschleppt. Die Auswirkungen für die betroffenen Betriebe waren erheblich. So hatten die Betriebe in einzelnen Ställen Verluste bis zu 60 % und die Betriebe wurden, um eine weitere Ausbreitung der Seuche zu verhindern, gesperrt.

### **Klassische Schweinepest**

Im Rahmen des Monitorings wurden 41.883 Wildschweine und 41.257 Hausschweine virologisch mit negativem Ergebnis untersucht.

### **Tollwut**

Zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status gemäß den OIE-Kriterien wurden im Jahr 2013 bundesweit insgesamt 5.901 Tiere (davon 3.916 Füchse) mit negativem Ergebnis auf Tollwut (Rabiesvirus, Genotyp 1) getestet.

### **Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (TSE)**

#### ***Scrapie bei Schaf und Ziege***

Im Rahmen des TSE-Überwachungsprogramms gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurden im Jahr 2013 20.647 Schafe und 3.101 Ziegen getestet. In sieben Schafherden wurde Scrapie amtlich festgestellt, wobei insgesamt sieben Tiere betroffen waren.

### ***Bovine Spongiforme Enzephalopathie beim Rind (BSE)***

Basierend auf der Untersuchung von 496.382 Rindern gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurde im Jahr 2013 kein BSE-Fall diagnostiziert.

### **Tuberkulose der Rinder**

Im Vergleich zum Jahr 2012 mit 24 Ausbrüchen stieg die Anzahl im Jahr 2013 auf 46 Ausbrüche, in den Bundesländern Bayern (35), Baden-Württemberg (7) und Niedersachsen (4). Dreiundzwanzig Ausbrüche wurden im Zuge eines lokalen Monitoring Programms (BY) festgestellt, elf bei Kontaktuntersuchungen, sechs Fälle bei der amtlichen Fleischuntersuchung, vier auf Grund klinischer Symptome und zwei bei nicht näher definierten Bestandsuntersuchungen.

Infolge einer lebhaften Diskussion über die Effizienz der amtlichen Tuberkulose-Diagnostik wurde die Tuberkulose-Verordnung im Jahr 2013 erneut überarbeitet. Eine wesentliche Änderung ist die Ausbruchsdefinition: Nur noch der direkte Nachweis des Erregers oder seiner DNA führt zur Feststellung eines Ausbruchs.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 1: Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen in den Jahren 2004 bis 2013 gemäß TSN  
(Stand: 14.07.2014)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Affenpocken	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Amerikanische Faulbrut	260	309	174	257	150	164	193	206	268	229
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	-	-	7	2	10	5	27	5	12	-
Ansteckende Schweinelähmung (Teschener Krankheit)*	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
Aujeszkysche Krankheit**	-	-	-	-	-	4	3	-	-	-
Blauzungenkrankheit	-	-	890	20812	5124	145	-	-	-	-
Bovine Herpesvirus Typ-1-Infektion (alle Formen)	70	51	31	32	25	42	40	31	26	14
Bovine Virus Diarrhoe	1076	1018	1576	1342	1317	1584	5374	8568	4391	2163
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	2	-	2	-	6	3	-	1	-	-
Enzootische Leukose der Rinder	13	15	12	9	7	4	1	2	3	2
Geflügelpest (HPAI)	-	-	336	332	33	7	-	-	-	-
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	7	12	12	6	6	6	5	9	6	5
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	-	-	49	230	173	109	111	76	73	70
Milzbrand	-	-	-	-	-	2	-	-	1	-
Newcastle Krankheit	-	-	-	-	1	-	2	-	-	-
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel							3	23	3	10
Rauschbrand	15	15	48	23	34	14	22	13	10	6
Salmonellose der Rinder	153	107	122	101	123	84	98	111	102	77
Klassische Schweinepest	3	24	52	11	-	52	-	-	-	-
Tollwut	48	59	12	6	11	5	6	11	14	-
Transmissible Spongiforme Enzepha- lopathie (alle Formen)	108	59	39	20	9	14	13	19	8	-
Trichomonadenseuche der Rinder	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Tuberkulose der Rinder ( <i>Mykobakteri- um bovis</i> und <i>Mykobakterium caprae</i> )	10	6	5	12	23	23	11	5	23	46
Vibrionenseuche der Rinder	8	4	6	7	9	6	-	1	3	3
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	22	36	33	28	32	36	24	22	12	12

\*nicht mehr anzeigepflichtig seit 19.07.2011

\*\*gemeldete Fälle genügen aufgrund der Wildtier-assoziaton nicht der Falldefinition

Tabelle 2: Monatliche Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen im Jahr 2013 gemäß TSN  
 (Stand: 14.07.2014)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Ges
Amerikanische Faulbrut	0	0	2	20	37	36	47	38	24	14	8	3	229
Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)	1	1	2	1	3	0	0	1	0	2	0	3	14
Bovine Virus Diarrhoe	252	209	223	194	208	190	196	201	156	141	110	83	2163
Enzootische Leukose der Rinder	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	0	0	0	0	2	1	1	0	1	0	0	0	5
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	0	0	0	0	2	5	22	27	13	1	0	0	70
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	0	1	1	3	3	0	0	0	0	0	1	1	10
Rauschbrand	0	0	0	0	0	1	3	0	0	1	1	0	6
Salmonellose der Rinder	4	5	4	1	5	2	11	11	12	6	7	9	77
Tollwut	0	0	1	0	3	1	2	2	0	0	0	1	10
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	2	0	7
Tuberkulose der Rinder ( <i>Mykobakterium bovis</i> und <i>Mykobakterium caprae</i> )	6	5	9	10	7	3	1	1	1	0	2	1	46
Vibrionenseuche der Rinder ( <i>C. fetus</i> )	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	3
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	0	0	1	2	1	4	2	0	0	1	1	0	12

## Meldepflichtige Tierkrankheiten

### Einführung

Gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (Verkündigungsstand 17. April 2014) unterlag im Jahr 2013 der diagnostische Nachweis von 23 Tierkrankheiten durch die untersuchenden Einrichtungen den jeweils zuständigen Behörden der Meldepflicht. Im Berichtszeitraum lediglich für die transmissible virale Gastroenteritis des Schweines (TGE) wurden im Berichtszeitraum keine Fälle gemeldet.

### Schmallenberg-Virusinfektion

Im Jahr 2013 wurden im Rahmen der am 30. März 2012 eingeführten Meldepflicht 436 Fälle von Schmallenberg-Virusinfektionen gemeldet. Häufig wurde dabei ein Antikörpernachweis geführt. Im Gegensatz zur Fallverteilung im Jahr 2012 wurde die überwiegende Zahl der Fälle in Bayern registriert.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 3: Zusammenfassende Darstellung der meldepflichtigen Tierkrankheiten seit dem Jahr 2009 gemäß TSN (Stand: 14.07.2014)

Meldepflichtige Tierkrankheit	2009	2010	2011	2012	2013
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	7	5	12	7	15
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	302	252	263	315	548
Chlamydiose*	171	160	182	243	290
Echinokokkose	716	676	853	379	370
Equine Virus-Arteritis	6	11	8	5	6
Gumboro Krankheit	2	4	1	5	9
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	21	11	12	25	14
Leptospirose	45	56	59	90	83
Listeriose ( <i>Listeria monocytogenes</i> )	175	200	148	198	165
Maedi/Visna**	48	39	49	40	23
Mareksche Krankheit (akute Form)	48	47	52	58	46
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	1	2	2	3	1
Paratuberkulose	386	431	482	468	499
Q-Fieber	139	138	176	246	205
Salmonellose ( <i>Salmonella</i> spp. außer Rind)	849	908	1004	1189	1132
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	11	6	0	3	4
Schmallenberg-Virus-Infektion***			8	2052	436
Toxoplasmose	23	33	30	42	18
Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines (TGE)	4	0	5	1	0
Tuberkulose ausgenommen <i>Mycobacterium bovis</i> und <i>Mycobacterium caprae</i> bei Rindern	94	93	101	88	81
Tularämie	14	25	11	20	30
Verotoxin (=Shiga-Toxin)-bildende <i>Escherichia coli</i>	8	4	26	21	44
Visna	0	1	0	0	0
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	6	11	10	2	12

\* bis 26.02.2011 Chlamydiose außer Psittakose

\*\* bis 26.02.2011 Maedi bzw. Visna (Zahlen der Vorjahre wurden addiert)

\*\*\* Meldepflicht erst ab 30.03.2012 (freiwillige Meldungen ab dem Auftreten der SBV-Infektion Ende 2011)



Tabelle 4: Mitteilungen zu den meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2013 gemäß TSN  
 (Stand: 14.07.2014)

Meldepflichtige Tierkrankheit	Einhufer	Rinder	Schweine	Schafe	Ziegen	Hunde	Katzen	Hasen	Puten	Gänse	Enten	Hühner	Tauben	Andere
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Campylobacteriose (thermophile <i>Campylobacter</i> )	0	21	0	4	0	360	89	0	2	1	8	33	0	30
Chlamydiose ( <i>Chlamydomphila</i> spp.)*	1	158	0	33	5	0	5	0	2	0	0	20	15	52
Echinokokkose	0	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	0	366
Equine Virus-Arteritis	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gumboro Krankheit	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0
Leptospirose	2	5	70	0	1	3	0	0	0	0	0	0	0	2
Listeriose ( <i>Listeria monocytogenes</i> )	0	77	1	49	19	0	0	0	0	0	0	5	0	14
Maedi/Visna**	0	0	0	21	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mareksche Krankheit (akute Form)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	46	0	0
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Paratuberkulose	0	482	0	6	10	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Q-Fieber	0	198	0	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Salmonellose ( <i>Salmonella</i> spp. außer Rind)	19	0	543	53	3	140	35	0	8	11	6	85	68	165
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	0	0	0	1	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0
Schmallenberg-Virus-Infektion***	0	374	0	60	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Toxoplasmose	1	0	0	0	1	0	14	0	0	0	0	0	0	2
Tuberkulose ausgenommen <i>M. bovis</i>	0	0	7	0	0	0	2	0	0	0	3	37	1	31
Tularämie	0	0	0	0	0	0	0	30	0	0	0	0	0	0
Verotoxin-bildende <i>Escherichia coli</i>	0	9	30	0	0	5	0	0	0	0	0	0	0	0
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	9

\* bis 26.02.2011 Chlamydiose außer Psittakose

\*\* bis 26.02.2011 Maedi bzw. Visna (Zahlen der Vorjahre wurden addiert)

## Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten

### 1. Afrikanische Schweinepest – African Swine Fever

Blome S., Beer M., Homeier T.

#### Summary

African swine fever virus (ASFV), the causative agent of African swine fever (ASF) is a large, complex, enveloped and double-stranded DNA virus. ASFV is the only member of the Asfarviridae family.

The virus causes a severe multisystemic disease in pigs (domestic and wild) that can resemble a viral haemorrhagic fever with high mortality rates. In contrast, inapparent infections are seen in the natural host, the warthog. The latter is involved in a sylvatic cycle with soft ticks of the genus *Ornithodoros*. These ticks are competent vectors for ASFV and thus, ASFV is the only known DNA ARBO virus (arthropode-borne virus). Once introduced into domestic pigs or wild boar populations, disease transmission occurs mainly via direct contact between susceptible animals (independently from vector presence).

Current ASFV isolates are highly virulent and cause a severe, but non specific disease in domestic as well as in feral pigs of all ages.

#### Allgemeine Informationen

Die ASP wird durch ein großes, sehr komplexes, behülltes DNA-Virus verursacht. Das Virus der ASP (ASPV) ist der bisher einzige Vertreter der Virusfamilie *Asfarviridae* (*African Swine Fever And Related Viruses*) und des darin enthaltenen Genus *Asfivirus*. Die natürlichen Vertebratenwirte sind ausschließlich Haus- und Wildschweine.

Eine wichtige Besonderheit dieses Virus ist, dass es das einzige bekannte ARBO (*arthropod-borne virus*) Virus mit DNA-Genom darstellt. Kompetente Vektoren

sind Lederzecken der Gattung *Ornithodoros*, die insbesondere auf dem afrikanischen Kontinent und im Mittelmeerraum in den Übertragungszyklus der ASP eingebunden waren bzw. sind. In Deutschland spielen diese Zecken mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit keine Rolle. Andere Zeckenarten, insbesondere die heimischen Schildzecken, sind keine kompetenten Vektoren; eine mechanische Überträgerfunktion ist jedoch nicht vollkommen auszuschließen. Gleiches gilt für andere blutsaugende Arthropoden, aasfressende Vögel und Prädatoren.

Das Virus ist in der Hausschweinepopulation und in eurasischen Wildschweinen nicht auf die Vektorübertragung angewiesen. Der direkte Kontakt zu infizierten Schweinen und deren Produkten ist hier als Hauptübertragungsweg anzusehen. Der Kontakt mit Blut in jeder Form (auch bluthaltige Se- und Exkrete etc.) ist dabei der effizienteste Übertragungsweg, insgesamt ist die Kontagiosität des Virus moderat.

Die aktuellen ASPV-Isolate sind hoch virulent und führen in Haus- und Wildschweinen aller Altersstufen zu einer schweren aber unspezifischen Allgemeinerkrankung. Die Letalität beträgt unter experimentellen Bedingungen fast immer 100 %. Dies gilt sowohl für aktuelle Stämme aus Russland und den angrenzenden Regionen als auch aus Sardinien.

Das Kardinalsymptom ist hohes Fieber, das nicht selten über 41 °C steigt (ließe sich vom englischen Namen ableiten: „African swine fever“). Des Weiteren treten Anorexie, respiratorische und gastro-

intestinale Symptome, Zyanosen (insbesondere bei Erregung), Festliegen und perakute Todesfälle auf. In wenigen Fällen wurden auch klinisch hämorrhagische (Epistaxis, hämorrhagische Diarrhoe, großflächige Hämatome, Petechien) oder zentralnervöse Symptome beobachtet. Trächtige Sauen können verferkeln. Der Tod der Tiere tritt binnen 10 Tagen ein.

Antikörper wurden nach experimentellen Infektionen nur in sehr wenigen Fällen gefunden. Diese sind nicht in der Lage, das Virus zu neutralisieren. Zu den Befunden, die nach Infektionen mit den kaukasischen und sardischen ASPV-Isolaten erhoben wurden, gehörten insbesondere vergrößerte, hämorrhagische Lymphknoten im Leber-/Magenbereich, Lungenödeme, Petechien in den Nieren und der Harnblase sowie hämorrhagische Gastritiden und Gallenblasenwand und -bettödeme. Eine ausgeprägte Splenomegalie, wie sie in Lehrbüchern beschrieben wird, ist nicht immer zu finden.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Aufgrund der hohen Virulenz ist davon auszugehen, dass ein Eintrag der ASP in die Schwarzwildpopulation mit einem vermehrten Auftreten von Fallwild einhergeht. Schulungen und Informationen der Jägerschaft, auch hinsichtlich des Risikos von Jagdreisen in betroffene Regionen, sind dringend notwendig. Aufgefundene Wildkörper können mittels Tupferproben (Aufnahme bluthaltiger Flüssigkeiten aus Körperhöhlen) auf virales Genom untersucht werden (siehe Abbildungen 1 und 2). Entsprechende Verfahren wurden am nationalen Referenzlabor erprobt.

Landwirte sind dahingehend zu schulen, dass beim Auftreten akuter Symptome, die nicht klar einer anderen Erkrankung zugeordnet werden können, und insbesondere auf Antibiotikagabe nicht ansprechen, geeignete Proben zur Abklärung einer mögli-

chen Schweinepestinfektion an die zuständigen Untersuchungseinrichtungen der Länder weitergeleitet werden sollten. Die Methodik (real-time PCR) steht in den entsprechenden Laboren zur Verfügung und wird regelmäßig durch Ringversuche überprüft.

### Statistische Angaben

Aufgrund der Entwicklung in den östlichen Nachbarländern der EU und der daraus resultierenden geänderten Bedrohungslage innerhalb der EU ist die ASP routinemäßig in die Ausschlussdiagnostik (entsprechend Schweinehaltungs-Hygiene VO) aufgenommen worden. Statistische Angaben zu den erfolgten Untersuchungen lagen bei Redaktionsschluss noch nicht abschließend vor.

### Staatliche Maßnahmen

Entsprechend der Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen unterliegt die ASP der Anzeigepflicht.

In Deutschland wird die Bekämpfung der Seuche nach Maßgabe der aktuell gültigen Verordnung zum Schutz gegen die Schweinepest und Afrikanische Schweinepest (Schweinepestverordnung) durchgeführt.

Zur Bekämpfung stehen nur veterinärhygienische Maßnahmen zur Verfügung, da bislang alle Versuche einen Impfstoff zu entwickeln, fehlgeschlagen sind.

In Aufklärungskampagnen werden Schlacht- und Erntehelfer sowie Lastkraftfahrer aus den betroffenen Gebieten einbezogen, da bereits sehr geringe Virusmengen, wie sie z. B. in Rohwurst aus infiziertem Schweinefleisch auf einem Pausenbrot zu finden wären, für eine Infektion ausreichen können.



Abb. 1: Verschiedene Tupfer eignen sich für die Beprobung von Fallwild (Bluttupfer, Tupfer bluthaltiger Flüssigkeiten)

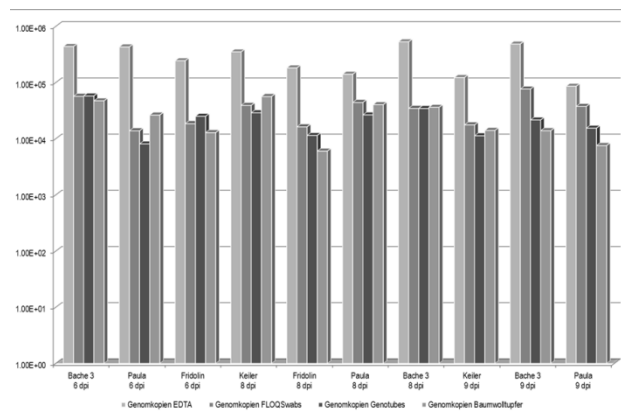


Abb. 2: Detektion von ASPV-Genom in EDTA-Blut und verschiedenen Bluttupfern (dargestellt in Genomkopien per µl)

## 2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen – American foulbrood

Schäfer, M. O.

### Summary

With 230 affected apiaries the number of outbreaks of American foulbrood (AFB) in Germany in 2013 was below the average over the last 18 years ( $\bar{x}$  = 294). The agent, *Paenibacillus larvae*, is detected by microbiological and molecular biological methods.

### Zusammenfassung

Die Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut (AFB) in Deutschland lag im Jahr 2013 mit 230 betroffenen Bienenständen unter dem Durchschnitt der letzten 18 Jahre ( $\bar{x}$  = 294; die Daten sind ab 1995 im TSN verfügbar). Der Erreger, *Paenibacillus larvae*, wird mit mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden nachgewiesen.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchungen auf AFB werden in den einzelnen Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. von den beauftragten Untersuchungsstellen durchgeführt. Das NRL wird nur in einzelnen Fällen zur Absicherung des Befundes herangezogen. Die hierbei verwendeten mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ des OIE aufgeführt.

### Statistische Angaben

In Deutschland werden von ca. 100.000 Imkern ca. 700.000 Bienenvölker gehalten. Die meisten Imker betreiben die Bienenzucht als Hobby oder im Nebenerwerb, nur sehr wenige sind Berufsimker. Nachdem die Zahl der Imker in Deutschland in den Jahren 1991 bis 2006 um ca. 20 % abnahm, wird seither im Zuge des gestiegenen öffentlichen Interesses an Bienen und deren Bestäubungsleistung

Jahr für Jahr ein leichter Anstieg verzeichnet. Die Zahl der Bienenstände, auf welchen die AFB ausgebrochen ist, stieg von 2008 bis 2012 kontinuierlich an und ist nun mit 230 Neuausbrüchen im Jahr 2013 erstmals wieder rückläufig (Tab. 1). Sie liegt somit deutlich unter dem Durchschnitt von 294 betroffenen Bienenständen der letzten 18 Jahre. Die Hintergründe hierfür bleiben offen.

Die meisten AFB-Ausbrüche wurden 2013 in den Bundesländern Bayern, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und Baden-Württemberg festgestellt (Abb. 1), was mit der vergleichsweise hohen Zahl der dort angesiedelten Bienenhalter zusammenhängen könnte (Tab. 2). Bezogen auf die Anzahl der Imker pro Bundesland war der Befall im Jahr 2013 in den Bundesländern Sachsen, Nordrhein-Westfalen, Schleswig-Holstein und Niedersachsen am höchsten (Tab. 2).

### Epidemiologische Untersuchungen

Im Juli 2013 sind die beauftragten Untersuchungsstellen darum gebeten worden, jeweils ein *Paenibacillus larvae*-Isolat aller bearbeiteten positiven AFB-Fälle an das NRL zu senden. Von allen eingewendeten Isolaten wurde im NRL der ERIC-Genotyp bestimmt, um einen Überblick über die geographische Verbreitung der ERIC-Genotypen in Deutschland zu bekommen. Von den 1022 bislang eingewendeten Isolaten konnten 530 dem Genotyp ERIC I und 492 dem Genotyp ERIC II zugeordnet werden, wie erwartet wurden die beiden Genotypen ERIC III und IV nicht nachgewiesen. Die Erhebung ist jedoch nicht flächendeckend, da sich nicht alle Untersuchungsstellen am Projekt beteiligen.

### Forschung

In einer Studie wurde das Potential der „matrix-assisted laser desorption/ionisation time-of-flight“-Massenspektrometrie (MALDI-TOF-MS) für die Unterscheidung der *Paenibacillus larvae* Genotypen ERIC I und II auf der Grundlage einer umfassenden Reihe von internationalen Isolaten untersucht. Unter Zuhilfenahme einer kommerziellen Software und einer aus Feld- und Referenzisolaten bestehenden Datenbank, konnte auf Basis von Massenspektren bei allen Feldisolaten der jeweilige Genotyp ERIC I oder ERIC II schnell und eindeutig bestimmt bzw. unterschieden werden. Durch Analysen von Proben aus Kanada und Neuseeland konnte außerdem gezeigt werden, dass die Verbreitung des Genotyps ERIC II nicht auf Europa beschränkt ist, wie vorher angenommen wurde.

### Staatliche Maßnahmen

Die Amerikanische Faulbrut ist eine anzeigepflichtige Tierseuche nach der Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen. Die AFB wird nach den Bestimmungen der Bienenseuchen-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 3.11.2004 (BGBl. I S. 2738) staatlich bekämpft. Ein Ausbruch der Seuche liegt vor, wenn die AFB amtlich festgestellt worden ist. Hierfür ist neben einem Auftreten von klinischen Symptomen im Bienenvolk der Nachweis des Erregers *Paenibacillus larvae* im Labor erforderlich. Die klinischen Symptome der AFB können je nach Erregertyp und begleitenden Infektionen variieren. Je früher infizierte Larven sterben, desto wahrscheinlicher werden diese von Arbeiterinnen bemerkt und aus den Brutzellen ausgeräumt, wodurch ein lückiges Brutbild entsteht. Sterben die Larven erst nach der Verdeckung der Brutzellen, wird in den Zellen in der Regel entweder eine breiige, milchkaffeebraun verfärbte, fadenziehende Masse vorgefunden, oder der Zellinhalt ist zu einem fest an der Zellwand haftenden Faulbrut-Schorf eingetrocknet.

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen in Deutschland seit 1995 (TSN; Stichtag: 28.02.2014)

Jahr	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Bienenstände	264	290	483	480	419	445	287	399	268	260	309	174	257	150	165	178	206	266	230

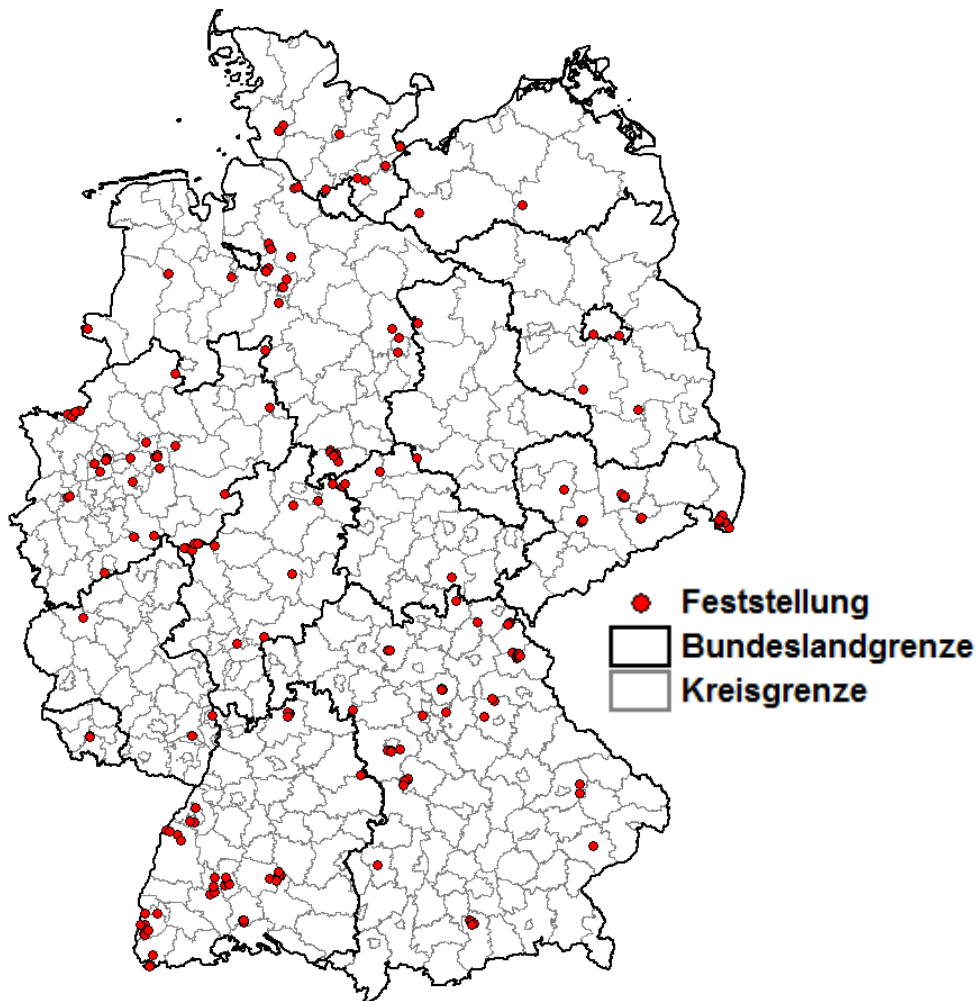


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2013 angezeigten Neuausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen (TSN; Stichtag: 28.02.2014)

Tabelle 2: AFB-Fälle im Verhältnis zum Umfang der Bienenhaltung

Bundesland	Fläche in km <sup>2</sup>	Anzahl Imker <sup>†</sup>	Imker pro km <sup>2</sup>	Anzahl AFB-Ausbrüche:	
				2013	Bezogen auf 1000 Imkereien
Schleswig-Holstein	15731	2724	0,17	10	3,67
Hamburg	755	586	0,78	0	0,00
Niedersachsen	47343	9301*	0,20	30	3,23
Bremen	404	**	**	0	-
Nordrhein-Westfalen	34070	10330*	0,30	42	4,07
Hessen	21114	7939	0,38	8	1,01
Rheinland-Pfalz	19846	5417*	0,27	3	0,55
Baden-Württemberg	35751	18460	0,52	48	2,60
Bayern	70553	24370	0,35	51	2,09
Saarland	2570	1389	0,54	4	2,88
Berlin	889	834	0,94	2	2,40
Brandenburg	29053	2046	0,07	2	0,98
Mecklenburg-Vorpommern	23170	1455	0,06	4	2,75
Sachsen	18338	3565	0,19	20	5,61
Sachsen-Anhalt	20443	1535	0,08	2	1,30
Thüringen	16251	2141	0,13	4	1,87

<sup>†</sup> nach Angaben des Deutschen Imkerbundes (DIB; Stichtag: 31.12.2013)

\* diese Imkerzahlen wurden mittels Angaben des DIB abgeschätzt

\*\* in den Zahlen für Niedersachsen enthalten



### 3. Aujeszky'sche Krankheit - Aujeszky's Disease (Pseudorabies)

Müller, T., Freuling, C., Mettenleiter, T. C.

#### Summary

In 2013 no case of Aujeszky's disease (AD, pseudorabies) was reported in Germany. Although Germany has been officially free from AD in the domestic pig population for thirteen years, like in many other European countries highly adapted PrV variants are circulating in the wild boar population. The nationwide serological monitoring program on PrV in wild boar launched by the German Ministry of Nutrition, Agriculture and Consumer Protection in 2011 was completed.

Between 2010 and 2013 about 62,000 wild boar sera were tested for the presence of PrV specific antibodies using commercial ELISA tests. The data revealed that in about one third of the German territory PrV infections in wild boar populations occur with a tendency of further spreading. Preliminary analysis suggests that there is no correlation between regional abundance of wild boars and seroprevalence.

According to the OIE terrestrial code, the occurrence of PrV in wild boar does not affect the AD-free status in domestic pigs provided adequate measures are implemented that prevent transmission of PRV from wild boar to domestic pigs.

Those measures are laid down in the German national directive on pig sanitary measures (‘Schweinehaltungshygieneverordnung’). Recently, amendments regarding mandatory inclusion of outdoor pig farms in serological monitoring for the maintenance of an AD free status were suggested.

#### Zusammenfassung

In 2013 wurde kein Fall von Aujeszky'scher Krankheit (AK) in Deutschland nachgewiesen. Obwohl Deutschland seit dem Jahr 2003 offiziell anerkannt frei von AK in Hausschweinebeständen ist, zirkulieren wie in anderen europäischen Ländern auch hoch-adaptierte PrV Varianten in Schwarzwildpopulationen Deutschlands. Das im Jahr 2011 durch das Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz initiierte bundesweite serologische Monitoring der Schwarzwildpopulationen auf AK-spezifische Antikörper wurde auch in 2013 fortgeführt.

Zwischen 2010 und 2013 wurden etwa 62.000 Schwarzwildseren auf das Vorhandensein von spezifischen Antikörpern mit kommerziellen ELISA-Tests getestet. Die Daten zeigten, dass in etwa einem Drittel aller Landkreise Infektionen in Schwarzwildpopulationen auftreten, und dass von einer weiteren Ausbreitungstendenz ausgegangen werden muss. Allerdings scheint es keine Korrelation zwischen der Bestandsdichte und der Seroprävalenz zu geben.

Das Vorkommen von PrV im Schwarzwildbestand gefährdet nicht den AK-freien Status der Hausschweinebestände nach den Kriterien des Terrestrial Animal Codes der OIE, sofern adäquate Sicherheitsmaßnahmen, wie in der Schweinehaltungshygieneverordnung dargelegt, implementiert sind, die ein Übergreifen der Infektion auf Hausschweinebestände verhindern. Freilandhaltungen von Hausschweinen sollten in jedem Fall in die jährlichen serologischen Stichprobenuntersuchungen zur Aufrechterhaltung des AK-freien Status einbezogen werden.

### 4. Geflügelpest - Avian Influenza

Harder T.

#### Summary

Highly pathogenic avian influenza virus (HPAIV) infections were neither detected in poultry nor in wild birds in Germany in 2013. AIV of low pathogenicity, subtype H5, were detected in three poultry holdings. Seven holdings were affected with notifiable H7N7 infections. All outbreaks were extinguished by culling. In addition, infections with non-notifiable H9N2 viruses occurred widespread in turkey holdings particularly in Lower Saxony and caused substantial economic losses.

Among almost 3,700 wild birds tested for AIV infections 64, all from anseriform hosts, were found positive for AIV. The majority of AIV positive wild birds was discovered during the autumn migration season. Low pathogenic viruses of subtype H5 were detected in three cases. More than 90 % of positive samples originated from active monitoring.

#### Zusammenfassung

HPAIV Infektionen wurden 2013 weder in Hausgeflügel noch in Wildvögeln in Deutschland nachgewiesen. In drei Geflügelbeständen traten Infektionen mit H5 Viren niedriger Pathogenität auf und in sieben Fällen waren Geflügelbestände von anzeigepflichtigen Infektionen mit niedrig pathogenen H7N7 Viren betroffen. In allen Fällen wurden die Infektionen durch Bestandsräumungen eradiziert. Infektionen mit H9N2 Viren, die weder anzeigepflichtig noch meldepflichtig sind, traten 2013 verbreitet vor allem in Putenbeständen Niedersachsens auf und haben dort zu erheblichen wirtschaftlichen Schäden geführt.

Insgesamt 64 von nahezu 3700 getesteten von Wildvögeln stammenden Proben wurden positiv für AIV befundet. Die Mehrzahl dieser Proben stammt

aus den Monaten Oktober und November. In je drei Fällen wurde niedrigpathogenes Virus des Subtyps H5 nachgewiesen. Mehr als 90 % der Nachweise stammt aus der Untersuchung lebender Wildvögel (aktives Monitoring).

#### LPAI Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland im Jahr 2013

Infektionen mit niedrigpathogenen aviären Influenzaviren (low pathogenic avian influenza, LPAI) des Subtyps H5 wurden bei gehaltenen Vögeln in Deutschland 2013 in drei Fällen nachgewiesen (Tabelle 1). Hiervon waren eine mittelgroße Entenmastanlage in Brandenburg betroffen (H5N1 LP) sowie eine kommerzielle Kleinhaltung verschiedener Geflügelarten in Thüringen (H5N2 LP) und ein Straußenbestand in Baden-Württemberg (H5N3 LP). In allen Fällen führten Bestandsräumungen zum Erlöschen der Ausbrüche. Die initialen Eintragsquellen dieser Infektionen, zwischen denen keinerlei epidemiologischer Zusammenhang bestand, konnte nicht ermittelt werden. Weiterhin wurden anzeigepflichtige Infektionen mit dem Subtyp H7N7 in Nordrhein-Westfalen (Kleinsthaltung mit Laufvogelart Nandu) und in vier Putenmastbeständen in Niedersachsen ermittelt (Tabelle 1). Zwischen diesen Ausbrüchen ergab sich aufgrund der sehr engen Verwandtschaft der verursachenden Viren der Hinweis auf einen epidemiologischen Zusammenhang, d. h. die Weiterverbreitung von Bestand zu Bestand oder eine gemeinsame Infektionsquelle werden als wahrscheinlich angesehen.

Zwei weitere Fälle von H7N7 Infektionen bei Legehennenbetrieben in Niedersachsen (Tabelle 1) sind allerdings als ein getrenntes epidemiologisches Geschehen mit einem Eintrag eines von den Putenfällen unterscheidbarem Virus aus unbekannter Quelle anzusehen.

Neben diesen anzeigepflichtigen Infektionen wurden weitere Fälle von AI Infektionen bei gehaltenen Vögeln nachgewiesen (Tabelle 2). Infektionen mit diesen Subtypen sind jedoch weder anzeigepflichtig, sofern diese nicht aufgrund der klinischen Symptomatik (hohe Mortalität) oder eines Pathogenitätstests im Tierexperiment (Bestimmung des intravenösen Pathogenitätsindex, IVPI) als hochpathogen (IVPI > 1.2) charakterisiert werden. Dieser Befund konnte jedoch in keinem der gelisteten Fälle erhoben werden. Allerdings wurde in einigen Fällen von H9N2 Infektionen bei Puten eine beachtliche Bestandsmortalität berichtet (bis 20 %), jedoch zeigten die aus diesen Fällen gewonnenen H9N2 Virusisolate einen unauffälligen Pathogenitätsindex (IVPI=0). Daher wird den in diesen Fällen ebenfalls nachgewiesenen Ko-Pathogenen (diverse bakterielle Spezies) eine aggravierende Wirkung in Verbindung mit der AI Infektion zugesprochen.

Das serologische bundesweite Monitoring von 456 Geflügelbeständen (Tabelle 3) konnte in einigen Fällen Hinweise auf bestehende bzw. abgelaufene anzeigepflichtige AI Infektionen geben. Einige der in Tabelle 1 gelisteten Fälle konnten durch Hinweise aus dem Seromonitoring aufgespürt werden. In Bezug auf die Stringenz der Umsetzung des jährlichen Monitoringplanes sowie der Verfeinerung des Berichtswesens des Hausgeflügelseromonitorings sind allerdings weiterhin Verbesserungen wünschenswert.

### Monitoring von Wildvögeln in Deutschland, 2013

AIV werden in Deutschland insbesondere in Wildvögeln, die am bzw. auf dem Wasser leben (Gänsevögel, Regenpfeiferartige, Lappentaucherartige und Schreitvögel), regelmäßig nachgewiesen. Dies umfasst auch niedrigpathogene Vertreter der Subtypen H5 und H7. 2013 wurden in Deutschland 3.697 Wildvögel (Vorjahr: 3.528) auf AIV Infektionen un-

tersucht (Tabelle 4). Gegenüber dem Vorjahr sind die Untersuchungszahlen konstant geblieben. Kofinanzierungsfähig sind allerdings nur Untersuchungen im Rahmen der passiven Surveillance. Diese belaufen sich auf 1.207 Proben (32,6 %, Tabelle 1 A). Die in NI, NW, SN und TH untersuchten Proben der passiven Surveillance machen dabei allein etwa 63 % des Untersuchungsgutes aus. Die Probenahmen erfolgten gehäuft in den Zeiten des Frühjahrs- und vor allem des Herbstvogelzugs. Erfahrungen der vergangenen Jahre haben gezeigt, dass zu diesen Zeiten eine erhöhte Inzidenz von AI-Infektionen bei Wildvögeln zu erwarten ist.

Weiterhin stammen 67,4 % (Vorjahr: 64,2 %) der untersuchten Proben von lebenden Wildvögeln und sind daher dem aktiven Monitoring zuzurechnen, für das keine Kofinanzierung gewährt wird (Tabelle 1 A).

Aus Tabelle 5 wird deutlich, dass im aktiven Monitoring vor allem Proben von Wildgänsen, Wildenten und Watvögeln untersucht wurden: Ein Großteil der Gänseproben wird durch Sammelkot repräsentiert. Bei den Wildenten nehmen Proben, die von frisch erlegten Tieren, also aus der Jagdstrecke stammen, den größten Teil ein. Die lebend beprobten Wildenten sind im Wesentlichen der durch das FLI finanzierten Sentinelstation im Greifswalder Bodden zuzuordnen. Bei den lebend beprobten Watvögeln handelt es sich in der Regel um vorübergehend gefangene Tiere aus Beringungsaktionen.

AIV Nachweise (insgesamt 64; Tabelle 6) stammen aus Höcker- und Singschwänen (n=5), Grau- und Saatgänsen (n=9) sowie Stockenten (n=50). Gegenüber dem Vorjahr (n=17) hat sich die Zahl der positiv getesteten Wildvögel wieder erhöht, jedoch resultiert ein Großteil der Proben (n=34) aus der Sentinelstationanlage des FLI auf der Insel Koos. Mehr als 90 % der Nachweise sind auf Proben zurückzuführen, die dem aktiven Monitoring entstammen.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Das Spektrum subtypspezifisch charakterisierter positiver Proben weist für 2013 vier Nachweise niedrigpathogener H5 Viren aus (Tabelle 7). Die Mehrzahl der Nachweise rührt wie auch in den Vorjahren von Wildenten her und zeigt ein Spektrum von Subtypen, die häufig in Mitteleuropa bei Wildenten anzutreffen sind (insbesondere H4, H6).

Die Mehrzahl der AIV positiven Proben konnte nicht oder nicht vollständig hinsichtlich des H und N Subtyps charakterisiert werden. Dies ist auf die zum Teil sehr geringen Viruslasten in den eingesandten Proben zurückzuführen, die eine Typisierung sehr erschweren.

Tabelle 1: Anzeigepflichtige AI Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2013

(Quelle: TSN)

Bundesland	Subtyp	Pathotyp	Spezies	Bestandsgröße	Nutzung
Brandenburg	H5N1	LP	Ente	14408	Mast
Baden-Württemberg	H5N3	LP	Strauß	107	Mast
Niedersachsen	H7H7	LP	Pute	11816	Mast
Niedersachsen	H7N7	LP	Pute	7677	Mast
Niedersachsen	H7N7	LP	Pute	16135	Mast
Niedersachsen	H7N7	LP	Pute	19150	Mast
Niedersachsen	H7N7	LP	Huhn	13406	Legehuhn
Niedersachsen	H7N7	LP	Huhn	34500	Legehuhn
Nordrhein-Westfalen	H7N7	LP	Gemischt	14	Hobbyhalter
Thüringen	H5N2	LP	Gemischt	827	Kleinhalter

Tabelle 2: Nicht-anzeigepflichtige AI Infektionen bei gehaltenen Vögel in Deutschland, 2013

Bundesland	Subtyp	Spezies	N
Brandenburg	nonH5/H7	Ente	1
Baden-Württemberg	H9N2	Pute	3
Hessen	HxN1, nonH5/H7	Pute	1
Mecklenburg-Vorpommern	H3N8	Legehennen	1
Niedersachsen	H9N2	Pute	> 50
Niedersachsen	H9N2	Legehennen	1
Nordrhein-Westfalen	H9N2	Pute	> 10

Tabelle 3: Umfang des Seromonitoring in Hausgeflügelbeständen in Deutschland, 2013

Bundesland	Geflügelkategorie								Gesamt	
	Wassergeflügel		Huhn		Pute		Andere		Soll	Ist
	Soll	Ist	Soll	Ist	Soll	Ist	Soll	Ist		
Brandenburg	16	16	5	0	10	8	3	23	34	47
Berlin	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Baden-Württemberg	17	8	5	5	10	9	2	9	34	31
Bayern	42	16	15	12	12	12	3	36	72	76
Bremen	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hessen	7	7	3	3	2	2	1	2	13	14
Hamburg	0	1	0	2	0	0	2	0	2	3
Mecklenburg-Vorpommern	16	0	15	3	5	5	3	0	39	8
Niedersachsen	80	45	60	35	40	34	3	32	183	146
Nordrhein-Westfalen	36	15	18	8	20	14	3	21	77	58
Rheinland-Pfalz	4	4	3	2	1	1	2	0	10	7
Schleswig-Holstein	15	0	3	6	1	1	2	8	21	15
Saarland	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Sachsen	22	0	5	0	2	0	2	23	31	23
Sachsen-Anhalt	20	2	15	61	15	14	2	18	52	50
Thüringen	8	9	5	4	2	3	2	6	17	22
<b>Gesamt</b>									<b>587</b>	<b>500</b>

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 4: Untersuchungsumfang in Bezug auf aviäre Influenzaviren bei Wildvögeln in den Bundesländern Deutschlands, 2013

(Quelle: AI-DB, FLI, Institut f. Epidemiologie)

### A. Zustand des beprobten Vogels

Bundesland	Zustand des beprobten Vogels								Bilanz		
	frisch tot gefun- den	länger tot ge- funden	erlegt	krank erlegt	lebend	krank	tot, Tier- fraß	tot, skelle- tiert	Gesamt Passiv <sup>a</sup>	Gesamt Aktiv <sup>b</sup>	Gesamt total
Brandenburg	59	0	2	15	6	6	1	0	81	8	89
Berlin	38	1	0	0	0	0	0	0	39	0	39
Baden- Württemberg	49	26	1	1	354	1	1	0	78	355	433
Bayern	64	1	0	1	0	3	2	0	71	0	71
Bremen	0	0	50	0	0	0	0	0	0	50	50
Hessen	74	0	1	0	105	0	0	0	74	106	180
Hamburg	40	6	0	2	6	1	0	0	49	6	55
Mecklenburg- Vorpommern	10	4	133	0	998	0	0	0	14	1131	1145
Nieder- sachsen	189	3	335	10	363	11	0	0	213	698	911
Nordrhein- Westfalen	63	162	1	0	1	0	0	0	225	2	227
Rheinland- Pfalz	7	2	0	0	4	0	0	4	13	4	17
Schleswig- Holstein	10	0	0	0	110	0	0	0	10	110	120
Saarland	1	0	0	0	5	5	0	0	6	5	11
Sachsen	200	0	0	0	0	0	0	0	200	0	200
Sachsen- Anhalt	7	5	1	0	0	0	0	0	12	1	13
Thüringen	117	5	1	1	13	0	0	0	123	14	137
Gesamt	928	215	525	30	1965	27	4	4	1207	2490	3698

<sup>a</sup>-Summe der im Rahmen passiver Surveillance untersuchten Vögel (Summe „frisch tot, länger tot, krank, krank erlegt, tot/Tierfraß, tot/skelettiert“)

<sup>b</sup>-Summe der im Rahmen aktiver (nicht EU-kofinanzierter) Surveillance untersuchten Vögel („Summe erlegt, lebend“)

## B. Zeitpunkt der Probennahme

Bundesland	Untersuchungsmonat												Gesamt
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
Brandenburg	4	1	3	8	4	16	8	9	5	19	6	6	89
Berlin	4	2	2	5	2	2	2	4	9	1	5	1	39
Baden-Württemberg	48	55	60	54	61	10	42	47	31	13	6	6	433
Bayern	28	2	0	6	6	2	15	3	1	3	0	5	71
Bremen	28	0	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0	50
Hessen	14	13	15	28	12	14	19	20	15	8	8	14	180
Hamburg	6	3	0	11	8	6	0	8	1	8	2	2	55
Mecklenburg-Vorpommern	0	0	230	126	117	25	24	46	38	116	289	134	1145
Niedersachsen	39	16	84	83	22	16	8	13	65	234	116	215	911
Nordrhein-Westfalen	9	35	35	35	16	13	17	11	17	13	20	6	227
Rheinland-Pfalz	0	2	2	4	1	0	0	1	1	4	2	0	17
Schleswig-Holstein	0	10	10	10	10	1	22	11	11	15	10	10	120
Saarland	0	0	0	0	0	0	5	0	0	6	0	0	11
Sachsen	17	5	11	11	21	13	10	44	16	20	6	26	200
Sachsen-Anhalt	1	0	1	1	2	1	0	2	2	1	1	1	13
Thüringen	54	7	24	13	14	9	5	2	3	1	1	4	137
Gesamt	252	151	477	395	296	128	177	221	215	484	472	430	3698

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 5: Beprobungsstatus von Wildvögeln in Deutschland, 2013

(Quelle: AI-DB, FLI, Institut f. Epidemiologie)

Vogelgruppe	Zustand des beprobten Vogels								Bilanz		
	frisch tot gefun- den	länger tot ge- funden	erlegt	krank erlegt	lebend	krank	tot, Tier- fraß	tot, skelle- tiert	Gesamt Passiv <sup>b</sup>	Gesamt Aktiv <sup>b</sup>	Gesamt total
Schwäne	108	7	2	3	270	2	2	0	122	272	394
Wildgänse	43	16	103	1	1107	1	0	0	61	1210	1271
Wildente	159	12	406	1	442	5	1	0	178	848	1026
Greifvögel	156	90	0	12	14	10	0	4	272	14	286
Eulen	28	8	0	0	0	3	0	0	39	0	39
Watvögel	12	0	3	0	115	2	0	0	14	118	132
Seetaucher	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lappentaucher	1	1	0	0	0	1	0	0	3	0	3
Andere	421	81	11	13	17	3	1	0	519	28	547
Summe	928	215	525	30	1965	27	4	4	1208	2490	3698

<sup>a</sup>-Summe der im Rahmen passiver Surveillance untersuchten Vögel (Summe „frisch tot, länger tot, krank, krank erlegt, tot/Tierfraß, tot/skelettiert“)

<sup>b</sup>-Summe der im Rahmen aktiver (nicht EU-kofinanzierter) Surveillance untersuchten Vögel („Summe erlegt, lebend“)

Tabelle 6: Beprobungstatus von AIV-positiven Wildvögeln\* in Deutschland, 2013

(Quelle: AI-DB, FLI, Institut f. Epidemiologie)

Vogelgruppe	Zustand des beprobten Vogels					Gesamt Aktiv	Gesamt Total
	frisch tot gefunden	krank	Gesamt Passiv	erlegt	lebend		
Schwäne	3	0	3	0	2	2	5
Wildente	1	1	2	8	40	48	50
Wildgänse	0	0	0	1	8	9	9
Summe	4	1	5	9	50	59	64



Tabelle 7: AIV Subtypenspektrum bei Wildvögeln in Deutschland 2013

Subtyp	Vogelgruppe			Gesamt
	Schwan	Wildgans	Wildente	
H1N1		1		1
H4N6			2	2
H5N1 <sup>a</sup>			1	1
H5N3 LP			3	3
H6N2			1	1
H6N8		3		3
H6Nx			1	1
H8N4			2	2
HxN6			1	1
HxN8		1		1
HxN9		2		2
HxNx	5	2	39	46
<b>Summe</b>	<b>5</b>	<b>9</b>	<b>50</b>	<b>64</b>

<sup>a</sup> Pathotyp konnte nicht bestimmt werden

x Subtyp konnte nicht bestimmt werden

LP „low pathogenicity“, niedrige Pathogenität

#### Abkürzungen

AI-DB	Wildvogelmonitoring-Datenbank
AIV	Aviäres Influenzavirus
HPAIV	Hochpathogenes aviäres Influenzavirus
IVPI	Intravenöser Pathogenitätsindex
LPAIV	Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus

### 5. Beschälseuche der Pferde - Dourine

Moser, I.

#### Summary

Dourine is a classical venereal infection of equines caused by the protozoal parasite *Trypanosoma equiperdum*. It mostly presents as chronic disease with an irregularly long incubation time, possibly of several months. Dourine is a notifiable disease and has been eradicated from Germany for decades. To prevent an introduction of the pathogen, import of equids into the EU is permitted exclusively from approved third countries where no case of dourine has occurred for at least 6 months. This also applies to the holdings of origin of equids in case of intra-community transfer. Pursuant to import regulations of the EU, testing of animals prior to import is based on complement fixation test (CFT; the method recommended by the OIE) to detect specific serum antibodies. Detection of the pathogen itself is rarely successful except during the acute stage of the disease. However, the close relationship to *T. evansi*, causing "Surra" in camelids but also infections in horses (with symptoms similar to dourine) and other animal species, may induce cross reactions in serological tests since the antigen recommended for CFT consists of a whole-cell lysate of *T. equiperdum*. Molecular investigations regarding their taxonomic status and the identification of potentially antigenic structures of *T. equiperdum* and *T. evansi* are currently in progress at the national reference laboratory.

#### Zusammenfassung

Die Beschälseuche ist eine durch den einzelligen Parasiten *Trypanosoma equiperdum* hervorgerufene, meist chronisch verlaufende klassische Deckinfektion bei Equiden mit einer unregelmäßig langen Inkubationszeit von bis zu mehreren Monaten. Sie zählt zu den anzeigepflichtigen Tierseuchen und ist seit vielen Jahrzehnten in Deutschland getilgt.

Um Einschleppungen des Erregers zu verhindern, dürfen Equiden gemäß unionsrechtlicher Bestimmungen nur aus zugelassenen Drittländern importiert werden, in welchen seit mindestens 6 Monaten keine Beschälseuche aufgetreten ist. Letzteres gilt auch für die Herkunftsbetriebe von Equiden im Fall des innergemeinschaftlichen Verbringens. Im Rahmen unionsrechtlich vorgeschriebener Importuntersuchungen muss ferner eine Untersuchung mittels Komplement-Bindungsreaktion (KBR; von der OIE empfohlene Methode) auf spezifische Serum-Antikörper erfolgen. Ein direkter Erregernachweis ist außer im akuten Stadium der Erkrankung kaum möglich. Die enge Verwandtschaft des Erregers mit *T. evansi*, dem Erreger der „Surra“ bei Kameliden sowie von Infektionen bei Equiden (mit der Beschälseuche ähnlichen Symptomen) und anderen Tierarten, kann jedoch zu serologischen Kreuzreaktionen führen, da das für die KBR empfohlene Antigen aus einem Gesamtzell-Lyophilisat von *T. equiperdum* besteht. Molekulare Untersuchungen zur taxonomischen Einordnung und zur Identifizierung potenziell antigener Strukturen von *T. equiperdum* und *T. evansi* werden derzeit beim Referenzlabor durchgeführt.

**Labordiagnostische Untersuchungen**

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der diagnostischen Untersuchungen eingesandter Proben und die sonstigen Aktivitäten des NRL aufgelistet.

**Staatliche Maßnahmen**

Equiden, bei welchen im Blutserum Antikörper gegen das *T. equiperdum*-Antigen nachgewiesen werden, sind von der Zucht ausgeschlossen und werden unter Quarantäne gestellt. Das Referenzlabor hat die Aufgabe, den Landesuntersuchungsämtern für die Durchführung der serologischen Untersuchungen mittels KBR das entsprechende Antigen sowie Kontrollseren zur Verfügung zu stellen. Ferner führt das Referenzlabor Bestätigungsuntersuchungen eingesandter Verdachtsproben durch. Daher wird nach Bedarf im Abstand von 1 bis 2 Jahren lyophilisiertes Voll-Antigen in präparativem Maßstab aus einem Referenzstamm von *T. equiperdum* hergestellt. Der Referenzstamm sowie das Antigen werden regelmäßig nach Maßgabe der internationalen Literatur mittels molekularer Methoden sowie in internationalen Ringversuchen überprüft. Dem Referenzlabor stehen derzeit drei verschiedene Trypanosomen-Referenzstämme, (ein *T. equiperdum*- und zwei *T. evansi*-Stämme) zur Verfügung.

Das im Referenzlabor produzierte Antigen wird auf Nachfrage und bei Verfügbarkeit auch an Institutionen in anderen Mitgliedsstaaten und Drittländern gesandt.

**Forschung**

Im Rahmen eines Forschungsprojektes werden Bedingungen für die Antigenherstellung mittels in vitro Kultivierung von *T. equiperdum* erarbeitet, um den derzeit notwendigen Tierversuch verzichtbar zu machen. Ferner werden Untersuchungen zur genetischen, immunologischen und biochemischen Charakterisierung der Erreger durchgeführt.

**Zoonosepotential**

Der Erreger der Beschälseuche besitzt nach heutigem Wissen keine zoonotische Bedeutung. Der ihm nahe verwandte Erreger *T. evansi*, der durch Arthropoden übertragen wird, wurde im Jahr 2005 erstmals in Indien als Infektionserreger des Menschen identifiziert. Er verursachte eine fluktuierende Parasitämie mit Fieberepisoden über mehrere Monate und induzierte die Bildung von spezifischen Antikörpern im Blutserum.

Tabelle1: Diagnostische Untersuchungen und weitere Aktivitäten zur Erfüllung der hoheitlichen Aufgaben.

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen		41
Erregernachweis		n. d.
Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	41
Positiver Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	3
Zulassungsuntersuchungen/Chargenprüfungen	Antigenherstellung und -prüfung	1
Abgabe von Referenzmaterialien	10 x Antigen 17 x Kontrollserum	6
Ringtest	Laborvergleichsstudie	2

n. d. - nicht durchgeführt

### 6. Bovine Herpesvirus Typ1-Infektion (alle Formen) – Infectious bovine rhinotracheitis

Höreth-Böntgen, D., Neumann, N., König, P., Beer, M.

#### Summary

This report summarizes the middle- and long-term aims and objectives of the control measures against Bovine Herpes Virus type 1 infections (BHV-1) in Germany on the basis of legal provisions and regulations. The report reflects the evaluation of data reported by the federal states for dairy and nursing cows, their offspring and special heifer rearing systems to document the status quo of BHV-1 control for each of the federal states, and for Germany as a whole. As in previous years, an impressive progress in BHV-1 eradication has been achieved. Nearly ninety-six (95.6 % as mean of all federal states or even 95.89 % calculated on number of holdings) percent of all holdings, except fattening units, in Germany are now classified as “BHV-1/BHV-1-gE free” (only 5.482 holdings remain infected), either by vaccination (4.5 %) or without vaccination (91.4 %). 93.6 percent of all respective cattle, except fattening stock, are free from BHV-1 either by vaccination (10.4 %) or without vaccination (83.2 %). Some federal states are approaching the status of “freedom from disease” for BHV-1, notably Mecklenburg-Western Pomerania, Thuringia, Saxony-Anhalt, Brandenburg, Saxony and Baden-Württemberg, as well as the city-states Hamburg, Bremen and Berlin. All of these, except Baden-Württemberg, Bremen and Hamburg are preparing a common application to the EU commission for the recognition of the status “freedom from BHV-1 disease”, the so called “article 10 status” according to the directive 64/432/EWG. Thuringia is taking the lead. Bavaria has already been officially recognized and gazetted by the EU Commission as being free of BHV-1 in October 2011 (Commission implementing Decision 2011/674/EU of 12th October 2011 amending Decision 2004/558/EC

as regards the infectious bovine rhinotracheitis-free status of certain administrative regions in Germany).

After intensifying the control and eradication efforts, more federal states have now closed up and have also made considerable progress. However, Schleswig-Holstein is still lacking behind. Concerning the BHV-1 status, two types of federal states have to be differentiated: regions where most cattle holdings are free without vaccination (“BHV-1-free”) or after finalizing the vaccination programmes (Saxony-Anhalt, Brandenburg, Baden-Württemberg and the city states of Bremen and Hamburg), and regions where a high proportion of cattle are gE-antibody-free (“BHV-1-gE-free”) after several years of continuous marker vaccination programmes.

#### Zusammenfassung

Unter Beachtung der Rechtsvorschriften werden die mittel- bzw. langfristigen Ziele der BHV 1 Bekämpfung und deren Umsetzung beschrieben. Anhand der Meldedaten der Bundesländer wird in einer Auswertung der Stand der BHV 1 Bekämpfung in Deutschland im Bereich der Milch- und Mutterkuhherden und deren Nachzucht für Deutschland und die einzelnen Bundesländer dargestellt und deren Sanierungsfortschritt dokumentiert. Deutschland hat zum Stichtag am 31.12.2013 im Durchschnitt der Ländermeldungen einen Freiheitsgrad von 95,6 Prozent aller unter das Sanierungsprogramm fallender Betriebe erreicht (berechnet auf Betriebsbasis liegt der Freiheitsgrad etwas höher 95,89 %, siehe Abb. 1), entweder mit Impfung (4,5 %) oder ohne Impfstoffeinsatz (91,4 %). Weniger als 5.500 Haltungen sind Ende 2013 nicht BHV-1-freie Betriebe (5.482). Nicht erfasst sind hierbei

die Mastbestände. Bei den Einzeltieren ohne Berücksichtigung der Masttiere liegt der Freiheitsgrad nun bei 93,6 Prozent, davon 10,4 % mit Impfung und ungeimpft frei sind 83,2 % der Rinder.

Es wird deutlich, dass nachdem Bayern von der EU Kommission durch Durchführungsbeschluss der Kommission 2011/674/EU vom 12. Oktober 2011 zur Änderung der Entscheidung 2004/558/EG hinsichtlich des amtlich anerkannten Status bestimmter Verwaltungsregionen Deutschlands als frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis anerkannt wurde, besonders Mecklenburg-Vorpommern, Thüringen, Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Sachsen und Baden-Württemberg, sowie die Stadtstaaten sehr weit auf dem Weg der BHV-1-Eradikation fortgeschritten sind. Thüringen hat inzwischen ein Anerkennungsverfahren für eine „Artikel 10“-Anerkennung nach der Richtlinie 64/432/EWG eingeleitet, die Länder Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Berlin und Mecklenburg-Vorpommern bereiten einen gemeinsamen abgestimmten Antrag vor. Der Status „BHV-1-frei/BHV-1-gE-frei“ scheint für diese Länder in naher Zukunft erreichbar.

Bis auf Schleswig-Holstein haben die übrigen Länder inzwischen zur Spitzengruppe freier oder fast freier Bundesländer aufgeschlossen. Dies bedeutet, dass Schleswig-Holstein erhebliche Anstrengungen unternehmen muss, um nicht den Anschluss zu verlieren und um Deutschland dem Ziel der gesamtstaatlichen BHV-1-Freiheit näherzubringen. Dabei ist jedoch nach wie vor zwischen Bundesländern zu unterscheiden, deren Rinderbestände ohne Impfung oder nach dem Ausstieg aus Impfprogrammen nahezu BHV-1-frei sind (z. B. Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Baden-Württemberg und die Stadtstaaten Berlin, Bremen und Hamburg) oder Bundesländern, in denen nach jahrelanger Impfung mit Marker-Impfstoffen ein hoher Prozentanteil der Rinder gE-Antikörper-frei ist (z. B. Thüringen).

### Rechtsvorschriften

Die Verordnung zum Schutz der Rinder vor einer Infektion mit BHV-1 bildet seit 1997 als Basisverordnung den rechtlichen Rahmen der BHV-1-Bekämpfung in der Bundesrepublik Deutschland. Die Rechtsvorschrift wurde inzwischen mehrmals überarbeitet, seit Dezember 2001 gilt neben der Anzeigepflicht auch die Untersuchungspflicht für alle weiblichen und männlichen zur Zucht vorgesehenen Rinder, die älter als 9 Monate sind. Seit November 2004 wurde die gezielte Bekämpfungspflicht (unverzögliche Selektion bzw. Impfung) der BHV-1 Reagenten verbindlich festgelegt. Das Ziel sämtlicher Überarbeitungen in Verbindung mit weiteren tierseuchenrechtlichen Vorschriften ist die Schaffung einer gesetzlichen Grundlage als Basis einer möglichst effizienten BHV-1-Sanierung. Wichtige Komponenten der derzeit geplanten 3. Änderung der BHV-1 Verordnung sind das Wiederbelegungsverbot von Reagenten zur schnelleren Merzung der verbliebenen Reagenten, die Etablierung von zu untersuchenden Kontaktgruppen nach Erkennung und Entfernung von Reagenten, die Gesamtbestandsimpfung nach Erkennung von Reagenten oder deren Tilgung, und die Erhöhung der Sammelmilchproben auf bis zu 100 Proben im Pool, allerdings nur in anerkannten „Artikel 10 Gebieten“.

### Bekämpfung

Mit der Kommissionsentscheidung 2004/215/EG wurde ein erster wichtiger Erfolg für die Bundesrepublik Deutschland erzielt, die deutschen Bekämpfungsanstrengungen mündeten in der Anerkennung des „Artikel 9 Status“ gemäß der Richtlinie 64/432/EWG und damit der Gewährung zusätzlicher Garantien im Handel mit Rindern aus nicht anerkannt BHV-1 freien Regionen. Bayern hat inzwischen mit der Anpassungsentscheidung zu 2004/558/EG der EU Kommission vom 12. Oktober 2011 die Freiheit von Infektiöser Boviner Rhino-

tracheitis (IBR) erlangt und durch entsprechende Änderung im „Annex II“ der Richtlinie 64/432/EWG ist dies auch bekannt gemacht worden. Für Bayern gelten jetzt erweiterte Auflagen und Garantien (30-tägige Quarantäne und zweimalige negative BHV-1 Untersuchung, sowie freier Handel nur für Tiere aus anderen „Artikel-10-Gebieten“).

Seit der „Artikel 10“ Anerkennung Bayerns nach der EU-Richtlinie 64/432/EWG durch die EU Kommission im Oktober 2011 wurden kontinuierlich Fortschritte in den übrigen Bundesländern erzielt. Die mitteldeutschen Bundesländer Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt, Sachsen und Thüringen haben sich geeinigt, ein gemeinsames Gesuch für ein Antragsverfahren zur „Artikel 10“ Anerkennung mit Impfung einzuleiten, ein weiterer Schritt auf dem Weg zur Erreichung des Status der „BHV-1-frei“ auf Gesamtstaatsbasis. Das mittelfristige Ziel einer weiteren kontinuierlichen Zunahme BHV-1-freier Bestände sowie des Schutzes bereits freier Bestände vor Neuinfektionen bleibt bestehen. Der Weg zur Erreichung dieses Ziels ist zweispurig befahrbar, zum einen über die Merzung infizierter Tiere (Selektion antikörperpositiver Reagenten) und zum anderen über eine fortschreitende Verdrängung der BHV-1 Feldviren durch Impfung mit „gE-deletierten Markerimpfstoffen“. Diese Impfung wird zunehmend in den verschiedenen Bundesländern zurückgefahren bzw. einzelne Bundesländer versuchen, in den Ausstieg aus der Flächenimpfung einzusteigen und mittels Durchführungsverordnungen Ausstiegsszenarien vorzugeben. Die „Reagentenimpfung“ wird dabei weitgehend eingestellt und durch die „Gesamtbestandsimpfung“ ersetzt. Die Gesamtbestandsimpfung ist in infizierten Beständen einer Teilimpfung deutlich überlegen und deshalb klar vorzuziehen. Derzeit befindet sich die 3. Änderung der BHV-1 Verordnung in der letzten Bearbeitungsphase und soll demnächst nach Vorlage im Bundesrat in Kraft

gesetzt werden. Die zukünftige neue Verordnung wird dann eine Teilimpfung nicht mehr zulassen. Die Reagenten-Kennzeichnung mit roten Ohrmarken ist zwar inzwischen in den meisten Bundesländern eingeführt, eine zeitnahe Reagenten Entfernung aus dem Bestand wird aber häufig nicht umgesetzt und auch eine räumliche Trennung wird nicht immer durchgeführt. Auch diese Punkte werden mit der neuen Verordnung schärfer gefasst und die Reagentenmerzung soll weiter intensiviert werden.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Im Jahr 2013 ist ein weiterer Rückgang der serologischen Untersuchungszahlen im Vergleich zum Vorjahr zu verzeichnen, aber auch das Probenaufkommen bei den Bestandskontrollen über Sammelmilchproben ist weiter zurückgegangen. Die serologischen Untersuchungen von Blut- oder Einzelmilchproben der Landesuntersuchungsämter haben um 65.627 Proben gegenüber 2012 von 3,35 auf 3,30 Mio. Proben abgenommen, bei einer damit einhergehenden weiteren Abnahme der getesteten Bestände (66.306 in 2013 gegenüber 66.922 in 2012). Bei den Sammelmilchproben ist der Rückgang des Probenaufkommens noch deutlicher. 2013 wurden nur 62.785 Milch- und Mutterkuhbestände getestet, 2.904 Bestände weniger als 2012 (65.689). Die Abnahme der Poolproben betrug im Berichtszeitraum 34.009 Sammelmilch-Pools (260.442 in 2013 verglichen mit 294.451 in 2012).

### Untersuchungen im OIE und Nationalen Referenzlabor

Dem OIE und Nationalen Referenzlabor (NRL) für BHV-1 ist im Berichtszeitraum 2013 eine umfangreiche Anzahl von Proben zur BHV-1-Abklärung durchgeführt worden. 1.032 Serum, Plasma- und Milchproben sowie 78 sonstige Proben (Organ- oder Zellkulturmaterial, Nukleinsäureextrakte) aus 80 Einsendungen wurden im Zuge hoheitlicher Amtshilfe

oder zu Forschungszwecken an das NRL weitergeleitet. Die Schwerpunkte lagen auch 2013 weniger im Bereich von abklärenden serologischen Nachweisuntersuchungen als vielmehr auf den Gebieten „Virusnachweis“ und „Differenzierung von ruminanten Herpesviren mittels BHV-1- und Pan-Herpes-PCR“ sowie „Kreuzneutralisationstesten“, wodurch die hohe Qualität der BHV-1-Diagnostik in den Veterinär-Untersuchungsämtern unterstrichen wird.

Mehr als 500 Ampullen von Referenzseren und ca. 60 Referenzmilchproben wurden nationalen und internationalen Untersuchungseinrichtungen zur Verfügung gestellt.

### **BHV-1 Ausbrüche**

Die im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) erfassten BHV-1 Ausbrüche stellen das BHV-1-Geschehen nur unvollständig dar. Hier wird nur ein Bruchteil der tatsächlichen Neuinfektionen angezeigt, da nur Fälle, bei denen der Virusnachweis oder ein positiver Antikörperbefund in Verbindung mit einem BHV-1 typischen klinischen Bild einhergeht, anzeigepflichtig sind (siehe Tab. 1 sowie Abb. 8). Insgesamt ist 2013 eine weitere deutliche Abnahme der offiziellen Seuchenfeststellungen zu verzeichnen, während es 2012 zu 26 Meldungen in TSN kam, davon 7 Meldungen aus Mastbeständen, sind es im Jahre 2013 nur 14 Meldungen, mit 4 Meldungen aus dem reinen Mastbereich. Allerdings ist die Mehrzahl der gemeldeten Ausbrüche in Betrieben mit Mischhaltungen aufgetreten. Aussagekräftigere Zahlen zu neuen BHV-1 Serokonversionen finden sich in den jährlichen EU-Meldungen auf der Basis der Entscheidung 2003/886/EG (z. B. EC-DG Health & Consumers 2012)

### **Stand der BHV-1 Bekämpfung in Deutschland Bundesebene**

Der positive Trend der letzten Jahre hat sich auch 2013 fortgesetzt. Die kontinuierliche Zunahme der freien Bestände ist mit einem stetigen Rückgang der Betriebe verbunden. Aus der Auswertung der Meldungen der Bundesländer zur BHV-1 Sanierung ergibt für das Jahr 2013 für den Milch- und Mutterkuhbereich, deren Nachzucht und der speziellen weiblichen Jungrinderaufzucht folgender Stand der BHV-1 Bekämpfung für die Bundesrepublik:

95,9 % oder 127.921 Bestände sind „BHV-1 frei“ oder „BHV-1-gE-Antikörper-frei“, dies ist eine weitere Zunahme der freien Bestände um 1,70 % gegenüber dem Vorjahr, allerdings hat sich die Zahl der Bestände damit einhergehend um 2.526 Betriebe weiter verringert.

2,5 % oder 3.374 Bestände befinden sich in der Sanierung, dies ist ein Sanierungsfortschritt von 1,2 % gegenüber 2012. Festzuhalten bleibt dabei, dass die in der Sanierung befindlichen Bestände um 34,4 % abgenommen haben, von 5.140 auf jetzt 3.374 Betriebe.

1,6 % oder 2.108 Betriebe fallen nach wie vor unter die Kategorie „Sonstige nicht BHV-1-freie Bestände“, immerhin ein Rückgang um 0,5 % im Vergleich zum Vorjahr.

Betrachtet man die Rinderzahlen für den gleichen Zeitraum, so ergibt sich folgendes Bild:

Der bei den Beständen beobachtete Rückgang hat sich auch auf die Tierzahlen niedergeschlagen. Die Rinderbestandszahlen im Milch- und Mutterkuhbereich haben im Vergleich zu 2012 um 118.470 Tiere abgenommen. Nach Auswertung der Ländermeldungen betrug der Rinderbestand im Milch- und Mutterkuhbereich unter Einschluss der Nachzucht und der speziellen Jungrinderaufzucht nun 10,84 Mio. Rinder (10,95 Mio. in 2012), diese verteilten sich auf 133.403 Betriebe (im Vorjahr 138.538).

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

93,6 % oder 10,14 Mio. Rinder standen 2013 in BHV-1-freien oder BHV-1-gE-Antikörper freien Beständen; ein Sanierungsfortschritt von 3,2 % gegenüber 2012.

5,4 % oder nur noch 588.064 Rinder stehen in Sanierungsbeständen, dies ist eine Abnahme um 2,9 % verglichen mit dem Vorjahr.

1,0 % oder 110.305 Rinder sind der Kategorie „Sonstige Bestände“ zuzuordnen, dies ist ein weiterer deutlicher Fortschritt im Sanierungsprozess, denn im Vergleich zum Vorjahr haben in diesem Bereich nicht nur die Bestandszahlen abgenommen (s. o.), sondern auch die absoluten Tierzahlen, nämlich um weitere 21,1 % oder um 29.492 Tiere.

Tabelle 1: Festgestellte Neuausbrüche von BHV-1 Infektionen in Deutschland

(Quelle: TSN)

Neue Ausbrüche	Jahr der Meldung													
	2000	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13
	21	127	113	125	70	52	31	32	25	41	38	28	26	14

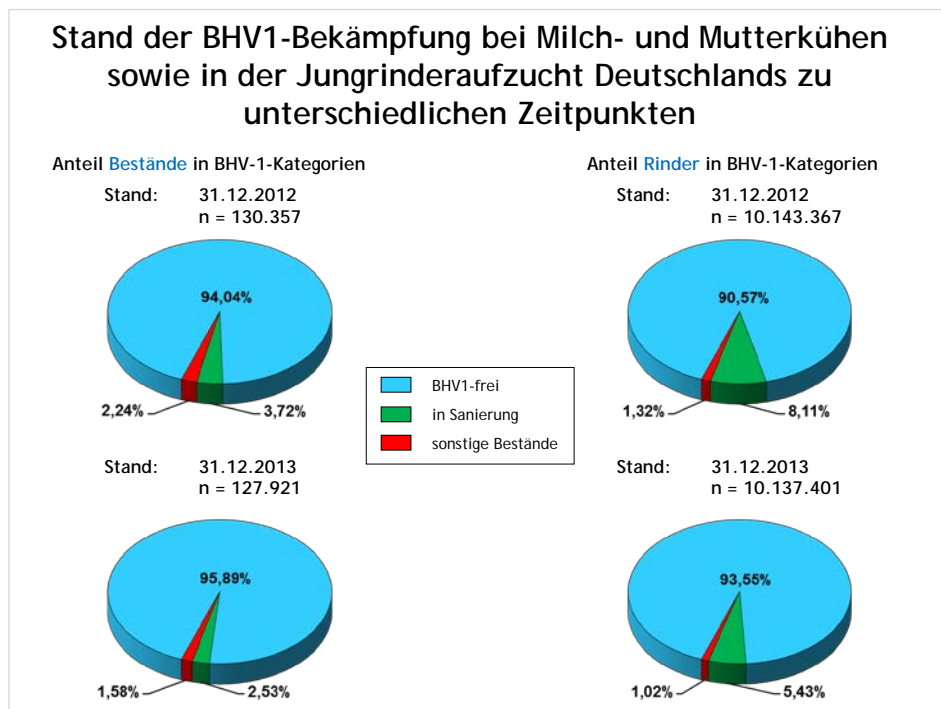


Abb. 1: Stand der BHV-1-Bekämpfung bei Milch- und Mutterkühen sowie in der Jungrinderaufzucht Deutschlands im Vergleich der Jahre 2012 und 2013



### Länderebene

Auf Bundesländer Ebene hat sich der Trend der letzten Jahre fortgesetzt, nachdem Bayern das Ziel bereits 2011 erreicht hatte. Die Flächenländer mit dem höchsten Anteil freier Bestände und freier Rinder nach Bayern (99,79/99,93 %) sind Mecklenburg-Vorpommern (99,18/96,58 %), Thüringen (99,07/95,76 %), Sachsen-Anhalt (99,03/96,80 %), Brandenburg (98,99/98,16 %), Sachsen (98,10/92,60 %) und Baden-Württemberg (96,05/96,41 %). Niedersachsen (94,22/92,30 %), Hessen (91,96/93,56 %), Nordrhein-Westfalen (91,53/87,20 %), Rheinland-Pfalz (91,46/90,33 %) und das Saarland (90,71/90,01 %) haben bei den freien Beständen und freien Tieren erheblich aufgeholt. In diesen Ländern hat sich der Sanierungserfolg deutlich verbessert. Bei den Stadtstaaten ist Hamburg (100,00/100,00 %) durchs Ziel gegangen, Bremen (98,86/99,92 %) und Berlin (94,74/98,83 %) folgen dicht auf. Mit ihren wenigen Beständen stellen diese drei Stadtstaaten Sonderfälle dar. Diese 3 Bundesländer sollten das Anerkennungsverfahren eines „Artikel 10 Status“ möglichst bald in die Wege leiten. Bei Berlin ist jedoch anzumerken, dass immer noch 1 Bestand mit insgesamt nur 8 Tieren in der

Kategorie „Sonstige nicht freie Bestände“ in Erscheinung tritt, was unverständlich bleibt. Die Situation ist in den folgenden Abbildungen 2 und 3 dargestellt.

Sachsen-Anhalt, Sachsen, Brandenburg, Berlin und Mecklenburg-Vorpommern wollen nach wie vor mit einem gemeinsamen abgestimmten Antrag das Verfahren zur Status Anerkennung der BHV-1-Freiheit nach „Artikel 10“ der Richtlinie 64/432/EWG in die Wege leiten. Thüringen hat bereits ein eigenständiges Anerkennungsverfahren eingeleitet.

Damit gerät Schleswig-Holstein (86,25/82,30 %) zunehmend in die Situation, dass erhebliche Anstrengungen notwendig werden, um nicht vollständig den Anschluss zu verlieren. Positiv bleibt festzuhalten, dass alle Länder im Jahr 2013 erhebliche Fortschritte in der BHV-1-Sanierung zu verzeichnen haben. Einen Überblick der Situation liefern die graphischen Vergleichsdarstellungen des Sanierungsfortschritts von 2007 bis 2013, sowohl für die Kategorie „freie Bestände“ wie für „freie Rinder“ (siehe Abbildungen 2 und 3).

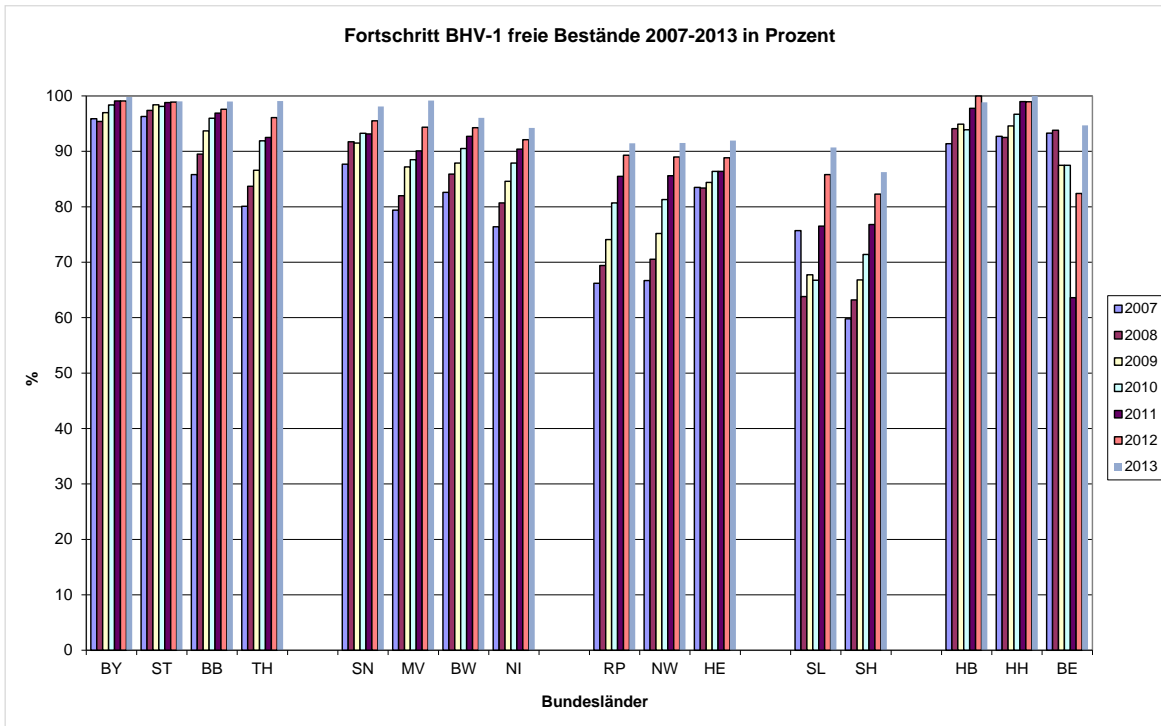


Abb. 2: Sanierungsfortschritt BHV-1-freie Bestände nach gruppierten Bundesländern im Vergleich für die Jahre 2007 bis 2013

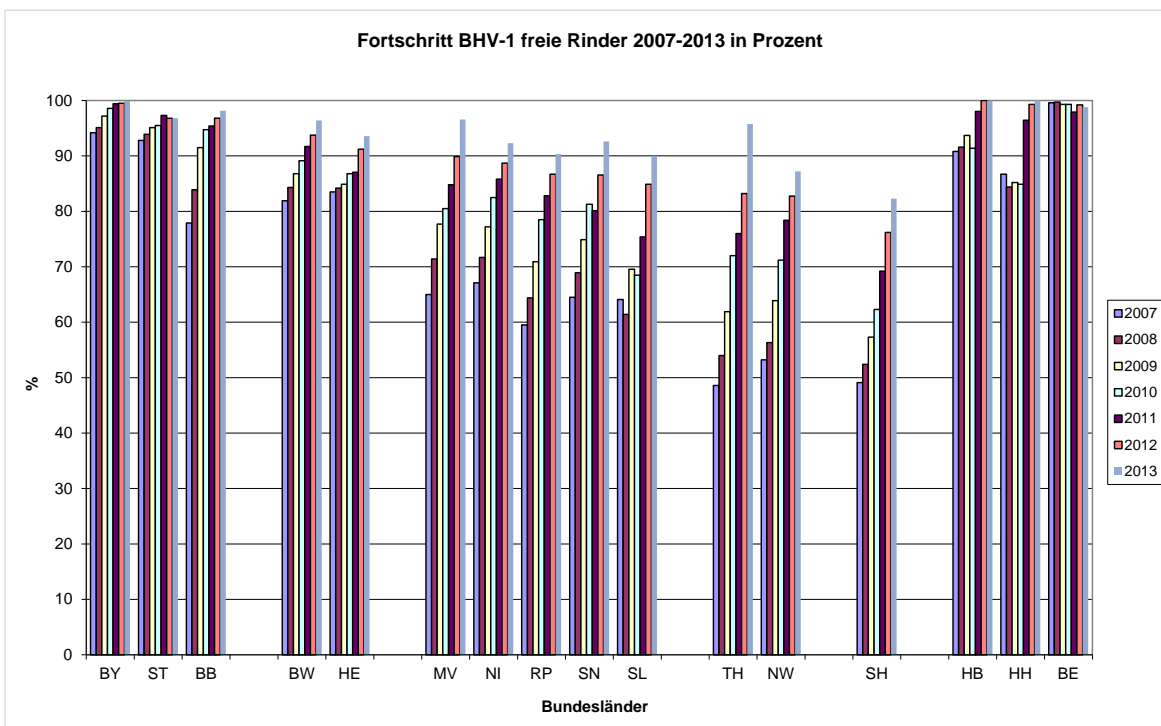


Abb. 3: Sanierungsfortschritt BHV-1-freie Rinder nach gruppierten Bundesländern im Vergleich für die Jahre 2007 bis 2013

Die aktuelle Situation der BHV-1 Sanierung auf Länderebene im Jahr 2013 ist in den beiden folgenden Abbildungen 4 und 5 wiedergegeben.

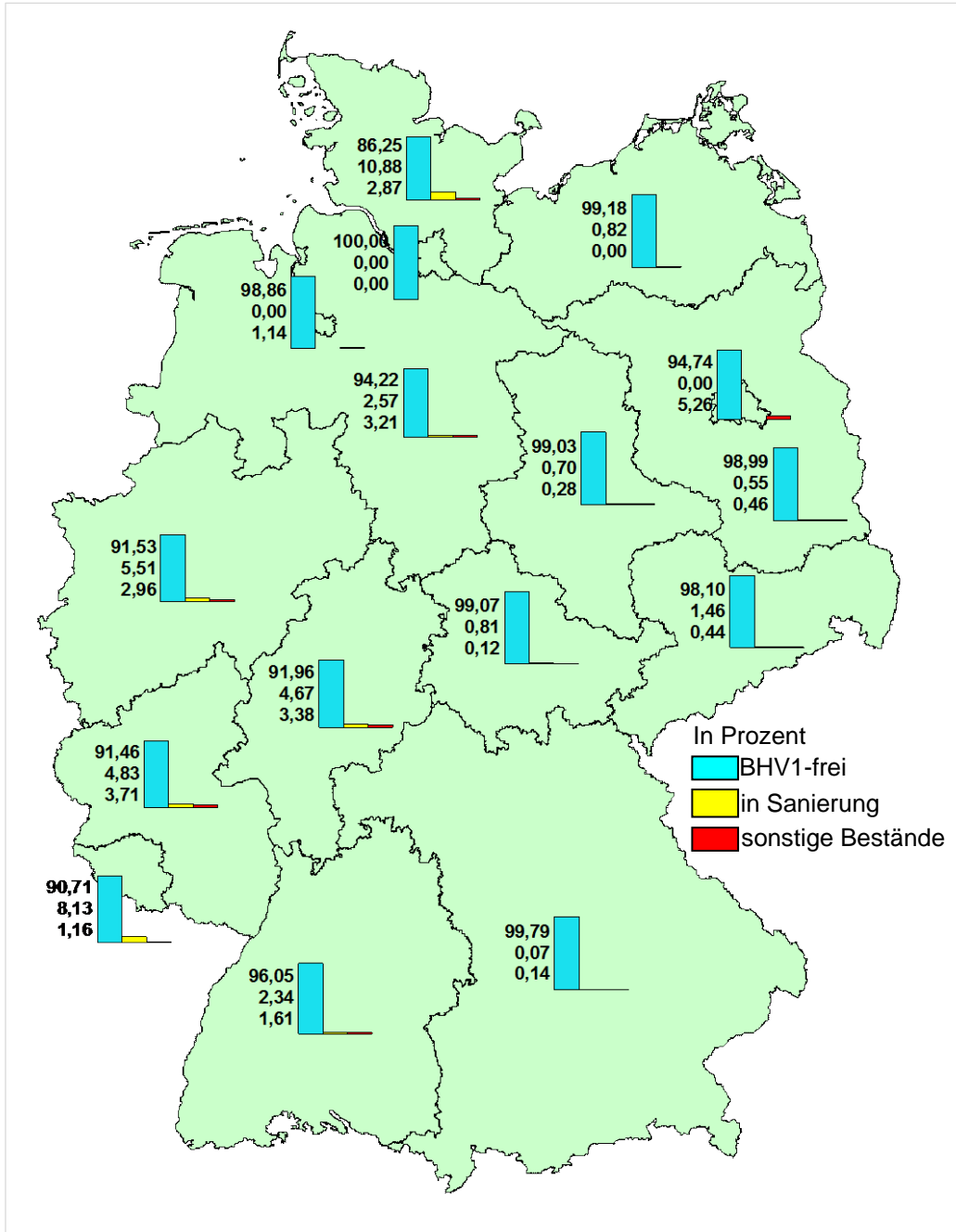


Abb. 4: Stand der BHV-1-Bekämpfung in Milch- und Mutterkuhbeständen nach Bundesländern (per 31.12.2013)

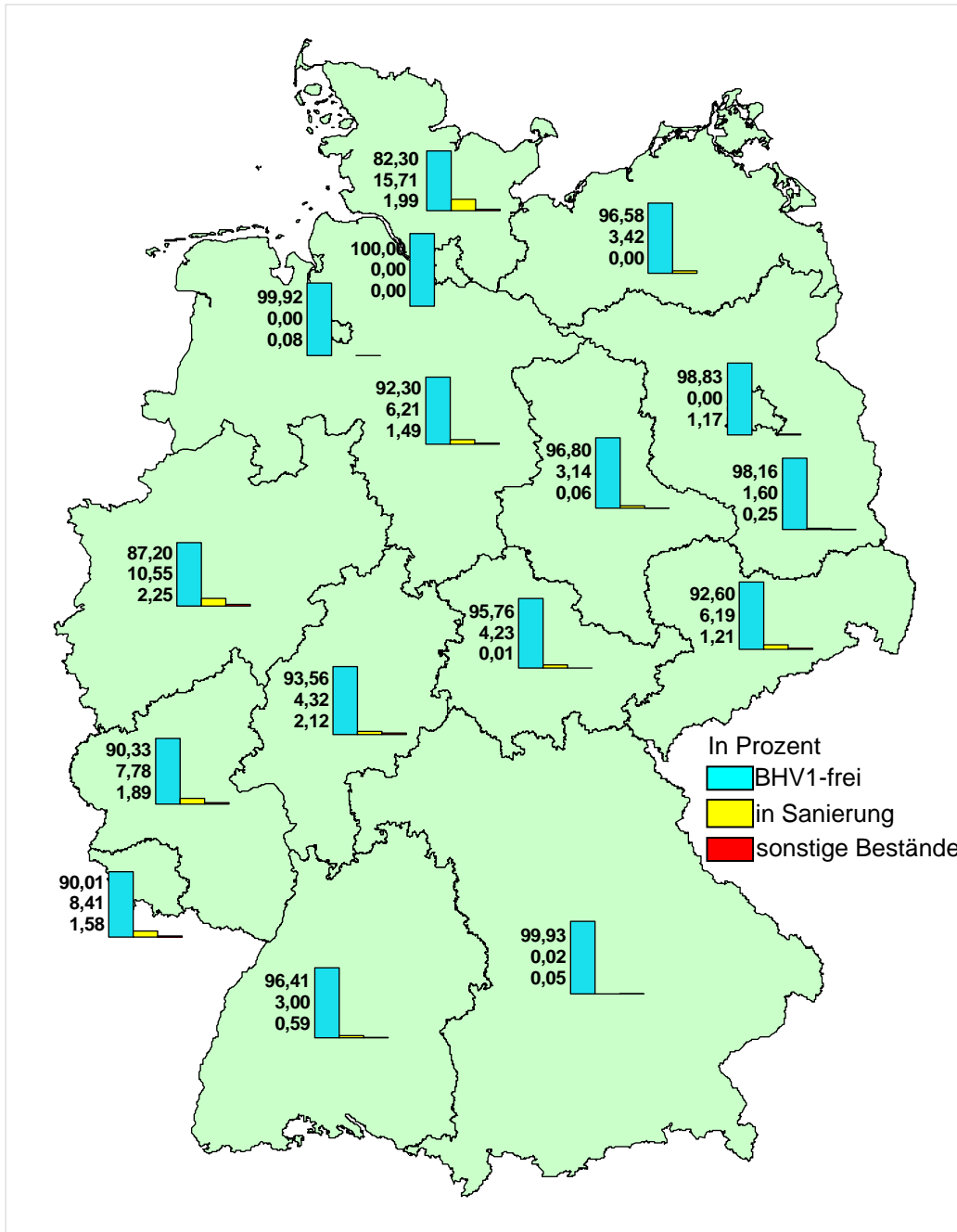


Abb. 5: Stand der BHV-1-Bekämpfung bei den Rindern nach Bundesländern (per 31.12.2013)

**Probleme der BHV-1 Bekämpfung**

Der bereits beschriebene unterschiedliche Grad der BHV-1 Sanierung in den einzelnen Bundesländern führt zunehmend zu Problemen im innerdeutschen Handel mit Rindern. Es besteht ein erhöhtes Risiko der Wiedereinschleppung der Krankheit in bereits freie Regionen und freie Bestände, dies gilt besonders für Bayern. Hier muss bei Tiertransporten und Handel in und durch die Region diesem Risiko Rechnung getragen werden. Rinder aus Impfbetrieben sind nach der geltenden EU Rechtslage für Betriebe in Bayern nicht handelbar (Kommissionsentscheidung 2004/558/EG vom 15.06.2004, Artikel 3, Absatz 1 c). Aus diesem Anlass wurden inzwischen BHV-1-Quarantäne Regelungen beschlossen, die gewisse Mindeststandards für „Quarantänestationen“ festschreiben, um die Umsetzung der

Zusatzgarantien für den Handel mit Rindern in die „Artikel 10“ Region Bayern sicherzustellen. Auch die bevorstehende 3. Änderung der BHV-1 Verordnung trägt dieser Tatsache Rechnung.

Die Stadtstaaten müssen sich langsam auf ein Ausstiegsszenario aus der Sanierung durch Impfung einstellen und Konzepte ausarbeiten, wie mit den wenigen verbliebenen Sanierungsbeständen umzugehen ist. Dies gilt aber zunehmend auch für weitere Länder wie Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Niedersachsen und Hessen, die einen Status im Sanierungsprozess erreicht haben, der nur noch wenig, wenn überhaupt hinter dem der Länder Brandenburg, Sachsen-Anhalt und Thüringen liegt (siehe Abbildungen 6 und 7).

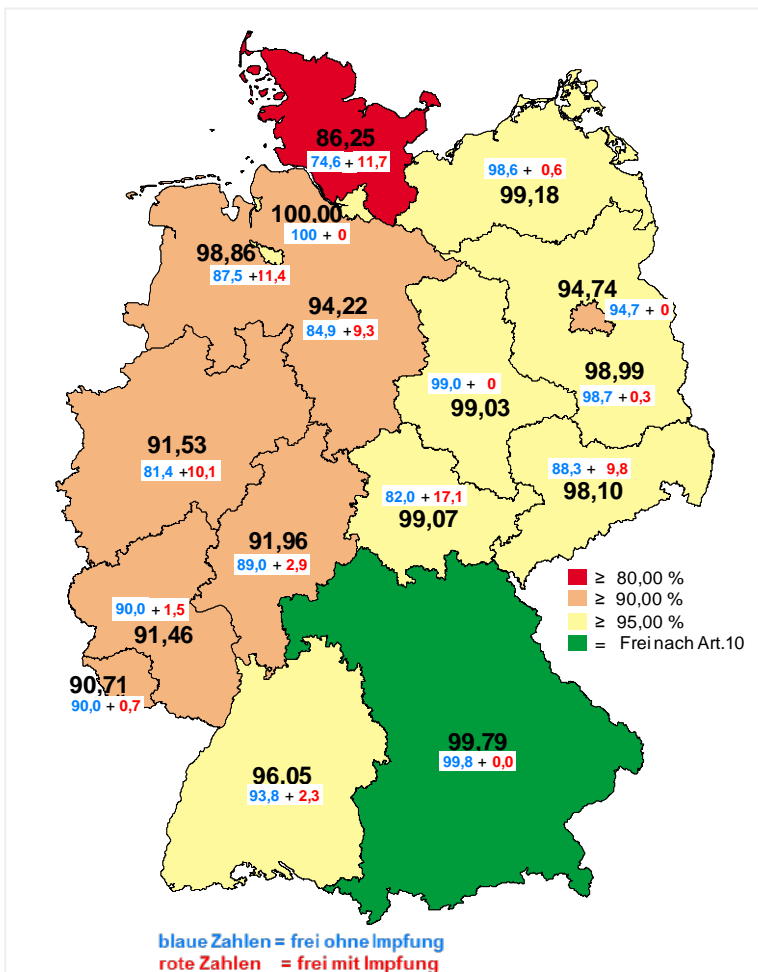


Abb. 6: BHV-1-freie Bestände nach Bundesländern mit Anteilen geimpfter und ungeimpfter Bestände bezogen auf Gesamtzahl am Sanierungsprogramm beteiligter Bestände (Stand 31.12.2013)

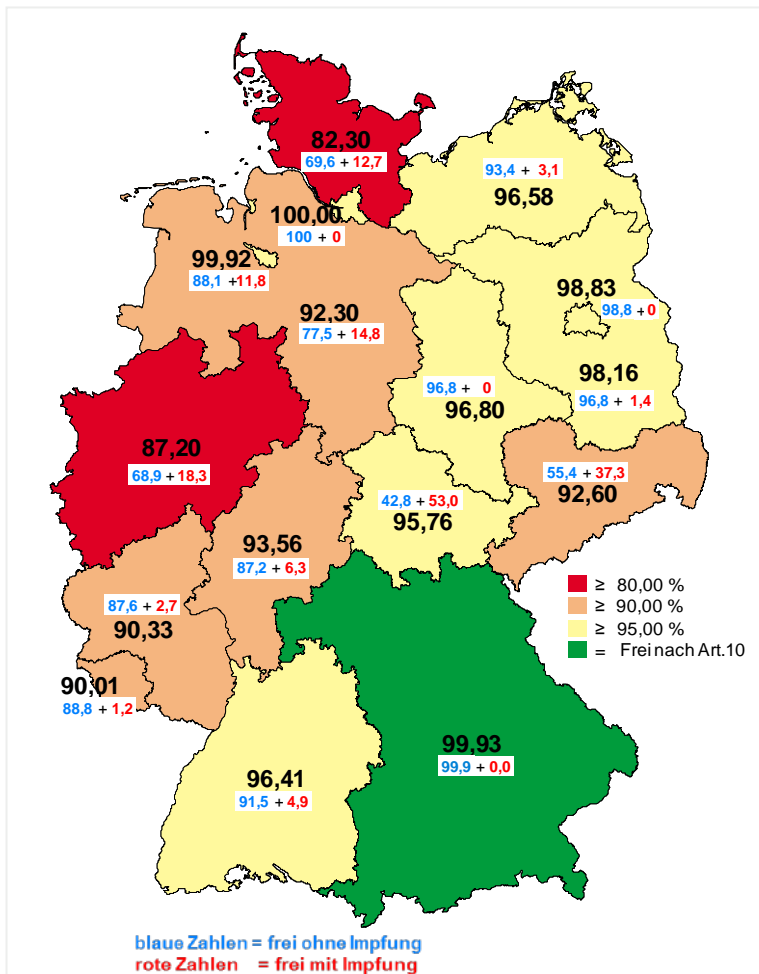


Abb. 7: BHV-1-freie Rinder nach Bundesländern mit Anteilen geimpfter und ungeimpfter Tiere, bezogen auf Gesamtzahl am Sanierungsprogramm beteiligter Rinder (Stand 31.12.2013)

Unverändert bestehen folgende Problemfelder der BHV-1 Bekämpfung weiter:

- unzureichende zeitnahe Merzung von Reagen-ten nach positiver Befundung (in Betrieben und Gebieten mit niedriger BHV-1 Prävalenz) unzu-reichender und nicht konsequenter Impfstoffe-insatz in Betrieben und Gebieten mit hoher BHV-1 Prävalenz
- diagnostische Defizite (hoher Untersuchungs-aufwand für Impftiere - Einzelblut-proben zum Nachweis von gE-Antikörper, kein Bestätigungs-test für den gE-AK Nachweis, Verfügbarkeit ei-nes einzigen kommerziellen gE-Tests
- Häufigkeit falsch positiver Testergebnisse nimmt mit zunehmender BHV-1-Freiheit bei unveränderter Spezifität der Testsystem zu.

Besonders beim gE-Antikörper ELISA steht zur Absicherung der Ergebnisse kein Alter-nativtest und auch kein Bestätigungstest zur Verfügung. Hier bleibt daher nur die Prüfung der epidemiologischen Plausibilität als zusätzliche Maßnahme der Status-Bewertung eines BHV-1-Impfbetriebes.

- „Pseudoimpfungen“ z. B. durch unspezifi-sche Reaktionen, Kreuzreaktionen mit anderen Herpesviren oder durch kontami-niertes Impfbestock (Makoschey und Beer, 2004).
- Stuserhalt freier Betriebe in „nicht frei-en“ Regionen

In Bayern wurde daher ein neues Konzept zur Untersuchung und Beurteilung von epidemiologisch unplausiblen Einzelreagenten entwickelt.

- Nach eingehender Prüfung und Beurteilung können die zuständigen Veterinärbehörden beim Auftreten von nicht negativen konventionellen Antikörpertests (Vollvirus-/gB-ELISA), die sich epidemiologisch nicht erklären lassen, eine zusätzliche Untersuchung im BHV-1 gE-blocking ELISA anordnen.
- Dies gilt nur für Bestände, die seit mehr als 3 Jahren den Status „BHV-1-frei“ tragen, in denen sich keine Impftiere befinden und keine epidemiologischen Hinweise für die Einschleppung einer BHV-1-Infektion vorliegen.
- Bei der Beurteilung des Testergebnisses wird der geringeren Sensitivität des gE-Tests Rechnung getragen, indem ein deutlich erhöhter Cut-off von P/NK: 0,95 statt 0,60 angesetzt wird.
- Die Probenahme für die Nachuntersuchung darf frühestens 21 Tage nach der Entnahme für die Erstuntersuchung erfolgen.
- Sind auch diese Untersuchungen negativ, so ist das Tier nicht als Reagent einzustufen und der Betrieb erhält wieder den Bestandsstatus BHV-1-frei.
- Den Tierhaltern wird empfohlen, die in den konventionellen BHV-1-Antikörper-Tests nicht negativen Tiere bevorzugt und baldmöglichst zur Schlachtung abzugeben.

Zusammenfassend bleibt festzuhalten, dass trotz aller bestehenden Probleme bei der BHV-1 Bekämpfung ein kontinuierlicher Fortschritt erzielt worden ist, der nicht nur für weitere Regionen, sondern auch auf Länderverbundsebene eine baldige Erreichbarkeit des „BHV-1 freien Status“ in Aussicht stellt. Eine bundesweite Zielankunft erfordert die konsequente Umsetzung der in den letzten Jahren gewonnenen Erfahrungen und deren Fortentwicklung.

### Literatur

- European Commission - DG Health & Consumers (2013) - Bovine and Swine Diseases 2012 Annual Report, Chapter 2.4 and Table 3.4 Infectious Bovine Rhinotracheitis, pages 11 and 21
- Makoschey B. and M. Beer (2004) Assessment of the risk of transmission of vaccine viruses by using insufficiently cleaned injection devices. Vet Rec. 2004 155, 563-564

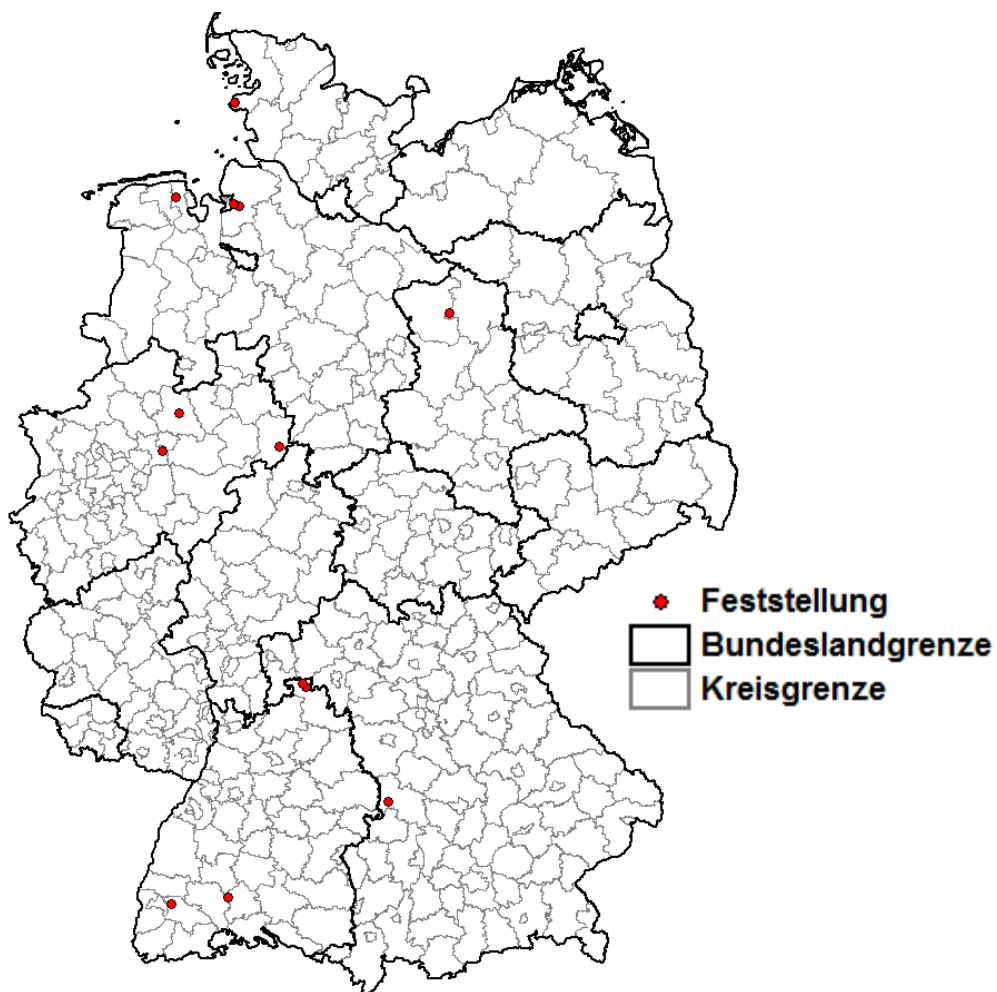


Abb. 8: Geographische Verteilung der im Jahr 2013 an TSN gemeldeten, von BHV-1 Seuchenfeststellungen 14 betroffenen Betriebe (Stand: 13. Mai 2014).

Bemerkung: In der Karte sind nicht alle Meldungen darstellbar, mindestens 1 Ausbruchsfeststellung ist wegen geographischer Überlappung schlecht sichtbar.



## 7. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease - Bovine viral diarrhoea/Mucosal Disease

Gethmann J. M., Homeier T., Schirrmeyer, H.

### Summary

Bovine viral diarrhoea causes high economic losses in the cattle population, and has been a notifiable disease in Germany since 2004. In 2013, 2,148 BVD outbreaks were reported to the German animal disease notification system (TSN). On December 2008, a regulation for a consistent eradication program was decreed by the BMELV which came into force on 01 January 2011. In 2013, 5.09 Million animals were classified, more than 6 Thousand as "persistently infected" (PI). By considering only animals that had obtained a status by testing, a proportion of 0.14 % of the tested animals was persistently infected.

### Einleitung

Die Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease (BVD/MD) ist eine durch das Bovine Virusdiarrhoe Virus (BVDV) verursachte Infektionskrankheit bei Rindern. Es werden zwei verschiedene Genotypen des BVDV unterschieden (Typ I und II), weitere Subtypisierungen sind möglich. Des Weiteren unterscheidet man die beiden Biotypen cytopathogenes (cp-) und nicht-cytopathogenes (ncp-) BVDV.

Je nachdem, wann ein Rind mit dem Virus in Kontakt kommt, kann es zu einer vorübergehenden (transienten) oder einer dauerhaften (persistierenden) Infektion kommen.

Bei transienten Infektionen mit dem BVDV hängt die Ausprägung von Krankheitserscheinungen stark vom Alter, Geschlecht und dem Trächtigkeitszustand des Einzeltieres ab. Während die Infektion bei nicht tragenden Tieren in der Regel klinisch inapparent verläuft - Ausnahmen stellen vereinzelt beschriebene perakute Verlaufsformen mit einem

hämorrhagischen Syndrom dar - führt die Infektion seronegativer trächtiger Rinder zu Fruchttretentionen, Aborten und Missbildungen.

Außerdem kann das Virus den Fetus infizieren, was zur Entstehung persistent infizierter Kälber führt. Diese Kälber scheiden das Virus lebenslang aus, was zu einer weiteren Ausbreitung des Virus führt. Eine late onset Form der BVD stellt die tödlich verlaufende Mucosal Disease dar, die entsteht, wenn persistent virämische Tiere BVD-Viren beider Biotypen (cp- und ncp-BVDV) tragen.

Wirtschaftliche Berechnungen in anderen europäischen Ländern haben ergeben, dass den Landwirten durch die Bovine Virusdiarrhoe (BVD) zwischen 8 und über 100 €/Kuh und Jahr entstehen. Damit gehört die BVD zu den weltweit wirtschaftlich bedeutsamsten Infektionserkrankungen beim Rind.

In Deutschland unterliegt die BVD/MD seit dem 3.11.2004 der Anzeigepflicht nach dem Tierseuchengesetz. Ein anzeigepflichtiger Fall liegt vor

- 1) bei Feststellung eines persistent infizierten Tieres: Ein persistent mit BVDV-infiziertes Rind ist „ein Rind, das mit einer in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Methode mit positivem Ergebnis auf BVDV untersucht worden ist und
  - a) das längstens 60 Tage nach der ersten Untersuchung erneut mit einer in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Methode mit positivem Ergebnis auf BVDV untersucht worden ist,
  - b) bei dem eine Wiederholungsuntersuchung nach Buchstabe a unterblieben ist oder

- c) das an Mucosal Disease erkrankt ist, sowie die Nachkommen eines Rindes nach den Buchstaben a bis c.“<sup>1</sup>

2) bei Feststellung von Mucosal Disease

**Situation**

Im TSN wurden im Jahr 2013 2.148 Fälle von BVD/MD gemeldet und damit ein Abfall um etwa 51 % im Vergleich zu 2012 (siehe Tabelle 1). Die meisten Fälle wurden in Bayern gemeldet, gefolgt von Niedersachsen, Schleswig-Holstein und Nordrhein-Westfalen.

Alle Untersuchungen auf das BVD-Virus werden in der Datenbank HI-Tier erfasst und es wird automatisch ein Status für das Tier ermittelt (z. B.: BVDV-unverdächtig, BVDV-infiziert oder PI-Tier). Auswertungen für das Jahr 2013 haben gezeigt, dass etwa 5,09 Millionen Rinder einen Status erhalten haben und davon ca. 6.800 Tausend Rinder den Status „persistent infiziertes Rind“ (Tabelle 2).

Allerdings wurden z. B. auch ein negativer Status vergeben, wenn das Kalb einer Kuh negativ getestet wurde (N35, 210 Tsd.). Berücksichtigt man ausschließlich Tiere, bei denen der Status über ein Testergebnis vergeben wurde, dann ergibt sich ein Anteil an PI-Tieren von ca. 0,14 % (siehe Abbildung 1).

**Ausbrüche von BVD 2**

Ende 2012 gab es Berichte von Landwirten über schwere klinische Symptome, wie wässrigen oder blutigen Durchfall und perakutes Verenden. Bei einer Untersuchung des Geschehens wurde bei insgesamt 23 Betrieben festgestellt, dass sie von einer Infektion mit BVD-2 betroffen waren. Der Initialausbruch war den Ermittlungen nach ein Bestand in Kleve, der vermutete Eintragszeitpunkt in diesen Bestand liegt Mitte bis Ende Oktober 2012, es kann jedoch nicht ausgeschlossen werden, dass das Virus in der Region schon länger zirkuliert, auch wenn dies aufgrund der starken klinischen Symptomatik eher unwahrscheinlich ist. Der wahrscheinlichste Einschleppungsweg war der Zukauf von Tieren. Von diesem Bestand wurde die Infektion wahrscheinlich über Tier- und Personenkontakte (Tierarzt; Landwirte) in weitere Bestände verschleppt. Die Auswirkungen für die betroffenen Betriebe waren erheblich. So hatten die Betriebe in einzelnen Ställen Verluste bis zu 60 % und die Betriebe wurden, um eine weitere Ausbreitung der Seuche zu verhindern, gesperrt.

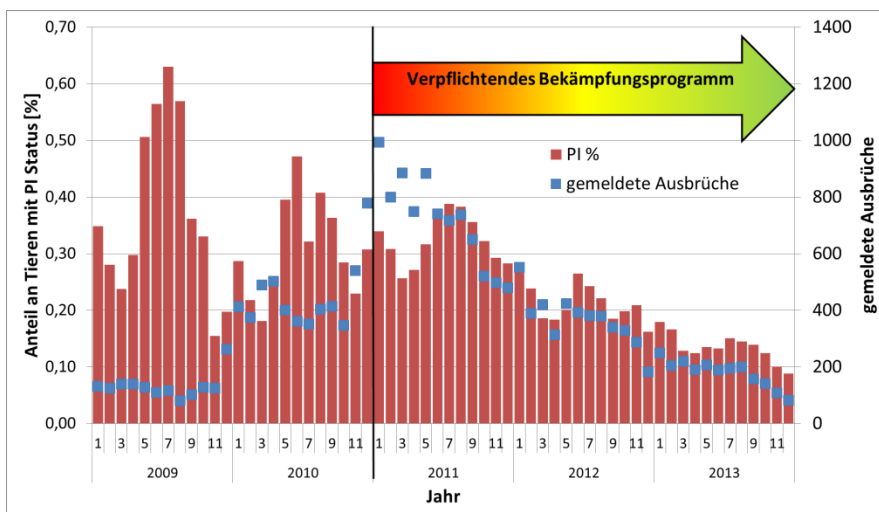


Abb. 1: Anteil der als PI klassifizierten Tiere und Anzahl der Ausbrüche über die Zeit

<sup>1</sup> Verordnung zum Schutz der Rinder vor einer Infektion mit dem Bovinen Virusdiarrhoe-Virus (BVDV-Verordnung) vom 11. Dezember 2008, 2011.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Die Labordiagnostik der BVD erfolgt in den Bundesländern an den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern mit zugelassenen Testkits und auf der Grundlage der amtlichen Methodensammlung für anzeigepflichtige Tierseuchen. Eine Zusammenführung von Untersuchungszahlen sowie eine zentrale Ergebnisstatistik existieren nicht.

Der Schwerpunkt der Diagnostik liegt auf Methoden zum Virus- bzw. Genomnachweis zur Erkennung von persistent infizierten Tieren. Der Antikörpernachweis hat seine Bedeutung in erster Linie zur Überwachung der Effektivität des Bekämpfungsverfahrens. Die Möglichkeiten des Virusnachweises können durch das Vorhandensein maternaler Antikörper, die zu einer Maskierung des Virus führen, eingeschränkt sein. Diese sogenannte „Diagnostische Lücke“ variiert in Abhängigkeit vom Untersuchungssubstrat und der angewandten Methode (Tabelle 3).

### Bekämpfungsprogramme

Seit 1998 haben zahlreiche Bundesländer in überwiegend freiwilligen Bekämpfungsverfahren Maßnahmen zur Bekämpfung der BVD durchgeführt. Die dabei erzielten Ergebnisse und Erfahrungen belegen, dass für einen wirksamen Sanierungsfortschritt eine bundesweit einheitliche Vorgehensweise erforderlich ist.

Zu diesem Zweck hat das BMELV am 11. Dezember 2008 die „Verordnung zum Schutz der Rinder vor einer Infektion mit dem Bovinen Virusdiarrhoe-Virus (BVDV-Verordnung) (BGBl. I S. 2461)“ veröffentlicht. Zentraler Punkt der Verordnung ist eine Untersuchungspflicht für alle NutZRinder bis zum 6. Lebensmonat, die zu einer lebenslang gültigen Zertifizierung als „unverdächtiges Rind“ (=virusfrei) führt. Das Ergebnis der Untersuchungen und der damit verbundene Status wird im Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere (HI Tier) eingetragen. Um ein möglichst frühes Ergebnis zu erhalten, wird in zunehmendem Maße von der Möglichkeit Gebrauch gemacht, eine bei der Kennzeichnung der Kälber mittels Ohrmarken entnommene Gewebeprobe auf BVDV zu untersuchen. Es dürfen ausschließlich unverdächtige Rinder gehandelt werden. Ein Einsatz von Impfstoffen in ein- und zweistufigen Verfahren ist möglich. Die Verordnung ist am 1. Januar 2011 in Kraft getreten.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 1: In TSN gemeldete BVD-Fälle (Stand 07.05.2013)

Bundesland\Jahr	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Schleswig-Holstein	649	194	133	93	198	534	405	218
Hamburg						3	4	
Niedersachsen	232	211	248	152	1419	2638	960	521
Bremen				1	11	1	1	2
Nordrhein-Westfalen	53	59	71	220	1815	563	236	155
Hessen	17	18	14	27	221	183	44	40
Rheinland-Pfalz	16	38	60	52	44	195	76	33
Baden-Württemberg	38	98	98	135	292	724	425	123
Bayern	491	625	575	735	1169	3470	2019	962
Saarland	1		1	1	22	27	8	4
Berlin		1	1		1			
Brandenburg	25	23	18	22	34	81	25	13
Mecklenburg-Vorpommern	5	8	9	1	5	8	2	
Sachsen	9	14	19	25	38	29	33	17
Sachsen-Anhalt	32	47	47	39	22	27	11	6
Thüringen	5	3	7	31	87	162	115	54
<b>Summe</b>	<b>1.573</b>	<b>1.339</b>	<b>1.301</b>	<b>1.534</b>	<b>5.378</b>	<b>8.645</b>	<b>4.364</b>	<b>2.148</b>

Tabelle 2: Anzahl der in HI-Tier vergebenen BVD-Status 2013

BL	N	N35	O	P	P35	P%	U	Gesamt
Schleswig-Holstein	430.052	24.948	1.459	785	5	0,19	203	432.499
Hamburg	2.021	34	56			0,00		2.077
Niedersachsen	1.196.548	27.935	846	1.110	3	0,09	191	1.198.695
Bremen	3.346	115		6		0,19	3	3.355
Nordrhein-Westfalen	684.360	2.066	541	486	3	0,07	9	685.396
Hessen	169.555	6.062	1.010	121		0,07	24	170.710
Rheinland-Pfalz	150.112	8.595	269	199		0,14	72	150.652
Baden-Württemberg	376.680	29.740	42	427		0,12	83	377.232
Bayern	1.145.659	98.017	166	3.196	9	0,30	1.076	1.150.097
Saarland	19.606	923	81	6		0,03	3	19.696
Berlin	187	46	2			0,00		189
Brandenburg	204.726	3.530	235	72		0,04	4	205.037
Mecklenburg-Vorpommern	219.841	1.453	299	260		0,12	14	220.414
Sachsen	203.499	3.369	821	30		0,01		204.350
Sachsen-Anhalt	132.739	1.848	204	34		0,03	1	132.978
Thüringen	139.086	2.278	59	130		0,10	9	139.284
<b>Gesamt</b>	<b>5.078.017</b>	<b>210.959</b>	<b>6.090</b>	<b>6.862</b>	<b>20</b>	<b>0,14</b>	<b>1.692</b>	<b>5.092.661</b>

Tabelle 3: Zugelassenen Untersuchungsmethoden für den Antigen-/Genomnachweis unter Berücksichtigung der „Diagnostischen Lücke“

Methoden	Untersuchungsmaterial	Diagnostische Lücke
ERNS-Ag-ELISA	Serum, Plasma, EDTA-Blut Organe, Hautbiopsate	< 30. Tag Keine diagnostische Lücke
NS3-Ag-ELISA	Blutleukozyten, Hautbiopsate	< 90. Tag
Durchflusszytometrie	Blutleukozyten	3.-90. Tag
Virusisolierung	Blutleukozyten	7.-40. Tag
RT-PCR	Serum, Plasma EDTA-Blut, Leukozyten Organe, Milch, Hautbiopsate	Poolproben: 7.-40. Tag Einzelproben: Keine diagnostische Lücke

nach Referenzmaterial aus Irland, Spanien, Frankreich, den Niederlanden, der Ukraine, Polen, Australien und Südkorea bedient. Schließlich wurden 6 Chargenunterprüfungen im Rahmen von § 17 c Tierseuchengesetz durchgeführt.

### Statistische Angaben

Dem Tierseuchen-Nachrichtensystem (TSN) wurden in 2013 insgesamt 290 Ausbrüche der Chlamydiose gemeldet (Tabelle 1). Die Fallzahlen im Bereich Geflügel, Psittaziden und Tauben blieben in etwa auf dem Vorjahresniveau. Aus der Sicht des NRL ist es schwierig, allgemeingültige Einschätzungen der epidemiologischen Situation vorzunehmen, da uns nur gelegentlich Verdachtsproben zur Abklärung eingeschickt werden. Allerdings scheint der Umfang der diagnostischen Untersuchungen bundesweit immer noch niedrig zu sein. Auch bleibt offen, inwieweit sich die Herabstufung der aviären Chlamydiose von der anzeigepflichtigen Tierseuche zur meldepflichtigen Tierkrankheit langfristig auf die Statistik auswirkt.

Nicht-aviäre Chlamydiosen wurden wie in der Vergangenheit hauptsächlich bei Rindern und Schafen nachgewiesen. Gegenüber dem Vorjahr sind die Zahlen beim Rind erheblich gestiegen, während beim Schaf ein leichter Rückgang der gemeldeten Fälle zu verzeichnen ist.

### Forschung

#### *Zwei neue Chlamydienarten als mögliche Agenzien der aviären Chlamydiose*

Kürzlich veröffentlichte Forschungsergebnisse belegen die Existenz zweier neuer Chlamydienarten (Sachse *et al.*, 2014). Unter Federführung der FLI-Gruppe war ein internationales Team mit Fachkollegen aus Frankreich und Italien, später auch aus den USA und Spanien, mehrere Jahre damit beschäftigt, Erkrankungsfälle bei Nutzgeflügel, Tauben und Sittichen zu analysieren, an denen bestimmte nicht-klassifizierte Stämme der Familie

*Chlamydiaceae* beteiligt waren. *Chlamydia avium* als erste der beiden neuen Arten wurde als verantwortlicher Keim für Atemwegserkrankungen bei Tauben und Sittichen identifiziert. Bei einem Teil der untersuchten Vögel endete die Infektion tödlich. Die zweite Spezies, *Chlamydia gallinacea*, findet sich nach jetzigem Kenntnisstand recht häufig bei Hühnergeflügel. Seine krankmachende Wirkung ist noch nicht gesichert, es gibt aber Indizien, wonach Kontaktpersonen gefährdet sein können.

Die Entdeckung der neuen Keime wird verschiedene Konsequenzen für die Untersuchungen der Chlamydiose bei Geflügel, Zier- und Wildvögeln nach sich ziehen (Sachse und Laroucau, 2014). Rechnet man bisher bei der aviären Chlamydiose nur mit dem klassischen Erreger *Chlamydia psittaci*, so sind künftig auch die beiden neuen Spezies in die Diagnostik einzubeziehen. Das NRL stellt hierfür Laborprotokolle zum schnellen und spezifischen Nachweis der genannten Agenzien bereit. Es wurden auf DNA-Mikroarray und Real-Time-PCR basierende Nachweisverfahren entwickelt.

Um eine Neubewertung der Ätiologie, Immunopathologie und Epidemiologie der aviären Chlamydiose unter Einschluss der beiden neuen Chlamydien vornehmen zu können, empfiehlt das NRL die Durchführung prospektiver und retrospektiver Feldstudien sowie die Untersuchung molekularer Pathogenesemechanismen anhand von *in vitro*- und *in vivo*-Modellen.

Die neuen Spezies können am Infektionsgeschehen in unterschiedlichem Maße beteiligt sein. Einerseits treten *Chlamydia avium* und *Chlamydia gallinacea* einzeln als Monoinfektion auf, in zahlreichen Fällen wurden aber auch Mischinfektionen mit *Chlamydia psittaci* beobachtet, wobei in diesen Fällen die Krankheitsverläufe tendenziell schwerer waren. Die neuen Erkenntnisse sind letztlich auch bei den Bekämpfungsmaßnahmen zu berücksichtigen.

**Zoonosepotential**

Das Infektionsepidemiologische Jahrbuch des Robert-Koch-Instituts weist für das Jahr 2013 insgesamt 12 humane Ornithosefälle aus. Damit setzte sich die leicht rückläufige Tendenz der letzten Jahre fort (s. Tabelle 2).

**Literatur:**

- Sachse, K., Laroucau, K., Riege, K., Wehner, S., Dilcher, M., Huot Creasy, H., Weidmann, M., Myers, G., Vorimore, F., Vicari, N., Mag-nino, S., Liebler-Tenorio, E., Ruettinger, A., Bavoil, P. M., Hufert, F.T., Rosselló-Móra, R., Marz, M. (2014) Evidence for the existence of two new members of the family *Chlamydiaceae* and proposal of *Chlamydia avium* sp. nov. and *Chlamydia gallinacea* sp. nov. Syst. Appl. Microbiol. 37 (2014) 79-88
- Sachse, K., Laroucau, K. (2014) Avian chlamy-diosis: Two more bacterial players discovered. The Veterinary Journal 200, 347-348

Tabelle 1: Zusammenfassung der gemeldeten Chlamydiose-Ausbrüche nach Tierarten

Tierart	2009	2010	2011	2012	2013
Psittaziden	157	76	17	44	38
Taube	103	23	17	21	15
Huhn	27	5	4	10	20
Ente	0	5	2	2	0
Gans	3	2	0	1	0
Andere Vögel	0	0	1	0	2
Rinder	65	87	92	98	158
Schafe	90	28	42	53	33
Ziegen	8	2	2	4	4
Andere Tiere*	35	6	7	10	20
<b>Gesamt</b>	<b>488</b>	<b>234</b>	<b>184</b>	<b>243</b>	<b>290</b>

\* u. a. Zootiere, Wildtiere, Heimtiere

Tabelle 2: Gemeldete Ornithose-Erkrankungen beim Menschen

2008	2009	2010	2011	2012	2013
22	23	25	16	16	12

9. Echinokokkose - Echinococcosis

Conraths F. J., Schwarz S., Sutor A.

Summary

Infections of humans with the larval stage of the small fox tapeworm *E. multilocularis* are regarded as one of the most dangerous parasitic zoonoses in Central Europe.

Since the 9th November of 2004 infections of animals with *Echinococcus spp.* have been reportable in Germany. *E. multilocularis* is a parasite with an indirect life cycle. Infected definitive hosts (*Canidae*, also *Felidae*; in Europe in most cases the red fox [*Vulpes vulpes*], but increasingly also the raccoon dog [*Nyctereutes procyonoides*]) harbor the mature, 1-3 mm sized tapeworms, whose number can range from a few to several 100,000, in their small intestines and excrete eggs with their feces which are also infectious for humans. These eggs can remain infectious for months in the environmental vegetation covering the soil. Regular intermediate hosts are rodents, which become infected by oral uptake of infective *E. multilocularis* eggs. In most cases of alveolar echinococcosis, larval stages of the parasite are found in the liver of the intermediate hosts. The life cycle of *E. multilocularis* is completed when definitive hosts ingest tissues of infected intermediate hosts containing larval stages with fertile protoscolices.

	number
Samples (red fox, raccoon dog)	40
Investigated individuals (until 31.12.2013)	40
Positive samples	15

Zusammenfassung

Infektionen von Menschen mit dem Larvenstadium des Kleinen Fuchsbandwurms *E. multilocularis* gelten als eine der gefährlichsten parasitär bedingten Zoonose Mitteleuropas.

Infektionen bei Tieren mit *Echinococcus spp.* sind seit dem 9. November 2004 (Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten) meldepflichtig.

*E. multilocularis* hat einen obligaten Wirtswechselzyklus. Infizierte Endwirte (*Canidae*, bedingt auch *Felidae*; in Europa vor allem der Fuchs *Vulpes vulpes* und zunehmend auch der Marderhund *Nyctereutes procyonoides*) beherbergen wenige bis zu mehreren 100.000 geschlechtsreifen, 1-3 Millimeter kleinen Bandwürmer im Dünndarm und scheiden die auch für den Menschen infektiösen Eier mit der Losung aus. Diese können über Monate in der bodennah wachsenden Vegetation infektiös bleiben. Reguläre Zwischenwirte sind Nagetiere, die sich durch eine orale Aufnahme der Eier infizieren und das Larvenstadium in nahezu allen Fällen der Infektion in der Leber beherbergen. Der Lebenszyklus schließt sich über die Räuber-Beute-Beziehung der End- und Zwischenwirte.

	Anzahl
Einsendungen (Fuchs, Marderhund)	40
Untersuchte Tiere (zum 31.12.2013)	40
Erregernachweise	15



### 10. Enzootische Leukose der Rinder - Enzootic bovine leukosis

Kotterba G., Homeier T.

#### Summary

In 2013, only two outbreaks of enzootic bovine leukosis (EBL) were notified in Germany in the federal state Hesse confirming the decreasing numbers of new infections observed during the last years. In contrast to the previous years when most infections in Germany were concentrated in the federal state of Baden-Württemberg (50 % in 2007; 75 % in 2006 and 50% in 2005), outbreaks in the more recent years 2008 and 2009 were diagnosed throughout Germany involving several federal states.

According to EU regulation 64/432/EWG at least 99.8 % of the cattle farms in a member state have to be negative for EBL in order to declare the country free of EBL. Since the prevalence has been below 0.01 % for the last ten years Germany fulfils this requirement and is therefore officially free of EBL.

#### Zusammenfassung

Die Zahl der Neuausbrüche der enzootischen Leukose der Rinder lag im Jahr 2013 auf dem Niveau der letzten Jahre. Die Bundesrepublik Deutschland erfüllt somit weiterhin die Voraussetzungen für den amtlich anerkannt rinderleukosefreien Status.

#### Labordiagnostische Untersuchungen

Die Diagnostik erfolgt:

- serologisch durch den Nachweis von humoralen Antikörpern im Blutserum oder -plasma und/oder in der Milch.

Ergänzende diagnostische Untersuchungen:

- klinisch oder pathologisch-anatomisch durch den Nachweis des Tumorstadiums (Leukoseverdacht) und durch histologische Tumordifferenzierung (pathognomonisch),
- durch den Bovines Leukosevirus (BLV)-Provirusnachweis mit Hilfe der PCR.

Durch die Untersuchungseinrichtungen der Länder erfolgt auf der Grundlage der Rinder-Leukose-Verordnung die Antikörperdiagnostik im Serum oder in der Milch im

- ELISA mittels kommerziell erhältlicher zugelassener Testsysteme,
- und/oder (noch vereinzelt) bei Blutserumuntersuchungen und/oder Untersuchung des Erstkolostrums im Agargel-Immunodiffusionstest (AGIDT, IDT).

Trotz des Sanierungsfortschritts kann nicht ausgeschlossen werden, dass auch nach der Selektion serologisch positiver Tiere in einem Bestand eine unbekannte Anzahl BLV-infizierter Tiere übrig bleibt, die infolge fehlender BLV-Antikörper bzw. schwankender, permanent niedriger oder transienter BLV-Antikörperkonzentrationen im Blut mit herkömmlichen serologischen Antikörpertests nicht oder nur zu bestimmten Zeitpunkten identifiziert werden können. Die Möglichkeit, in leukoseunverdächtigen Betrieben i. S. der Rinder-Leukose-Verordnung zur Überwachung dieses Status Sammelgemelke zu untersuchen, macht es zudem möglich, dass infizierte nicht-laktierende Rinder unterschiedlichen Alters als Infektionsquelle lange Zeit unerkannt bleiben und dadurch die Endsanierung erheblich verzögern können.

Ein weiteres Problem stellt die Mutterkuhhaltung dar, bei der die Diagnostik via Serum erfolgen muss. Die Anzahl der Neuausbrüche in Mutterkuhhaltungen ist im Verhältnis zu den Neuausbrüchen in Milchviehhaltungen relativ hoch. Es stellt sich deshalb die Frage nach einer möglichen Reservoirfunktion von Mutterkuhhaltungen für das BLV. Gesicherte Erkenntnisse hierzu liegen gegenwärtig nicht vor. Bei ausschließlicher Mutterkuhhaltung

(d. h. Betriebe mit dieser Haltungsform, deren Bestand an Rindern über zwei Jahren nach der Rinder-Leukose-Verordnung zu weniger als 30 von Hundert aus Milchkühen besteht) kann das Untersuchungsintervall bis zu drei Jahre betragen (Betriebe, deren Bestand an Rindern über zwei Jahre zu mindestens 30 von Hundert aus Milchkühen besteht, sind spätestens alle zwei Jahre zu untersuchen).

### Statistische Angaben

Im Jahr 2013 wurden 2 Neuausbrüche im Bundesland Hessen angezeigt (s. Abb. 1), welche den abnehmenden Trend der Vorjahre bestätigen (s. Tab. 1). Während in den vergangenen Jahren in Baden-Württemberg die meisten Fälle diagnostiziert wurden (60 % aller Fälle im Jahr 2005; 75 % aller Fälle im Jahr 2006, 50 % aller Fälle im Jahr 2007), waren in den folgenden Jahren die angezeigten Fälle über den nordost-, mittel- und süddeutschen Raum verteilt. Im Jahr 2011 wurden in Baden-Württemberg und in Mecklenburg-Vorpommern jeweils ein Fall und im Jahr 2012 zwei Fälle in Schleswig-Holstein gemeldet.

### Staatliche Maßnahmen

Auf die Ausführungen zur Rinder-Leukose-Verordnung im Tiergesundheitsbericht 2001/2002 sowie die aktuellen Änderungen hinsichtlich der Untersuchungsintervalle und -modalitäten der gültigen Fassung vom 20. Dezember 2005 wird verwiesen.

Gemäß Artikel 2, Abs. 2, Buchstabe k) der Richtlinie 64/432/EWG sind für die amtliche Anerkennung als leukosefreier Mitgliedstaat/leukosefreies Gebiet die Anforderungen gemäß Anhang D, Kapitel I, Abschnitte E und F zu erfüllen. Angesichts der eingangs geschilderten Seuchensituation kommt für die amtliche Anerkennung der Bundesrepublik Deutschland als rinderleukosefreier Mitgliedstaat nur die Option nach Anhang D, Kapitel I, Ab-

schnitt E, Buchstabe a) in Betracht, wonach mindestens 99,8 % der Rinderbestände amtlich anerkannt leukosefrei sein müssen. Die EBL-Prävalenz darf demzufolge zum Stichtag, am 31. Mai jeden Jahres gemäß Artikel 8 der o. g. Richtlinie, den Wert von 0,2 % nicht übersteigen.

Für die Berechnung der EBL-Prävalenz wird die Anzahl der Leukosebestände zur Gesamtzahl der Rinderbestände in Bezug gesetzt. Die sich jährlich verändernden Rinderbestandszahlen mit abnehmendem Trend können den Publikationen des Bundesamtes für Statistik (bzw. dem Tiergesundheitsjahresbericht) entnommen werden. Die Zahl der festgestellten Leukoseausbrüche ergibt sich aus den amtlichen Tierseuchenmeldungen der Länder in Verbindung mit der jährlichen Berichterstattung der Länder zum Stand der Leukosebekämpfung. Die Feststellung des amtlich anerkannt rinderleukosefreien Status der Bundesrepublik Deutschland in Bezug auf die Rinderbestände besteht gemäß der jeweils gültigen Fassung der Entscheidung 2003/467/EG seit dem Jahr 1998 (s. Tab. 1). Mit einer Prävalenz unter 0,01 % im Jahr 2013 wurde die Voraussetzung gemäß Anhang D, Kapitel I, Abschnitt E, Buchstabe a) der Richtlinie 64/432/EWG erneut erfüllt.

Tabelle 1: Anzahl festgestellter Leukoseausbrüche in den Jahren 2003 bis 2013

	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Anzahl Rinderbestände	198.200	184.500	209.858	171.900	170.500	187.317	181.220	176.369	167.954	162.867	158.915
Anzahl Leukoseausbrüche im Bundesgebiet	21	13	15	12	9	7	5	1	3	2	2
Anteil leukosefreier Rinderbestände in %	99,99	99,99	99,99	99,99	99,99	99,99	99,99	99,99	99,99	99,99	99,99

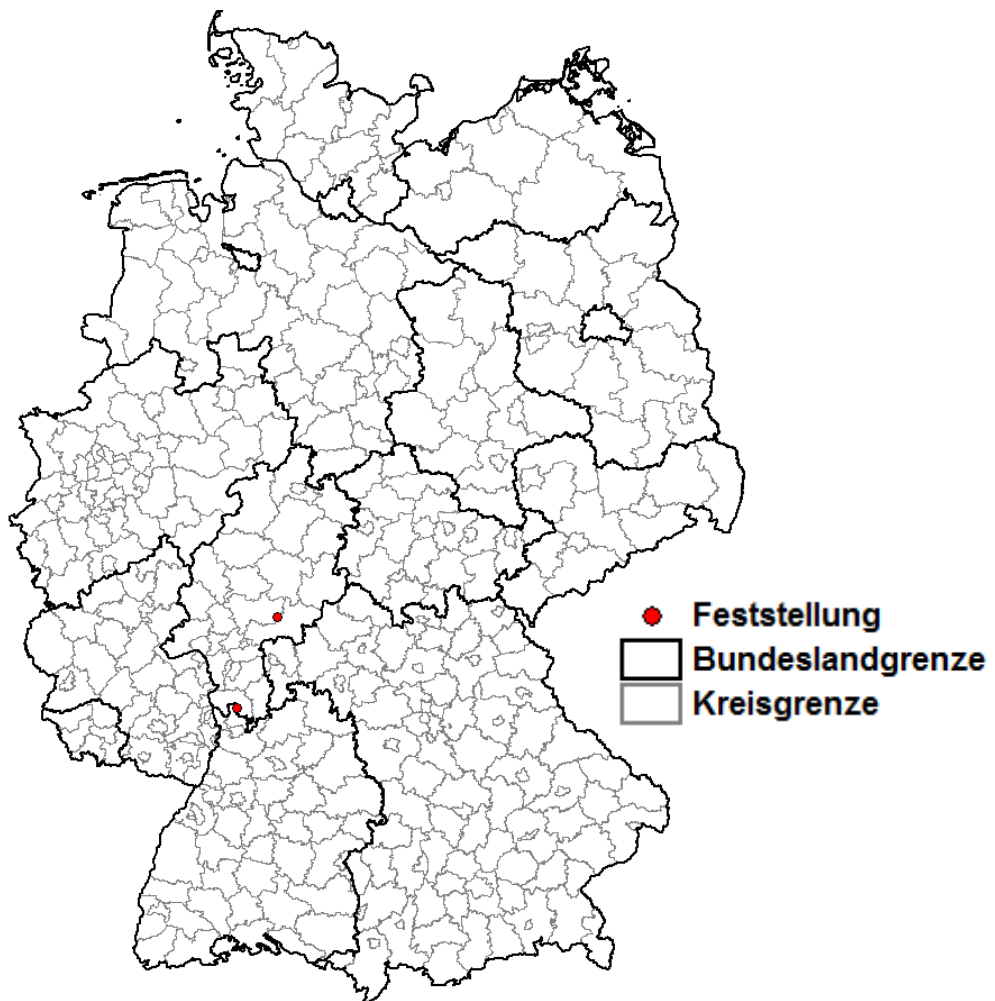


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2013 angezeigten Neuausbrüche enzootischen Leukose der Rinder (TSN; Stichtag: 14.07.2014)

### 11. Hantaviren in Deutschland - Hantaviruses in Germany

Ulrich R. G.

#### Summary

During the years 2001-2013, a total of 8,733 human hantavirus cases were registered by the Robert Koch-Institut ([www.rki.de/SurvStat](http://www.rki.de/SurvStat); data as of May 21st, 2014). The number of recorded cases showed strong oscillations between the years and major peaks in the years 2007, 2010 and 2012. The majority of human cases are autochthonous and caused by Puumala virus (PUUV) infections. During all the years most of the cases were recorded in Baden-Wuerttemberg, Bavaria, North-Rhine Westphalia and Lower Saxony. In the year 2010 for the first time increased numbers of cases were registered in Thuringia and Hesse. Molecular biological investigations in the reservoir of PUUV, the bank vole *Myodes glareolus*, revealed different genetic clades of the virus with a typical geographical clustering. In addition, human infections with striped field mouse-associated Dobrava-Belgrade virus, genotype Kurkino, were documented in northern, north-eastern and eastern Germany. Tula virus was detected by molecular analysis in the reservoir, the common vole *Microtus arvalis*, but frequently also in field vole *M. agrestis* and water vole *Arvicola amphibius*. So far only very little information is available about human infections with this virus. Recently, the shrew-borne hantaviruses Seewis virus and Asikkala virus have been detected in different *Sorex* species.

#### Zusammenfassung

In den Jahren 2001-2013 wurde durch das Robert Koch-Institut eine Gesamtzahl von 8.733 humanen Hantaviruserkrankungen erfasst (<http://www3.rki.de/SurvStat>; Datenstand: 21. Mai 2014). Die Anzahl der gemeldeten Fälle zeigte starke Schwankungen mit den höchsten Fallzahlen in den Jahren 2007, 2010 und 2012. Die Mehrheit der humanen Fälle sind autochthon und durch Puumalavirus (PUUV)-Infektionen verursacht. Die meisten Fälle wurden in den vergangenen Jahren in Baden-Württemberg, Bayern, Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen registriert. Im Jahr 2010 wurde erstmalig eine erhöhte Zahl an Fällen in Thüringen und Hessen gemeldet. Molekularbiologische Untersuchungen im Reservoir des PUUV, der Rötelmaus *Myodes glareolus*, zeigte verschiedene genetische Linien des Virus mit typischer geografischer Clustering. Humane Infektionen mit dem Brandmaus-assoziierten Dobrava-Belgrad-Virus, Genotyp Kurkino, wurden in Nord-, Nordost- und Ostdeutschland gefunden. Tulavirus wurde bei molekularen Analysen im Reservoirwirt, der Feldmaus *Microtus arvalis*, aber mehrfach auch in der Erdmaus *M. agrestis* und der Schermaus *Arvicola amphibius* nachgewiesen. Zu humanen Infektionen mit diesem Virus ist bisher wenig bekannt. Kürzlich wurden die Spitzmaus-assoziierten Seewisvirus und Asikkalavirus erstmals in Deutschland in verschiedenen *Sorex*-Species gefunden.

### Erreger/Epidemiologie

Bei den Vertretern der Gattung *Hantavirus*, Familie *Bunyaviridae*, handelt es sich um behüllte Viren mit einem Negativstrang-RNA-Genom. Verschiedene Nagetiere bilden das Reservoir für humanpathogene Hantaviren. Die persistent infizierten Reserviertiere scheiden das Virus mit Speichel, Kot und Urin aus. Entsprechend kann eine indirekte Übertragung durch aerogene Aufnahme von Virus-kontaminiertem Staub erfolgen. Bei humanen Infektionen kann es, in Abhängigkeit vom infizierenden Hantavirustyp, zu unterschiedlich schweren Krankheitsverläufen kommen, die durch Fieber, grippale Symptome, akutes Nierenversagen und/oder schwere Lungenfunktionsstörungen gekennzeichnet sind. Die geografische Verbreitung der Viren folgt dem Vorkommen des jeweiligen Reservoirs.

Humane Hantavirus-Infektionen wurden erstmals in den 1980er Jahren in Deutschland beschrieben (siehe Ulrich et al., 2004). Seit der Einführung der Meldepflicht wurden dem Robert Koch-Institut für den Zeitraum 2001-2013 insgesamt 8.733 Hantavirus-Erkrankungen gemeldet (Robert Koch-Institut, [www.rki.de/SurvStat](http://www.rki.de/SurvStat); Datenstand: 21. Mai 2014). Die Zahl der gemeldeten Fälle schwankte dabei stark zwischen den Jahren mit den höchsten Zahlen gemeldeter Fälle in den Jahren 2007, 2010 und 2012 (Hofmann et al., 2008; Ettinger et al., 2012; Boone et al., 2012; Tabelle 1). Die geographische Verteilung der gemeldeten Fälle zeigt Landkreise mit sehr hohen Inzidenzen, während in einigen Landkreisen bisher keine Hantavirus-Infektionen gemeldet wurden (Abbildung 1 A). Im Jahr 2010 wurde erstmals auch eine deutlich erhöhte Zahl von gemeldeten Fällen in Hessen und Thüringen registriert, während im Jahr 2012 auch Rheinland-Pfalz erstmals stärker betroffen war. Die im Jahr 2013 gemeldeten Fälle wurden erneut in Gebieten registriert, die auch in den Vorjahren betroffen

gewesen sind (Abbildung 1 B). Die Mehrzahl der gemeldeten Fälle ist auf autochthone Infektionen mit dem Puumalavirus (PUUV) zurückzuführen.

### Forschung

Die Untersuchungen konzentrierten sich auf die Fortsetzung der molekularepidemiologischen Aufklärung der Hantavirus-Ausbrüche, die Ermittlung möglicher Ursachen von Hantavirus-Ausbrüchen, die Charakterisierung der Wirtsspezifität von Hantaviren und die Suche nach neuen in Deutschland vorkommenden Hantaviren. Im Rahmen der gemeinsamen Untersuchungen mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren an der Charité in Berlin wurde ein umfangreiches Kataster von PUUV-Sequenzen aus Patienten und aus dem Reservoirwirt (Rötelmaus *Myodes glareolus*) erstellt (Krüger, 2012; Ettinger et al., 2012). Die molekularbiologischen Untersuchungen zeigten einerseits eine hohe genetische Diversität zwischen geografisch definierten genetischen Linien des Virus und andererseits eine hohe genetische Stabilität des Erregers in den lokalen Reservoirpopulationen (Hofmann et al., 2008; Mertens et al., 2011; Ettinger et al., 2012). Die erhöhte Zahl humaner Hantavirus-Infektionen in einem Teil Thüringens geht wahrscheinlich auf eine PUUV-Linie zurück, die sich deutlich von allen vorher beschriebenen unterscheidet, aber vermutlich bereits längere Zeit dort vorkommt (Faber et al., 2013).

Das Dobrava-Belgrad-Virus (DOBV), Genotyp Kurkino, war bisher ausschließlich in der Brandmaus *Apodemus agrarius* und in seltenen Fällen von Spillover-Infektionen in Gelbhalsmäusen *A. flavicollis* aus Nord- und Nordostdeutschland nachgewiesen worden (Schlegel et al., 2009). Im Rahmen umfangreicher gemeinsamer Untersuchungen mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren an der Charité und weiteren Partnern im Netzwerk „Nagetierübertragene Pathogene“ konnte jetzt erstmalig ge-

zeigt werden, dass das DOBV auch in weiteren Gebieten im östlichen Teil Deutschlands, dem Verbreitungsgebiet der Brandmaus, z. B. in Thüringen, vorkommt (Hofmann et al., 2014; Rasche et al., 2014). Die Untersuchungen zum Tulavirus (TULV) zeigten weitere Hinweise auf ein möglicherweise breiteres Wirtsspektrum. Nachdem TULV molekularbiologisch im Reservoir Feldmaus *Microtus arvalis* und in der Erdmaus *M. agrestis* gefunden worden ist (Schmidt-Chanasit et al., 2010), wurde auch in Schermäusen *Arvicola amphibius* aus verschiedenen Regionen Deutschlands TULV-Nukleinsäure nachgewiesen (Schlegel et al., 2012a). Weiterführende Untersuchungen zeigten ein breites geografisches Vorkommen des Virus in Deutschland (Schmidt et al., unveröff. Daten).

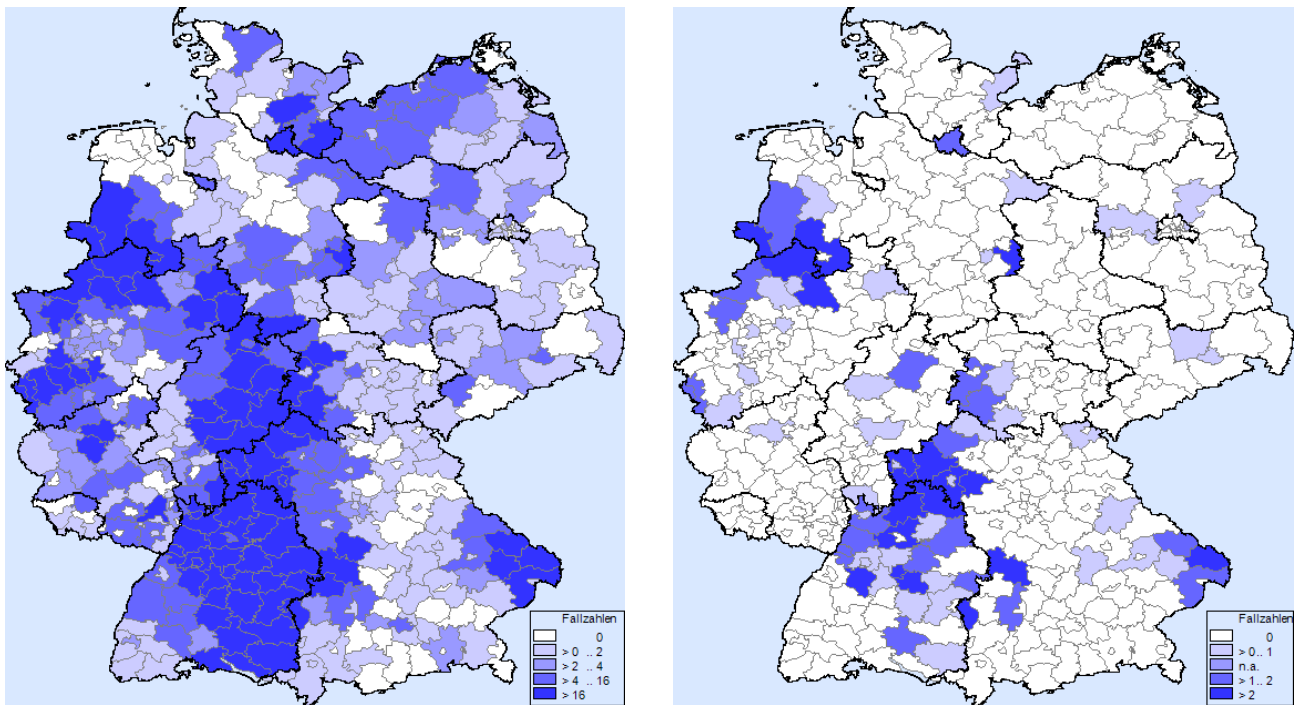
Um mögliche Zusammenhänge zwischen Populationsveränderungen bei Kleinsäugetieren und der Häufigkeit humaner Hantavirus-Infektionen zu belegen, wurde in Zusammenarbeit mit dem Julius Kühn-Institut im Frühjahr 2010 mit einem Kleinsäugetiermonitoring begonnen, das auch im Jahr 2013 fortgesetzt wurde. Die Auswahl der Monitoringregionen in Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen, Thüringen und Mecklenburg-Vorpommern erfolgte auf der Grundlage der Kenntnis des Vorkommens von PUUV, DOBV und TULV in den entsprechenden Reservoiren und der Meldung humaner Infektionen. Erste Daten deuten auf einen Zusammenhang zwischen Rötelmausabundanz und der Häufigkeit humaner PUUV-Infektionen hin (Reil et al., 2011 und unveröffentlichte Daten).

In den vergangenen Jahren wurden zunehmend neue Hantaviren bei Spitzmäusen, Maulwürfen und sogar kürzlich in Fledermäusen gefunden (siehe Guo et al., 2013). Erste Untersuchungen in Deutschland belegten jetzt auch das Vorkommen von zwei Spitzmaus-assoziierten Hantaviren. Das Seewisvirus wurde in Waldspitzmäusen *Sorex*

*araneus* und seltener in Zwergspitzmäusen *S. minutus* gefunden (Schlegel et al., 2012 b). Während das Seewisvirus an mehreren Orten in Deutschland nachgewiesen werden konnte, wurde ein zweites Hantavirus, das Asikkalavirus, bisher nur in einer Zwergspitzmaus aus Sachsen nachgewiesen (Radosa et al., 2013). Gegenwärtig ist unklar, inwieweit diese Hantaviren Infektionen und Erkrankungen beim Menschen hervorrufen können.

### Ausblick

Die genannten molekularepidemiologischen Untersuchungen sollen in Zusammenarbeit mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren und vielen weiteren Kooperationspartnern des Netzwerkes „Nagetier-übertragene Pathogene“ (Ulrich et al., 2009) fortgesetzt werden. Die Weiterführung des Nagetiermonitorings könnte zukünftig die Entwicklung von Frühwarnsystemen für die Vorhersage von Hantavirus-Ausbrüchen erlauben (Jacob et al., 2014). Ein weiterer wichtiger Schwerpunkt der Hantavirus-Untersuchungen wird die Analyse von Wanderratten sein, die ein Reservoir des Seoulvirus darstellen, das in den vergangenen Jahren in wildlebenden und Heimratten aus verschiedenen europäischen Ländern nachgewiesen worden ist (Lundkvist et al., 2013). Darüber hinaus sollten Untersuchungen in Haus- und Nutztieren verstärkt werden, um die gegenwärtig noch bestehenden Kenntnislücken zu möglichen Hantavirus-Infektionen zu schließen (siehe Übersicht in Ulrich et al., 2013). Bei Wildtieren wäre insbesondere die Untersuchung von Fledermäusen angezeigt.



A

Abb. 1: Übermittelte Hantavirus-Fälle nach Landkreis (Wohn-/Aufenthaltort des Falles), Deutschland, im Zeitraum 2001-2014 (A) und im Jahr 2013 (B).

Quelle: Robert Koch-Institut: SurvStat, <http://www3.rki.de/SurvStat>, Datenstand: 21. Mai 2014.



Tabelle 1: Übermittelte Hantavirus-Fälle in den Jahren 2001-2013.

	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Baden-Württemberg	59	59	59	59	59	59	59	59	59	59	59	59	20
Bayern	29	17	18	61	40	12	296	41	21	437	46	438	23
Berlin	0	1	0	1	2	0	1	3	0	3	0	0	0
Brandenburg	0	0	1	0	3	1	4	3	0	2	6	7	2
Bremen	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2	0
Hamburg	1	0	0	0	1	0	3	1	2	0	1	6	1
Hessen	21	8	13	5	34	4	27	12	4	174	13	122	2
Mecklenburg-Vorpommern	4	8	4	4	4	1	11	11	12	11	5	15	7
Niedersachsen	11	5	3	11	75	6	93	18	16	123	23	143	5
Nordrhein-Westfalen	51	19	30	29	143	18	124	61	32	156	62	198	7
Rheinland-Pfalz	2	2	3	3	10	2	11	4	1	28	7	82	1
Saarland	1	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	9	0
Sachsen	0	1	0	2	2	1	5	1	0	3	3	11	1
Sachsen-Anhalt	2	1	3	2	2	0	3	1	1	6	1	8	0
Schleswig-Holstein	0	1	1	2	7	5	10	6	9	11	6	14	0
Thüringen	3	1	3	1	14	0	8	7	0	63	4	73	2
<b>Gesamt</b>	<b>185</b>	<b>228</b>	<b>144</b>	<b>242</b>	<b>447</b>	<b>72</b>	<b>1.688</b>	<b>243</b>	<b>181</b>	<b>2.017</b>	<b>305</b>	<b>2.824</b>	<b>71</b>

Quelle: Robert Koch-Institut: SurvStat, <http://www3.rki.de/SurvStat>, Datenstand: 21. Mai 2014

**Literatur**

- Boone, I., Wagner-Wiening, C., Reil, D., Jacob, J., Rosenfeld, U.M. Ulrich, R.G., Lohr, D., Pfaff, G. (2012). Early rise of notified human hantavirus infections since October 2011 in Baden-Wuerttemberg, Southern Germany. *Euro Surveill.* 17, 21, 1.
- Ettinger, J., Hofmann, J., Enders, M., Tewes, F., Oehme, R. M., Rosenfeld, U. M., Sheikh Ali, H., Schlegel, M., Essbauer, S., Osterberg A., Jacob, J., Reil, D., Klempa, B., Ulrich, R. G., Kruger, D. H. (2012). Multiple synchronous Puumala virus outbreaks, Germany, 2010. *Emerg. Infectious Dis.* 18, 1461-1464.
- Faber, M., Wollny, T., Schlegel, M., Wanka, K.M., Thiel, J., Frank, C., Rimek, D., Ulrich, R.G., Stark, K. (2013). Puumala Virus Outbreak in Western Thuringia, Germany, 2010: Epidemiology and strain identification. *Zoonoses Public Health* 60, 549-554.
- Guo, W. P., Lin, X. D., Wang, W., Tian, J. H., Cong, M. L., Zhang, H. L., Wang, M. R., Zhou, R. H., Wang, J. B., Li, M. H., Xu, J., Holmes, E. C., Zhang, Y. Z. (2013). Phylogeny and origins of hantaviruses harbored by bats, insectivores, and rodents. *PLoS Pathog.* 9(2):e1003159.
- Hofmann, J., Meisel, H., Klempa, B., Vesenbeckh, S. M., Beck, R., Michel, D., Schmidt-Chanasit, J., Ulrich, R. G., Grund, S., Enders, G., Krüger, D. H. (2008). Hantavirus outbreak, Germany, 2007. *Emerg. Infect. Dis.* 14, 850-852.
- Hofmann, J., Meier, M., Enders, M., Führer, A., Ettinger, J., Klempa, B., Schmidt, S., Ulrich, R. G., Kruger, D. H. (2014). Hantavirus disease in Germany due to infection with Dobrava-Belgrade virus genotype Kurkino. *Clin. Microbiol. Infect.* (im Druck).
- Jacob, J., Ulrich, R. G., Freise, J., Schmolz, E. (2014) Monitoring von gesundheitsgefährdenden Nagetieren. *Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitsschutz* 57, 511-518.
- Krüger, D. H. (2012). Molekulare Unterscheidbarkeit der zirkulierenden Hantavirus-Stämme in den verschiedenen Ausbruchsregionen Deutschlands. *Epidemiol. Bulletin des Robert Koch-Instituts* 25, 228-231.
- Lundkvist, A., Verner-Carlsson, J., Plyusnina, A., Forslund, L., Feinstein, R., Plyusnin, A. (2013). Pet rat harbouring Seoul hantavirus in Sweden, June 2013. *Euro Surveill.* 18, pii:20521.
- Mertens, M., Kindler, E., Emmerich, P., Esser, J., Wagner-Wiening, C., Wölfel, R. Petraityte-Burneikiene, R., Schmidt-Chanasit, J., Zvirbliene, A., Groschup, M.H., Dobler, G., Pfeffer, M., Heckel, G., Ulrich, R. G., Essbauer, S. S. (2011). Phylogenetic analysis of Puumala virus subtype Bavaria, characterization and diagnostic use of its recombinant nucleocapsid protein. *Virus Genes* 43, 177-191.
- Radosa, L., Schlegel, M., Gebauer, P., Ansoerge, H., Heroldová, M., Jánová, E., Stanko, M., Mošanský, L., Fričová, J., Pejčoch, M., Suchomel, J., Purchart, L., Groschup, M.H., Krüger, D. H., Ulrich, R. G., Klempa, B. (2013). Detection of shrew-borne hantavirus in Eurasian pygmy shrew (*Sorex minutus*) in Central Europe. *Infect. Genet. Evol.* 19, 403-410.
- Rasche, F. M., Schmidt, S., Kretzschmar, C., Mertens, M., Thiel, J., Groschup, M. H., Schlegel, M., Mayer, C., Lindner, T. H., Schiekofer, S., Ulrich, R. G. (2014). Autochthonous Dobrava-Belgrade virus infection in Eastern Germany. *Clin Nephrol.* (im Druck).

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

- Reil, D., Imholt, C., Schmidt, S., Rosenfeld, U. M., Ulrich, R. G., Eccard, J. A., and Jacob, J. (2011). Relationship between bank vole abundance, seroprevalence and human hantavirus infections. **Julius-Kühn-Archiv** 432, 197.
- Schlegel, M., Klempa, B., Auste, B., Bemann, M., Schmidt-Chanasit, J., Büchner, T., Groschup, M. H., Meier, M., Buschmann, A., Zoller, H., Krüger, D. H., Ulrich, R. G. (2009). Multiple Dobrava-Belgrade virus spillover infections, Germany. **Emerg. Infect. Dis.** 15, 2017-2020.
- Schlegel, M., Kindler, E., Essbauer, S. S., Wolf, R., Thiel, J., Groschup, M.H., Heckel, G., Oehme, R. M., Ulrich, R. G. (2012a). Tula virus infections in the Eurasian Water Vole in Central Europe. **Vector-borne Zoonotic Dis.** 12, 503-513.
- Schlegel, M., Radosa, L., Rosenfeld, U. M., Schmidt, S., Triebenbacher, C., Löhr, P.-W., Fuchs, D., Heroldová, M., Jánová, E., Stanko, M., Mošanský, L., Fričová, J., Pejčoch, M., Suchomel, J., Purchart, L., Groschup, M. H., Krüger, D. H., Klempa, B., Ulrich, R. G. (2012b). Broad geographical distribution and high genetic diversity of shrew-borne Seewis hantavirus in Central Europe. **Virus Genes** 45, 48-55.
- Schmidt-Chanasit, J., Essbauer, S., Petraityte, R., Yoshimatsu, K., Tackmann, K., Conraths, F. J., Sasnauskas, K., Arikawa, J., Thomas, A., Pfeffer, M., Scharninghausen, J. J., Spletstößer, W., Wenk, M., Heckel, G., Ulrich, R. G. (2010). Extensive host sharing of Central European Tula virus. **J. Virol.** 84, 459-474.
- Ulrich, R., Meisel, H., Schütt, M., Schmidt, J., Kunz, A., Klempa, B., Niedrig, M., Kimmig, P., Pauli, G., Krüger, D. H. and Koch, J. (2004). Verbreitung von Hantavirusinfektionen in Deutschland. **Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitsschutz** 47, 661-670.
- Ulrich, R. G., Heckel, G., Pelz, H.-J., Wieler, L. H., Nordhoff, M., Dobler, G., Freise, J., Matuschka, F.-R., Jacob, J., Schmidt-Chanasit, J., Gerstengarbe, F. W., Jäkel, T., Süß, J., Ehlers, B., Nitsche, A., Kallies, R., Johne, R., Günther, S., Henning, K., Grunow, R., Wenk, M., Maul, L. C., Hunfeld, K.-P., Wölfel, R., Schares, G., Scholz, H.C., Brockmann, S. O., Pfeffer, M., Essbauer, S. S. (2009). Nagetiere und Nagetier-assoziierte Krankheitserreger – das Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“ stellt sich vor. **Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitsschutz** 52, 352-369.
- Ulrich, R. G., Imholt, C., Krüger, D. H., Krautkrämer, E., Scheibe, T., Essbauer, S. S., Pfeffer, M. (2013). Hantaviren in Deutschland: Gefahren für Zoo-, Heim-, Haus- und Nutztier? **Berl. Münch. Tierärztl. Wochenschr.** 126, 514-526.

## 12. Koi-Herpesvirus-Infektion der Karpfen (KHV-I) – koi herpesvirus disease (KHVD)

Bergmann S. M., Schütze H., Kotterba G.

### Summary

Koi herpesvirus disease (KHVD) has spread worldwide by trade with infected koi and with other infected but not clinically diseased carrier fish. All over the world, KHVD represents an emerging disease, which poses risk to carp and koi industry. In 2013, a total of 7 KHVD outbreaks in carp farms and 63 outbreaks or virus detections in koi facilities were confirmed by the regional veterinary authorities in the German federal states. During the past years, Germany has produced approximately 11,000 t carp annually in more than 4,000 carp farms, of which the majority is located in Bavaria and Saxony. In terms of KHV diagnostic procedures, the major focus is a safe, generally accepted and stable method. Considering these requirements, the method of choice for routine diagnostics as well as for confirmation and clarification of ambiguous cases by the national reference laboratory is the real-time PCR (Gilad et al., 2004). Alternatively, a PCR (Gilad et al., 2002) followed by a nested PCR (Bergmann et al., 2006) as well as the one-tube semi-nested PCR (Bergmann et al., 2010) can be used in case suitable equipment for real-time PCR is not available. Unfortunately recent data suggest that some, KHV varieties with clear clinical manifestations inducing KHVD with up to 100 % mortality, were not detectable by routinely used PCRs according to Gilad et al., 2002, Bercovier et al., 2005, and their nested PCRs (Bergmann et al., 2006) as well as the real-time PCR according to Gilad et al., 2004. In several cases KHV was only detected by semi-nested PCR (Bergmann et al. 2010) or PCR and nested PCR recognising the viral DNA polymerase gene and the capsid gene (Engelsma et al., 2013) with an additionally sequence analysis. Furthermore, KHV diagnostics is complicated by KHV latency and/or persistence in infected fish

which is usually characterized by very low virus loads. Viral latency has also been described for all other herpesviruses. The major goal of KHV diagnostics is the eradication of the virus from aquaculture and the maintenance of a disease free status. In 2013, 6.012 carp farms with carp and/or koi were categorized according 2006/88/EG. Worldwide, only the federal state Saxony implemented an eradication program against KHVD which was continued in 2013. With the directive 2006/88/EG, which has been ratified by the EU in August 2008, measures for protection against KHVD were appointed.

### Zusammenfassung

In den 90er Jahren verursachte ein Virus massenhafte Verluste bei Nutzkarpfen und Kois (*Cyprinus carpio*) in Israel und Westeuropa. Der isolierte Erreger wurde als Koi-Herpesvirus (KHV) taxonomisch in die Familie der Alloherpesviridae eingeordnet. Die KHV-Infektion (KHV-I) wurde durch den unkontrollierten Handel, vor allem mit infizierten Kois, aber auch offenbar mit infizierten, nicht erkrankenden Virusträgern weltweit verbreitet. Die KHV-I ist ein Risikofaktor für die Produktion von Nutzkarpfen und Kois, aber auch für Wildfische. Im Dezember 2005 wurde die „KHV-I der Karpfen“ in Deutschland als Fischseuche in die Verordnung über anzeigepflichtige Krankheiten aufgenommen. Die Anwendung der Verordnung wurde 2006 auf den Koi erweitert.

**Labordiagnostische Untersuchungen**

Im Jahr 2013 wurden in Deutschland 7 Ausbrüche der KHV-I bei Nutzkarpfen (und anderen Zypriniden) und 63 Ausbrüche/Nachweise beim Koi im TSN registriert (Tab. 1, Abb. 1). Bei der Erfassung der Neuausbrüche muss beachtet werden, dass Neufeststellungen der KHV-I beim Koi als Zierfisch in der Regel durch Handel mit infizierten Tieren verursacht werden und keine Aussagen über die epidemiologische Situation im jeweiligen Territorium zulassen.

Tabelle 1: KHV-I-Neuausbrüche/Nachweise im Jahr 2013 in Deutschland (TSN)

Bundesland	Nutzkarpfen	Koi
Baden-Württemberg	1	6
Bayern	0	3
Berlin	0	1
Brandenburg	0	2
Bremen	0	0
Hamburg	0	0
Hessen	0	3
Mecklenburg-Vorpommern	0	2
Niedersachsen	0	10
Nordrhein-Westfalen	0	16
Rheinland-Pfalz	0	15
Saarland	0	3
Sachsen	6	0
Sachsen-Anhalt	0	1
Schleswig-Holstein	0	1
Thüringen	0	0
<b>Gesamt</b>	<b>7</b>	<b>63</b>

**Diagnose der KHV-Infektion**

Voraussetzungen für das Aussprechen des Verdachts auf die KHV-I sind:

- gehäufte Todesfälle mit pathologisch-anatomischen Hinweisen,
- typische klinische Symptome,
- Todesfälle in Verbindung mit epidemiologischen Zusammenhängen zu einem labordiagnostisch bestätigten KHV-I-Fall.

Dem TSN ist aus Sicht des NRL für die KHV-I am FLI das Auftreten eines Falles anzuzeigen, wenn folgende Voraussetzungen für die amtstierärztliche Feststellung vorliegen:

- Genomnachweis oder
- Erregernachweis.

Beim labordiagnostischen Nachweis ist ein positiver Befund mit mindestens einer der folgenden Methoden erforderlich:

- für den Genomnachweis
  - real-time PCR,
  - PCR, nested PCR oder semi-nested PCR oder
  - in-situ Hybridisierung (ISH).
- Erregernachweis
  - Antigennachweis (Immunfluoreszenztest, ELISA),
  - Virusisolierung in Zellkulturen mit anschließender Identifizierung.

Ein epidemiologischer Zusammenhang ergibt sich bei Feststellung von:

- Lebendfischbewegungen,
- Kontakten (Personen, Geräte, Wasser) zu anderen Betrieben,
- Aussetzen KHV-infizierter Karpfen/Koi in Gewässer,
- Kontakte zu weiteren Fischarten (u. a. Goldfischen, Schleien, Graskarpfen), die als Überträger des Koi-Herpesvirus fungieren können, ohne selbst zu erkranken.

Beim Nachweis des KHV im Labor wird auf eine einheitliche, in allen Untersuchungseinrichtungen durchführbare, ausreichend sensitive und sichere Diagnostik orientiert. Für den routinemäßigen Genomnachweis wurde die real-time PCR nach Gilad et al. (2004) empfohlen, da diese Methode eine ausreichende Sensitivität zum Nachweis der Infektion bietet. Gegenwärtig reicht aber diese Methode allein offenbar nicht mehr aus, wie auch schon bei Einsatz der PCR nach Bercovier et al. (2005), da bei Ausbrüchen mit KHV-I-Klinik und teilweise positiven serologischen Befunden das Virus nicht nachgewiesen werden konnte. In Laboren, die nicht über die notwendige Ausrüstung zur Durchführung der real-time PCR verfügen, wurde die PCR nach Gilad et al. (2002) mit anschließender nested PCR nach Bergmann et al. (2006) empfohlen. Hier gilt jedoch gleiches wie bei der real-time PCR, da alle drei Verfahren auf die gleichen Gene des KHV (ORF 89-90) reflektieren. Abhilfe könnte die „one-tube“ semi-nested PCR (Bergmann et al., 2010) schaffen, die bei klinisch manifester Erkrankung derzeit alle KHV mit ausreichender Sicherheit und Sensitivität erkennt und im NRL zur Verfügung steht. Als diagnostische Bestätigungsverfahren kann die Sequenzanalyse der PCR-Produkte aber auch, im Falle einer Isolierung des KHV in der Zellkultur, der Immunfluoreszenztest (IFT) mit monoklonalen Antikörpern oder Antiseren gegen das KHV eingesetzt werden. Zusätzlich kann am paraffin-fixierten Gewebeschnitt die Immunfluoreszenz-Technik (IFT) und die in-situ Hybridisierung (ISH) angewandt werden.

Im Falle eines KHV-I-Ausbruchs sind von 10 frisch verendeten oder moribund getöteten Fischen Teile der Kieme und der Niere zu entnehmen und in Pools á maximal 5 Tiere (bei Brütlingen 2 Pools á 10 Tiere) gekühlt zu versenden. Beim Monitoring zum Ausschluss des KHV sollen die Organe von maximal 2 Fischen im Pool (Kiemen- und Nierenteile) geprüft werden. Für die Probennahme von leben-

den Fischen können vom Einzeltier Kiemenabstriche mit einem Ohrtupfer direkt in PCR-Lysis-Puffer (z. B. in ATL buffer mit Proteinase K, Qiagen) sowie Blut für Serum oder, unter Zusatz von Gerinnungshemmern, für die Leukozytenseparation gewonnen und sofort gekühlt eingesandt werden.

Die Ergebnisse beim Nachweis des KHV sind von zahlreichen Faktoren abhängig, wie z. B. dem Alter und dem Immunstatus der Fische, der Wassertemperatur, dem Zeitpunkt nach erfolgter Infektion, der Infektionsdosis sowie von der Virulenz des KHV, mit dem die Infektion erfolgte.

Das KHV kann, wie von anderen Herpesviren bekannt, latent im Tier vorkommen ohne die Erkrankung zu verursachen. Dieses Phänomen stellt ein diagnostisches Problem dar, da im Verlauf einer KHV-I in der Latenzphase häufig mit den beschriebenen Routinemethoden keine virale DNA im Fisch festgestellt werden kann. Das Virus lässt sich dann nur mit verfeinerten Methoden nachweisen, die zum Teil auf der Detektion weiterer Gene des KHV beruhen (z. B. virales Polymerase-, Kapsid- oder Glykoprotein-Gene). Bei Einwirkung von Stressoren wird das KHV reaktiviert. Das Virus vermehrt sich dann wieder massiv und wird auch ausgeschieden. Als Folge kann es erneut zu Todesfällen im Bestand kommen.

In der praktischen Diagnostik kann es deshalb bei der Untersuchung von Fischen, die eine Infektion überlebt haben (Überträger, Carrier) und die zum Zeitpunkt der Probenahme keine klinischen Symptome zeigten, zu falsch negativen Ergebnissen kommen. Um latent infizierte Fische auch in der Routineuntersuchung der Bestände zu erkennen, sollten die gefangenen Fische vor der Probenahme für 24-48 Stunden, jedoch nicht länger als 4 Tage, separat gehältert werden. Blut zur Serumgewinnung sollte am Tag bzw. spätestens am Folgetag des Fanges/Umsetzens entnommen werden. Inner-

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

halb der beprobten Population werden aber auch dann nicht alle Fische als KHV-positiv erkannt, sondern i. d. R. nur 30–40 %.

Im Jahr 2013 wurden in den regionalen Untersuchungsämtern und im NRL für die KHV-I 117 Proben mittels PCR positiv auf das KHV geprüft.

### Statistische Angaben

#### *Herkunft der Daten*

Es wird auf Datenmaterial des jährlich vom NRL zu erstellenden Berichtes über Umfang und Struktur der Aquakultur, über Angaben zur Epidemiologie, Diagnose und Bekämpfung sowie über das Ausmaß und die Ergebnisse der Laboruntersuchungen zu Fischseuchen und weiteren Fischkrankheiten sowie auf Angaben des TSN zurückgegriffen. Die Daten für den Bericht wurden entsprechend § 4 (2) TierSG von den für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden der Bundesländer (Daten aus den Untersuchungslaboren und von den Fischgesundheitsdiensten) zugearbeitet.

### Allgemeine Angaben

2013 wurden in Deutschland in 6.012 Betrieben Karpfen produziert. Der Produktionsumfang war in den letzten Jahren insgesamt etwa 11.000 t Karpfen pro Jahr. Deutschlands größte Karpfenproduzenten sind die Bundesländer Bayern und Sachsen (Tabelle 2).

Virusbedingte Fischseuchen bzw. -krankheiten, wie die Frühjahrsvirämie der Karpfen (SVC) oder die KHV-I sowie zunehmend das „carp edema virus (CEV)“, können große wirtschaftliche Schäden in den Karpfenbeständen verursachen.

Tabelle 2: Anzahl der Teichwirtschaften mit Nutzkarpfen in den Bundesländern

Bundesland	Teichwirtschaften mit Nutzkarpfen
Baden-Württemberg	33
Bayern	4.723
Berlin/Brandenburg	27
Bremen	0
Hamburg	0
Hessen	0
Mecklenburg-Vorpommern	46
Niedersachsen	356
Nordrhein-Westfalen	2
Rheinland-Pfalz	102
Saarland	0
Sachsen	528
Sachsen-Anhalt	25
Schleswig-Holstein	64
Thüringen	106
Gesamt	6.012

Nach der Erteilung einer Genehmigung sind Aquakulturbetriebe den Kategorien I bis V zuzuordnen. Bis 2013 wurden in Deutschland 5.825 von 6.012 Betrieben mit Karpfen in eine der Kategorien eingeordnet. Die Kategorisierung dient in erster Linie der Feststellung der Kontrollhäufigkeit und der möglichen Lebendfischbewegungen. Fische dürfen zum Zwecke des Besatzes grundsätzlich nur in Betrieben mit einem gleichen oder niedrigeren Kategorie-Status (höhere Kategorie-Nr.) verbracht werden. Kategorie-IV- und Kategorie-II-Betriebe dürfen Fische allerdings ausschließlich aus Kategorie-I-Betrieben, also nur Fische aus Betrieben mit dem höchsten Status zukaufen.

Bei Ausbruch der KHV-I ist die Sanierung des Betriebes auf der Grundlage eines „Programms zur Bekämpfung und Tilgung“ anzustreben. Die Sanierung eines infizierten Bestandes ist nur durch vollständige Entfernung aller Fische sowie anschließende Reinigung und Desinfektion der betroffenen epidemiologischen Einheiten möglich. In infizierten Karpfen bleibt das KHV lebenslang (latent) erhalten. Bei Belastungssituationen, z. B. Transport, schlechte Wasserqualität, Temperaturschwankungen, hormonelle Veränderungen oder Futterumstellung oder anderen Krankheiten [SVC, zunehmend auch das „Carp Edema Virus“ (CEV, pizines Pockenvirus)], kann es zu einer Reaktivierung des Virus und damit zur Ausscheidung infektiöser Viren kommen, welche zur Infektion anderer empfänglicher Fische führen. Dies kann zu einer Durchbrechung der vorhandenen Immunität und damit zu einem erneuten Ausbruch mit Klinik und Verlusten führen.

Laut Fischseuchen-VO sind Impfungen gegen nicht exotische Krankheiten, z. B. gegen die KHV-I, in einem von der Fischseuche freien Schutzgebiet (Kategorie I) und in Betrieben, die einem Überwachungsprogramm unterliegen (Kategorie II), verboten. In Betrieben, die den Kategorien III, IV oder V zugeordnet sind, ist eine Immunprophylaxe gegen die KHV-I jederzeit möglich.

In Deutschland wurden nach der vorläufigen, noch nicht abgeschlossenen Kategorisierung bisher nur zwei nachweislich KHV-freie Fischhaltungsbetriebe (nach EU-Richtlinie 2006/88/EG) in die Kategorie I (amtlich seuchenfrei) eingeordnet. Der Kategorie II werden Betriebe zugeordnet, die nicht für seuchenfrei erklärt wurden, die aber einem Überwachungsprogramm zur Erreichung des Seuchenfreiheits-Status unterliegen. 2013 wurden 7 Betriebe gemeldet, die im Rahmen eines genehmigten Überwachungsprogramms zur Erreichung der KHV-

Freiheit überwacht werden. In der Kategorie III werden Betriebe erfasst, in denen keine Infektionen mit KHV bekannt sind, die aber auch keinem Überwachungsprogramm zur Erreichung der Seuchenfreiheit unterliegen. In Deutschland sind 5.786 Betriebe dieser Kategorie zugeordnet. In Betrieben der Kategorie IV sind Infektionen mit Fischseuchen-Erregern bekannt, es wird aber ein genehmigtes Tilgungsprogramm realisiert. In Deutschland wurde 2013 kein Betrieb in diese Kategorie eingeordnet. In Betrieben der Kategorie V sind Infektionen bekannt, es werden aber nur die festgelegten Mindestmaßnahmen zur Bekämpfung durchgeführt. Nach unseren Erhebungen trifft dies auf 30 Karpfenbetriebe zu.

### Staatliche Maßnahmen

Die Zielstellung bei der Bekämpfung der KHV-I besteht in der Freihaltung der Nutzkarpfenbestände. Durch die lückenlose Kontrolle des Zierfischhandels könnte die Einfuhr KHV-infizierter Kois verhindert werden.

Zur Verhütung und Bekämpfung der KHV-I werden folgende Vorbeugemaßnahmen empfohlen:

- Beim Zukauf von Zierfischen sollte zumindest auf der Ebene des Großhandels eine geeignete Quarantänisierung und KHV-Untersuchung der empfänglichen Arten erfolgen. Im Einzelhandel mit Zierfischen kann auf diese Maßnahme verzichtet werden, sofern empfängliche Arten ausschließlich von Großhändlern zugekauft werden, die eine Quarantänisierung und Untersuchung der entsprechenden Zukaufschargen schriftlich bestätigen (Rückverfolgbarkeit).
- Die Probennahme für die virologische Untersuchung (auch für die Abstriche bzw. für die Leukozytenseparation) bei den quarantänisierten Fischen sollte 24 h bis maximal 4 Tage nach Ankunft erfolgen. Die Wassertemperatur ist dabei unerheblich, höhere Wassertemperaturen (>17 °C) scheinen sich aber günstiger auf



## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

den Virusnachweis auszuwirken. Die Serumgewinnung sollte spätestens am Folgetag nach der Ankunft erfolgen, besser jedoch am Tag der Einstellung.

- Bei Nutzfischen ist die Quarantänisierung und Untersuchung vor dem Besatz ebenfalls anzustreben. Der Besatz sollte mit nachweislich und geprüft „KHV-freien“ Fischen erfolgen.
- Eine strikte seuchenhygienische Trennung der Zierfische (z. B. Koi, Orfen, Goldfische, Graskarpfen) von Nutzkarpfen ist einzuhalten.

Zur Sicherung der KHV-freien Nutzkarpfen- und Zierfischbestände gehören neben der Realisierung allgemeiner seuchenhygienischer Maßnahmen zum Schutz der Fische in den Anlagen die regelmäßige tierärztliche Untersuchung und evtl. notwendige Beprobung der Fischbestände, Handelsuntersuchungen, Importkontrolle oder ggf. die Sperrung infizierter Bestände, auch bei Hobbyhaltungen in Gartenteichen.

Nach der Fischseuchen-Verordnung hat der Betreiber eines Fischhaltungsbetriebes seinen Fischbestand entsprechend der Einstufung in die verschiedenen Kategorien „passiv“ (Besichtigung/Adspektion der Anlagen und Teiche), „aktiv“ (Probenahme bei Verdacht) oder „gezielt“ (verbindliche Entnahme von Proben und deren virologische Untersuchung) durch die zuständigen Behörden oder durch andere, von den zuständigen Behörden beauftragte, qualifizierte Dienste überwachen zu lassen. Die amtliche Untersuchung beinhaltet regelmäßige Inspektionen, Besichtigungen, Prüfungen der Buchführung und gegebenenfalls Stichprobenuntersuchungen in Abhängigkeit von dem vom Betrieb ausgehenden Sicherheitsrisiko.

Bei erhöhten Fischverlusten, die nicht eindeutig auf Haltungsbedingungen oder Transport zurückzuführen sind, besteht die Pflicht des Halters und der

für die Fische verantwortlichen Personen, die zuständige Behörde davon zu unterrichten.

Betreiber eines Aquakulturbetriebes hat über Zu- und Abgänge, Herkunft und Empfänger umgesetzter Fische sowie über die Untersuchungsergebnisse oder erhöhte Sterblichkeit Buch zu führen.

In Deutschland hat nach den geltenden Gesetzllichkeiten eine Registrierung aller Fischhaltungsbetriebe zu erfolgen. Nach Prüfung der Unterlagen des Bestandes ist zu entscheiden, ob von dem Betrieb eine Seuchengefahr ausgehen kann und ob deshalb das Halten von Fischen genehmigungspflichtig ist. Diese Genehmigung kann auf Antrag des Betreibers erteilt werden, wenn:

- keine Seuchenerreger übertragen werden können,
- die Untersuchungspflicht erfüllt,
- die Meldung erhöhter Mortalität an die zuständige Behörde realisiert wird,
- eine Buchführung erfolgt und
- bei Verarbeitungsbetrieben eine Abwasserentkeimung vorhanden ist.

Alle Fischhaltungsbetriebe im Geltungsbereich der Fischseuchenverordnung sind, sofern keine Genehmigung erforderlich ist, gemäß § 6 der Fischseuchenverordnung registrierungspflichtig. Kriterien für die Registrierungspflicht ohne Genehmigung sind:

- Es werden keine Fische in Verkehr gebracht.
- Es handelt sich um Angelteiche.
- Die Aquakulturbetriebe geben die Fische direkt und in kleiner Menge ausschließlich für den menschlichen Verzehr an den Endverbraucher oder an örtliche Einzelhandelsunternehmen mit direkter Weitergabe an den Endverbraucher ab.

Das weltweit einmalige Programm zur Bekämpfung der KHV-I wurde in Sachsen 2013 weitergeführt. Flächendeckend werden hierbei alle Teichwirtschaften des Landes regelmäßig untersucht. Ziel ist es, den Status „KHV-unverdächtiger Betrieb“ zu bescheinigen. Beim Nachweis des KHV werden von der Sächsischen Tierseuchenkasse bei Vorlage eines Konzeptes zur Bekämpfung der KHV-I Härtefallbeihilfen in Aussicht gestellt. Die Zielstellung des Programms besteht in der Sanierung infizierter Bestände und in der Tilgung der KHV-I vom sächsischen Territorium. Alternativ wurden, unterstützend zur Bekämpfung der KHV-I, Karpfen verschie-

denen Alters mit einer inaktivierten KHV-Antigen-Präparation immunisiert.

Ist eine Sanierung auf Grund der vorhandenen Strukturen in den Teichwirtschaftsgebieten nicht oder nur mit unvertretbar hohem finanziellem Aufwand möglich, muss eine Sperrung des betroffenen Bestandes (Verbringungsverbot) aufrechterhalten werden. In derartigen verseuchten Betrieben oder Gebieten darf eine Impfung der Karpfen mit sicheren und wirksamen Vakzinen zur Reduzierung der Verluste erfolgen.

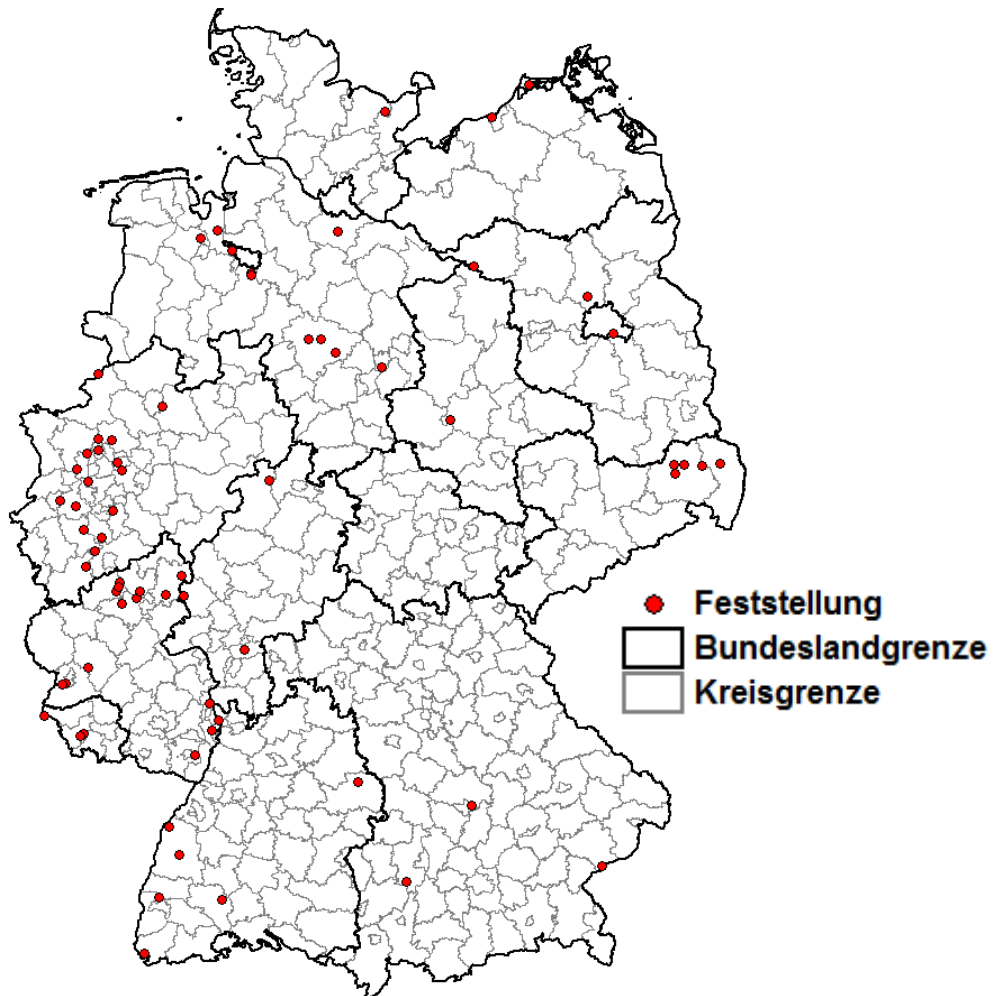


Abb. 1: Geografische Verteilung der im Jahr 2013 in Deutschland gemeldeten KHV-I-Ausbrüche (TSN; Stichtag: 15.09.2014)

### 13. Paratuberkulose – Paratuberculosis

Köhler, H., Möbius, P.

#### Summary

Paratuberculosis is distributed in cattle herds all over Germany. In 2013, 501 cases in ruminants were reported. A multi-locus genotyping approach with 13 target sequences is applied for molecular typing of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) isolates. Transmission routes of MAP among cattle as well as between cattle and wild-life could be elucidated.

In 2013, the licensing process for one antibody ELISA and a real-time PCR for the detection of MAP in faecal and tissue samples was ongoing. Submissions for laboratory diagnosis focused on faeces and tissue samples from small ruminants and from wild ruminants in zoological gardens.

Current research at FLI aims at the identification and characterization of early diagnostic biomarkers for paratuberculosis. The potential of protein antigens of MAP to increase the specificity of the interferon- $\gamma$  test has been proven. In a German Research Foundation funded research project it was shown that bacterial growth can be identified and bacterial strains can be differentiated using volatile organic compound (VOC) analysis in the headspace above mycobacterial cultures.

#### Zusammenfassung

Die Paratuberkulose ist in Rinderbeständen in ganz Deutschland verbreitet. Im Jahr 2013 wurden im TSN 501 Fälle bei Wiederkäuern erfasst. Für die molekulare Typisierung von MAP-Isolaten wird eine Multilokus-Typisierungsstrategie angewendet, die 13 Zielregionen erfasst. Mit dieser Methodik konnten Übertragungswege von MAP zwischen Rindern und auch zwischen Rindern und Wildtieren sichtbar gemacht werden.

Im Jahr 2013 fanden experimentelle Untersuchungen im Rahmen der Zulassung eines Paratuberkulose-ELISA und einer Real-time PCR zum MAP-Nachweis in Kot- und Gewebeproben statt. Die labor diagnostischen Untersuchungen konzentrierten sich auf Kot- und Organproben von kleinen Wiederkäuern sowie von Wildwiederkäuern aus zoologischen Gärten und Tierparks.

Aktuelle Forschungsvorhaben des FLI zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung früher diagnostischer Biomarker für die Paratuberkulose ab. Es konnte gezeigt werden, dass Protein-Antigene von MAP das Potenzial haben, die Spezifität des Interferon- $\gamma$ -Tests zu erhöhen. In einem von der DFG geförderten Projekt konnte gezeigt werden, dass durch die Analyse flüchtiger organischer Substanzen (VOC) im Luftraum über mykobakteriellen Kulturen bakterielles Wachstum angezeigt und verschiedene Bakterienstämme unterschieden werden können.

#### Labordiagnostische Untersuchungen

Die Primärdiagnostik der Paratuberkulose erfolgt in Deutschland in den Untersuchungsämtern der Länder bzw. der Tiergesundheitsdienste. Das NRL für Paratuberkulose sieht seine Aufgaben in der Entwicklung und Implementierung neuer diagnostischer Tests sowie in der Unterstützung der Untersuchungsämter bei der Sicherung der Qualität etablierter diagnostischer Methoden. Darüber hinaus ist das NRL für die Zulassung und Chargenprüfung kommerziell verfügbarer diagnostischer Tests zuständig. Im Jahr 2013 fanden experimentelle Untersuchungen im Rahmen der Zulassung eines Paratuberkulose-ELISA und eines Real-time PCR Kits zum MAP-Nachweis in Kot- und Gewebeproben statt. Darüber hinaus wurde in einer Gemein-

schaftsarbeit von der Thüringer Tierseuchenkasse, dem Landesbetrieb Hessisches Landeslabor und dem NRL für Paratuberkulose des FLI untersucht, ob und bis zu welcher unteren Prävalenzgrenze es möglich ist Paratuberkulose-positive Rinderbestände durch kulturelle oder molekularbiologische Testung von Umgebungsproben (Sockentupfer, Gülleproben) zu identifizieren.

Die labordiagnostischen Untersuchungen konzentrierten sich auf Kot- und Organproben von kleinen Wiederkäuern sowie von Wildwiederkäuern aus zoologischen Gärten und Tierparks mit dem Verdacht auf Paratuberkulose.

### Statistische Angaben

Die Paratuberkulose ist in Deutschland eine meldepflichtige Tierkrankheit. Im Jahr 2013 wurden beim Rind 484 Fälle erfasst (Tab. 1). Darunter befanden sich auch Nachweise bei drei Kälbern, die jünger als 6 Monate waren. Beim Rind ist die Erkrankung in ganz Deutschland verbreitet (Abb. 1). Seit dem Jahr 2000 werden regelmäßig auch Fälle bei Schaf und Ziege mitgeteilt.

### Epidemiologische Untersuchungen

Eine flächendeckende Erhebung der Prävalenz der Paratuberkulose wurde bisher nicht durchgeführt. Am FLI konnte jedoch im Verlauf mehrerer Jahre in Zusammenarbeit mit den Untersuchungsämtern der Bundesländer eine umfangreiche Sammlung an MAP-Isolaten aus ganz Deutschland zusammengestellt werden, die die Basis für molekular-epidemiologische Untersuchungen bildet. Durch die Charakterisierung von MAP-Isolaten mit Hilfe einer Kombination aus verschiedenen Genotypisierungsmethoden mit 13 Zielsequenzen wurden verschiedene Bakterienstämme identifiziert und dadurch mögliche Übertragungswege verfolgt. Diese Unterscheidung geht über eine Zuordnung zu den beiden großen Gruppen Rinder-Linie (C-Typ, auch als MAP-

Typ II bekannt) bzw. Schaf-Linie (S-Typ, umfasst MAP-Typ I und intermediäre MAP-Typ III-Stämme) deutlich hinaus.

Insgesamt 395 Isolate aus 12 Bundesländern in Deutschland wurden genotypisiert. 350 davon stammten von 315 Rindern aus 147 Beständen, 45 von Schaf, Ziege, Esel, und Rotwild - in privater Haltung, aus Zoologischen Gärten oder wild lebend. Zusätzlich wurde ein humanes Isolat untersucht.

Bei den Rinderisolaten wurden insgesamt 62 Genotypen gefunden, 22 Genotypen bei Isolaten der anderen Wirte. 14 dieser 22 Genotypen wurden ebenso bei Rindern detektiert, 8 nur bei Schaf, Rotwild, Esel und Mensch. Fast alle Isolate gehörten dem MAP-Typ II an, nur 8 Isolate dem MAP-Typ-III.

Bei den Rindern traten vier Genotypen fast flächendeckend auf, fünf sehr häufig, weitere mehrfach. Die am häufigsten auftretenden Genotypen zeigten eine unterschiedliche Häufigkeitsverteilung auf die verschiedenen Bundesländer und diese spiegelt traditionelle Handelswege wieder. 39 Genotypen wurden jeweils nur in einem Bestand gefunden, darunter neue Profile, die weltweit noch nicht beschrieben wurden. In den Bundesländern mit der längsten Geschichte bezüglich der Paratuberkulose wurde die größte Anzahl an derartig einmalig auftretenden Genotypen beobachtet. Die Ergebnisse lassen nicht auf eine höhere Virulenz der am häufigsten auftretenden Genotypen schließen.

Bekannt ist, dass in den neunziger Jahren Rinder besonders aus Niedersachsen in die Neuen Bundesländer verbracht wurden. Die Verteilung und die Häufigkeit spezifischer Genotypen spiegelt die Verbreitung von MAP durch diese Tierbewegungen (Tierverkäufe) wieder. Durch Nachweis eines indi-

viduellen MAP Genotyps, der ansonsten nur in Hessen auftrat, bei insgesamt 35 Tieren in einem Thüringer Milchviehbestand konnte die bestehende Vermutung bewiesen werden, dass MAP Anfang der Neunziger Jahre durch Zukauf von Rindern aus Hessen in den Bestand eingeschleppt wurde. Hinweise auf eine mögliche Übertragung von MAP zwischen Rind und Rotwild über gemeinsam genutzte Weideflächen bzw. ausgebrachte Rindergülle in einem Naturschutzgebiet in Nordrhein-Westfalen wurden dadurch erhärtet, dass bei beiden Wirtsspezies regional einmalige MAP-Genotypen gefunden werden konnten. Das Eselisolat zeigte einen ansonsten in Deutschland nicht vorkommenden MAP-Genotyp, was möglicherweise darauf zurückzuführen ist, dass das Tier mit 11 Monaten aus Frankreich zugekauft wurde und schon mit einer Infektion nach Deutschland kam.

Mittels kombinierter Genotypisierung können somit MAP-Isolate so gut differenziert werden, dass Übertragungswege selbst bei dieser chronischen Erkrankung mit sehr langen Inkubationszeiten verfolgbar sind. Die vorliegenden Untersuchungsergebnisse zeigen eine unvermutet große Heterogenität dieses Erregers. Eine derart detaillierte Übersicht über das Vorkommen verschiedener MAP Genotypen innerhalb eines Landes ist einmalig.

**Forschung**

Aktuelle Forschungsvorhaben des FLI zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung früher diagnostischer Biomarker für die Paratuberkulose ab. Experimentelle Untersuchungen an Ziegen zeigten,

dass der Nachweis der Antigen-spezifischen Induktion des Zytokins Interferon- $\gamma$  in Lymphozyten des peripheren Blutes zur Identifizierung infizierter Tiere geeignet ist. Inzwischen wurden im Rahmen eines europäischen EMIDA ERA-NET Projekts mehrere Protein-Antigene von MAP identifiziert, durch deren Einsatz die Spezifität dieses Tests erhöht werden kann.

In einem weiteren, von der DFG geförderten Forschungsvorhaben wird untersucht, ob über tierischen Proben oder bakteriellen Kulturen spezifische Profile flüchtiger organischer Substanzen (VOC) nachweisbar sind und ob diese Profile diagnostisch genutzt werden können. Erste Ergebnisse deuten darauf hin, dass durch VOC-Analyse über mykobakteriellen Kulturen bakterielles Wachstum nachgewiesen und zwischen verschiedenen Bakterienstämmen unterschieden werden kann.

**Staatliche Maßnahmen**

Die Paratuberkulose ist nicht bekämpfungspflichtig. Die vom damaligen BMEL im Jahr 2005 veröffentlichten Leitlinien für den Umgang mit der Paratuberkulose in Wiederkäuerbeständen (Paratuberkuloseleitlinien) dienen als Orientierungshilfe für die freiwillige Bekämpfung der Erkrankung auf Länderebene.

**Zoonosepotenzial**

Es gibt auch weiterhin keine wissenschaftlich gesicherten Erkenntnisse über einen ursächlichen Zusammenhang zwischen Morbus Crohn des Menschen und der Paratuberkulose bei Wiederkäuern.

Tabelle 1: Im TSN gemeldete Paratuberkulose-Fälle 2013

Jahr	Rind	Schaf	Ziege	Sonstige	Gesamt
2013	484	6	10	1	501

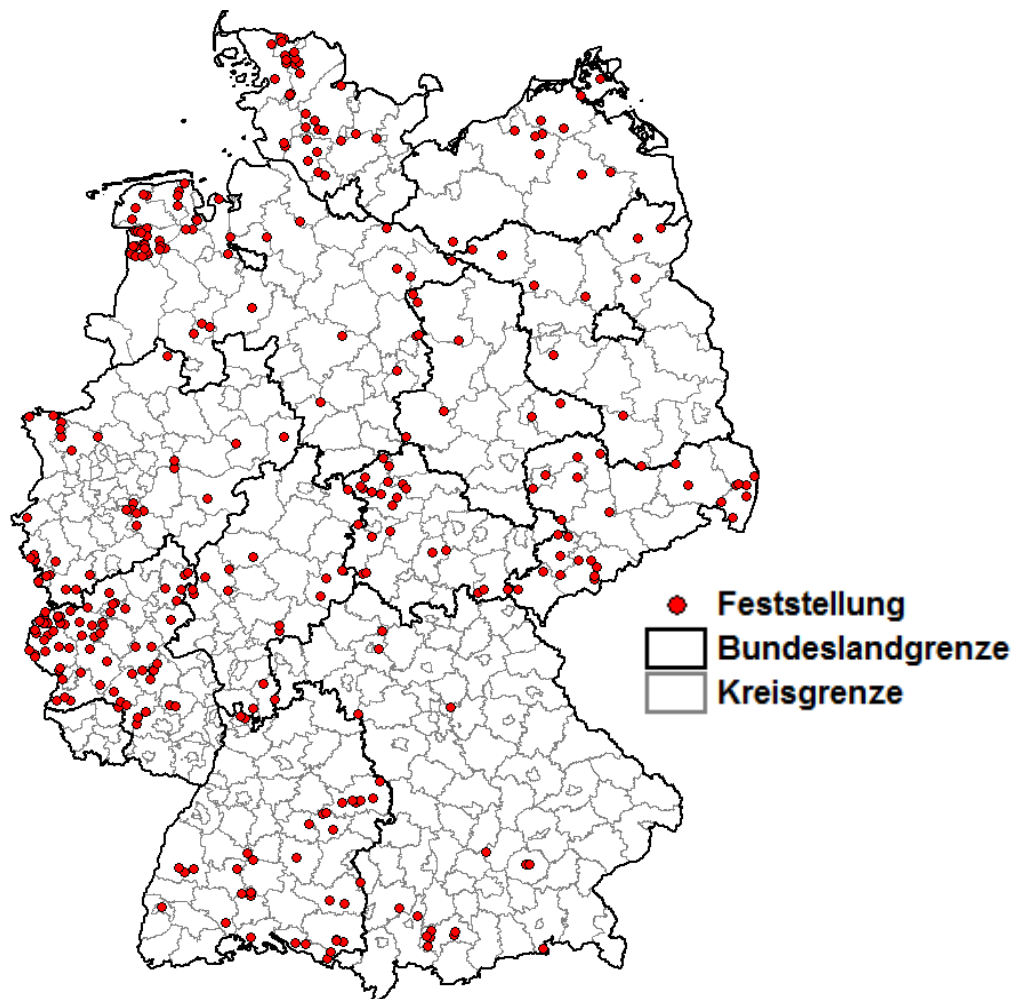


Abb. 1: Geografische Verteilung der im Jahr 2013 in Deutschland gemeldeten Paratuberkulosefälle (TSN; Stichtag: 15.09.2014)

## 14. Q-Fieber – Q-Fever

Henning, K.

### Summary

*Coxiella burnetii* is a small, intracellular bacterium that causes abortion in cattle, sheep and goat. These animals are considered to be the reservoir for human Q fever infection (zoonosis) which is characterized by flu-like illness, hepatitis or endocarditis. *Coxiella burnetii* can be transmitted via aerosol or by ticks. The agent might also have some relevance as food borne pathogen particularly in association with raw milk and raw milk products. PCR is a quick and sensitive method for detection of the Q fever agent (Zhang et al., 1997). For some reasons the agent must be isolated by cell culture. Over the last decade between 46 and 416 human cases were reported annually in Germany including both, outbreaks and sporadic cases. Persons who have regular contact with farm animals including farmers, veterinarians and abattoir workers have an elevated risk of contracting the disease. Samples, especially from sheep, were collected for epidemiological investigations (Hilbert et al., 2012).

Samples can be sent to National Reference Laboratory for investigation. Please contact the laboratory in advance (Tel.: 03641-804 2327; email: Klaus.Henning@fli.bund.de).

### Epidemiologie

Beim Q-Fieber handelt es sich um eine grippe-ähnliche Erkrankung des Menschen, die durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht wird. Als Erregerreservoir gelten insbesondere infizierte Wiederkäuer (Zoonose), bei welchen Coxiellen Aborte und Fruchtbarkeitsstörungen verursachen. In hoher Konzentration ist der Erreger in den Nachgeburten, Lochien und dem Fruchtwasser der infizierten Tiere enthalten. Des Weiteren können Coxiellen aber auch mit dem Urin, dem Kot und

der Milch ausgeschieden werden. Besonders gefährdet sind Personen, die beruflich direkt oder indirekt Kontakt mit Tieren haben, wie z. B. Landwirte, Tierärzte, Schafhirten und -scherer sowie Schlachthofpersonal. Insbesondere in Süddeutschland spielen Zecken als Reservoir und Überträger des Q-Fiebers eine Rolle.

Die Infektionsgefahr, die von infizierten Nahrungsmitteln ausgeht, wird als unbedeutend eingeschätzt. Eine Ausnahme hiervon bildet allerdings Rohmilch bzw. Vorzugsmilch von infizierten Kühen.

### Forschung

Das vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) geförderte Projekt „Epizootiologie von Q-Fieber bei Wiederkäuern und wild lebenden Säugetieren und differenzierende molekulare Pathogenese von *Coxiella burnetii* bei Mensch und Tier“ wurde im Jahre 2013 abgeschlossen. Es hatte zum Ziel, die Mechanismen, die zu einem Q-Fieber-Ausbruch führen, besser zu verstehen. Für dieses Projekt wurde im Sommer 2010 eine 2. Förderphase bewilligt, so dass das Projekt bis Juli 2013 fortgeführt werden konnte. Das Institut für Epidemiologie des FLI ist in diesem Verbund weiterhin für die Aufarbeitung der im Rahmen des Forschungsprojekts gewonnenen Proben zuständig. Bei diesen Proben handelt es sich in erster Linie um Proben von Haustieren (Rind, Schaf, Ziege, Schwein), wobei das Probenmaterial sowohl Blut- und Serumproben als auch Organ- und Tupferproben umfasst. Die Art und Anzahl der untersuchten Proben kann der Tabelle entnommen werden.

Die deutschlandweite Q-Fieber Studie im Rahmen des Q-Fieber-Projektes hatte ergeben, dass die Seroprävalenz bei Schafen und Ziegen in Schleswig-Holstein zwischen 0,4% und 7,2 % liegt. Somit



## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

konnte nachgewiesen werden, dass Q-Fieber auch in diesem Bundesland vorkommt. Daher ergab sich die Frage, inwieweit Q-Fieber in Milchviehbeständen verbreitet ist. Daher wurde gemeinsam mit dem Ministerium für Energiewende, Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume des Landes Schleswig-Holstein, Referat 33 - Veterinärwesen, und dem Landeskontrollverband Schleswig-Holstein e.V., Kiel, eine milchserologische Studie auf Antikörper gegen Q-Fieber durchgeführt. Diese Studie ergab für Schleswig-Holstein eine Seroprävalenz von 6.0 %-24.7 %.

Das NRL für Q-Fieber führt seit 2012 jährlich einen „Workshop on Tick-Borne Diseases“ durch, bei dem neben dem Q-Fieber auch Vorträge und Poster zu anderen Krankheitserregern präsentiert werden. Der nächste Workshop ist für den 30.9.-2.10.2014 in Berlin als Gemeinschaftsveranstaltung der Freien Universität Berlin, der Deutschen Gesellschaft für Medizinische Entomologie und Acarologie e.V., des Umweltbundesamtes und der Friedrich-Loeffler-Instituts geplant.

Des Weiteren ist das NRL für Q-Fieber an der Chargenfreigabe für serologische Q-Fieber-Tests (ELISA) beteiligt. Die nachfolgende Tabelle gibt einen Überblick über die Aktivitäten des NRL für Q-Fieber.

Tabelle 1: Diagnostischen Arbeiten am Referenzlabor für Q-Fieber im Jahr 2013

Untersuchungen 2013	Anzahl	davon positiv
Untersuchungen zum Erregernachweis	496	31
Untersuchungen zum Antikörpernachweis	2140	292
Zulassungs- und Chargenuntersuchungen im Rahmen von § 17c Tierseuchengesetz	3	
Gesamt	2639	

### Literatur

- Hilbert, A., I. Blaha, A. Fröhlich, E. Hensler, P. Reith, K. Henning, F.J. Conraths, T. Miller. 2014. Aspekte seroepidemiologischer Untersuchungen zum Q-Fieber in nicht geimpften Rinderbeständen. Berl Münch Tierärztl Wochenschr. 127:149-157.

## 15. Rauschbrand - Blackleg

Seyboldt, C.

### Summary

Blackleg is an acute, infectious, but non-contagious gas oedema with an epizootic course. Young cattle are most commonly affected. However, younger calves, older cattle as well as sheep and goats of any age may become infected as well.

Blackleg is a notifiable disease in Germany. The causative agent is *Clostridium (C.) chauvoei*, which must be differentiated from other gas oedema causing bacteria, especially *C. septicum*, the infectious agent of malignant oedema. Further *Clostridium* species must be considered in differential diagnosis.

Since 1950, the beginning of the statistical recording of blackleg outbreaks, a downward trend in the yearly number of outbreaks was observable until the 1990ies (Tab.1, Tab. 2). In 2013, a total of 6 outbreaks were noted.

### Zusammenfassung

Seit 1950, dem Beginn der statistischen Erfassung der Rauschbrandausbrüche in Deutschland, konnte bis in die 1990 Jahre ein tendenzieller Rückgang der jährlichen Ausbruchszahlen beobachtet werden (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2013 wurden 6 Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

### Epidemiologie

Der Rauschbrand ist eine seuchenhaft und akut verlaufende, infektiöse, aber nicht kontagiöse Gasödemkrankheit, die meist junge Rinder sowie gelegentlich Schafe bzw. Ziegen befällt. Die metastatische Bildung von Gasödemen in den großen Muskelpartien ist dabei charakteristisch. Erreger des Rauschbrandes ist *Clostridium (C.) chauvoei*. Der seuchenhafte Verlauf beim Rind begründet die vorrangige Bekämpfung des Rauschbrandes verglichen mit anderen Clostridieninfektionen.

In Deutschland tritt der Rauschbrand als bodengebundene Krankheit fast ausschließlich in den küstennahen Weidegebieten der norddeutschen Tiefebene und in der Voralpenregion auf. In den so genannten Rauschbranddistrikten kann die Krankheit beim Weidevieh jährlich unterschiedliche, in Ausnahmejahren auch erhebliche Verluste verursachen.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Bei den Gasödeminfektionen sind weitere Clostridienspezies, wie *C. novyi*, *C. perfringens*, *C. histolyticum*, *C. sordellii* und *C. fallax* differentialdiagnostisch zu berücksichtigen, darüber hinaus ist Milzbrand auszuschließen. Die Abgrenzung von *C. chauvoei* und *C. septicum* mit traditionellen mikrobiologischen Methoden ist problematisch, da sich die beiden Erreger in vielen Eigenschaften gleichen. Eine Differenzierung ist über die Wachstumsform und biochemische Tests sowie die direkte Immunfluoreszenz möglich, doch bringen nicht alle Reaktionen immer eindeutige Ergebnisse. Alternativ, bzw. zur Ergänzung und Bestätigung der mikrobiologischen Diagnose von *C. chauvoei* eignen sich konventionelle PCR-Methoden (z. B.: Sasaki et al. 2000, Sasaki et al. 2001) und Realtime PCR-Methoden (z. B.: Lange et al. 2010).

### Statistische Angaben

Seit der statistischen Erfassung der Rauschbrandausbrüche im Jahr 1950 ließ sich in den beiden Jahrzehnten von 1980 bis 1999 ein tendenzieller Rückgang der Neuausbrüche pro Jahr beobachten, seit dem Jahr 1990 sank die Zahl der Neuausbrüche im langjährigen Mittel nicht weiter (Tab. 1, Tab. 2). Im Jahr 2013 wurden 6 Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 1: Rauschbrandausbrüche 1950 bis 2009

Rauschbrand	1950- 1959	1960- 1969	1970- 1979	1980- 1989	1990- 1999	2000- 2009
Durchschnittlich Anzahl an Neuausbrüchen pro Jahr	64,1	64,9	64,8	29,7	18,1	19,9

Tabelle 2: Rauschbrandausbrüche 2004 bis 2013

Rauschbrand	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Neuausbrüche	15	15	48	23	34	14	22	13	10	6

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 15.03.2014).

Die Fallzahlen der Jahrgänge 1950-1990 beziehen sich ausschließlich auf das Gebiet der alten (11) Bundesländer. Ab 1991 werden die Fallzahlen für das gesamte Bundesgebiet (16 Bundesländer) wiedergegeben.

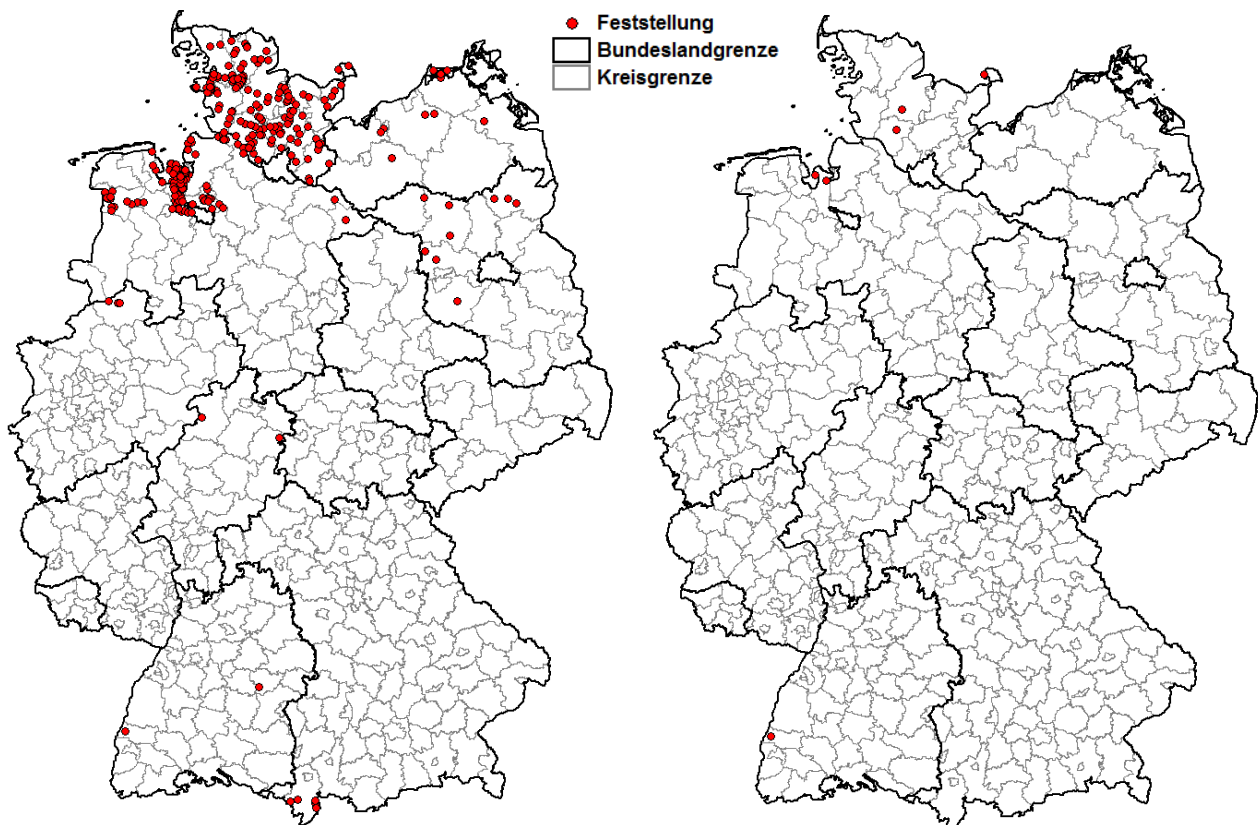


Abb. 1: Räumliche Verteilung der Rauschbrandausbrüche ( $n = 328$ ) 01.01.1995 bis 31.12.2013 (linke Karte) und im Berichtszeitraum ( $n = 6$ ) 01.01.2013 bis 31.12.2013 (rechte Karte).

### Forschung

Zur Verbesserung der molekularen Diagnostik aus infiziertem bzw. verdächtigem Gewebe sowie zur Identifikation von Isolaten wurde eine Real Time PCR zur Detektion von *C. chauvoei* und *C. septicum* entwickelt (Lange et al. 2010). Weitere Forschungsziele sind die Entwicklung eines DNA-Microarrays und die kontinuierliche Erweiterung der Stammsammlung.

### Staatliche Maßnahmen

Ein Ausbruch des Rauschbrandes im Sinne der Verordnung zum Schutz gegen den Milzbrand und den Rauschbrand liegt vor, wenn dieser durch bakteriologische oder serologische Untersuchung festgestellt ist. *C. chauvoei* muss dabei von anderen Gasödemerregern, insbesondere von *C. septicum*, dem Erreger des Pararauschbrandes, abgegrenzt werden. Die Verordnung sieht einen gewissen Ermessensspielraum bei der Anordnung von Schutzmaßnahmen gegen den Rauschbrand vor. Insbesondere in der Voralpenregion wird von der möglichen Anordnung der Impfung für Tiere, die einer besonderen Ansteckungsgefahr durch den Erreger des Rauschbrandes ausgesetzt sind, Gebrauch gemacht, insbesondere wenn sie auf so genannte Rauschbrandalpen oder -weiden aufgetrieben werden sollen.

### Zoonosepotential

Im Jahr 2008 erschien der erste Bericht zu einem humanen Gasödemfall der durch *C. chauvoei* verursacht wurde (Nagano et al. 2008). Ein weiterer Fallbericht wurde im Jahr 2011 veröffentlicht (Weatherhead and Tweardy 2012). Obwohl diese die bisher einzigen Fallbeschreibungen darstellen, sollte *C. chauvoei* als potentiell humanpathogen betrachtet werden.

### Literaturverzeichnis

- Lange M, Neubauer H, Seyboldt C. Development and validation of a multiplex real-time PCR for detection of *Clostridium chauvoei* and *Clostridium septicum*. Mol Cell Probes. 2010 24(4):204-10.
- Nagano N, Isomine S, Kato H, Sasaki Y, Takahashi M, Sakaida K, et al. Human fulminant gas gangrene caused by *Clostridium chauvoei*. J Clin Microbiol 2008;46:1545-7.
- Sasaki Y, Yamamoto K, Kojima A, Tetsuka Y, Norimatsu M, Tamura Y. Rapid and direct detection of *Clostridium chauvoei* by PCR of the 16S-23S rDNA spacer region and partial 23S rDNA sequences. J Vet Med Sci 2000;62:1275-81.
- Sasaki Y, Yamamoto K, Amimoto K, Kojima A, Ogikubo Y, Norimatsu M, et al. Amplification of the 16S-23S rDNA spacer region for rapid detection of *Clostridium chauvoei* and *Clostridium septicum*. Res Vet Sci 2001;71:227-9.
- Weatherhead JE, Tweardy DJ. Lethal human neutropenic enterocolitis caused by *Clostridium chauvoei* in the United States: tip of the iceberg? J Infect. 2012 Feb;64(2):225-7. Epub 2011 Sep 16.

### 16. Salmonellose der Rinder – Salmonellosis in cattle

Methner, U.

#### Summary

In Germany, outbreaks of salmonellosis in cattle herds officially confirmed by the competent authority are notifiable. In 2013, 77 outbreaks of bovine salmonellosis were recorded (Table 1). The number of outbreaks in the federal states (Länder) between 2009 and 2013 is shown in Table 2. The regional distribution of salmonellosis outbreaks in cattle herds between 2010 and 2013 is presented in Figure 1.

While the serovar *Salmonella* (S.) Typhimurium caused ca. 50 % of the annually reported outbreaks of salmonellosis from 1995 to 2002 and thus represented the most important serovar, this percentage decreased in 2003 and 2004 to ca. 38 % or 39 %, respectively. After an increase of *S.* Typhimurium outbreaks during the following years in 2013 a percentage of 34 % was reached (Table 3). The share of outbreaks caused by the host-adapted serovar *S.* Dublin amounted to ca. 29 % in 2013. About 8 % of the reported outbreaks in 2013 were caused by the serovar *S.* Abony and ca. 1 % by *S.* Enteritidis. The summarised group of all other serovars was the reason for ca. 30 % of all outbreaks of salmonellosis in cattle. However, there are no signs for an increase of any single serovar from this group. The distribution of the serovars in the reported outbreaks reveals considerable differences between the federal states (Länder) in Germany. The finding that the host-adapted serovar *S.* Dublin is not detected in some federal states (Länder) but repeatedly the cause of the majority of salmonellosis outbreaks in some other federal states might be an indicator that this serovar is endemic in several areas.

#### Zusammenfassung

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2013 insgesamt 77 Ausbrüche (Stand: 01.02.2014) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die Anzahl der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2009 bis 2013 zeigt Tabelle 2. Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in Deutschland ist in Abbildung 1 dargestellt.

Während die Serovar *Salmonella* (S.) Typhimurium von 1995 bis 2002 mit einem Anteil von ca. 50 % an den angezeigten Ausbrüchen die Hauptursache für die Salmonellose der Rinder in Deutschland war, verringerte sich dieser Anteil in den Jahren 2003 und 2004 auf ca. 38 % bzw. 39 %. Nach einem Anstieg der *S.*-Typhimurium-Ausbrüche in den nachfolgenden Jahren betrug der Anteil im Jahr 2013 wieder 34 %. Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 29 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Der Anteil der durch die Serovar *S.* Abony hervorgerufenen Ausbrüche betrug im Jahr 2013 ca. 8 %, der Anteil der *S.*-Enteritidis-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, im Jahr 2013 wurde nur ein Salmonellose-Ausbruch durch diese Serovar angezeigt. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf, im Jahr 2013 wurden durch diese Gruppe fast 30 % aller Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist.

Die Verteilung der *Salmonella*-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche regionale Unterschiede hin. Während die Serovar *S.* Typhimurium sowohl 2012 als auch 2013 bis auf

einzelne Ausnahmen in allen Bundesländern mit Salmonellose-Ausbrüchen vorkommt, bestehen bei den anderen *Salmonella*-Serovaren Unterschiede.

Die Tatsache, dass die an das Rind adaptierte Serovar Dublin in einigen Bundesländern nicht nachgewiesen wird, aber in einigen Bundesländern den größten Anteil der gemeldeten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht, ist ein Hinweis darauf, dass diese Serovar in einigen Regionen nur ausnahmsweise oder gar nicht vorkommt, in bestimmten Bundesländern jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen endemisch ist.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Seit Februar 2011 werden die Serotypisierung, die Lysotypie, die Antibiotikaresistenztestung, die Impfstamm-Wildstamm-Differenzierung und die molekularbiologische Feintypisierung von *Salmonella*-Stämmen des Rindes am NRL Salmonellose der Rinder in Jena durchgeführt. Im Jahr 2013 wurden insgesamt 278 eingesandte *Salmonella*-Stämme typisiert. Weitere Aufgaben umfassen die Beratung bei Ausbrüchen an Salmonellose der Rinder. Vom NRL Salmonellose der Rinder wurde der Artikel „Salmonellose der Rinder: Empfehlungen zur Vorgehensweise nach Feststellung eines Ausbruchs“ in der Zeitschrift Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle (4/2012, 253-260) veröffentlicht.

### Statistische Angaben

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2013 insgesamt 77 Ausbrüche (Stand: 01.02.2014) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche von 2010 bis 2013 ist in Abbildung 1 dargestellt.

Der in Deutschland seit dem Jahr 2002 fortgesetzte Rückgang der angezeigten Ausbrüche der Salmonellose beim Rind ist in allen Bundesländern feststell-

bar. In einzelnen Bundesländern ist die Anzahl der jährlich angezeigten Ausbrüche relativ konstant. Ein stärkerer Anstieg oder Rückgang der Anzahl der Ausbrüche in einzelnen Jahren tritt in mehreren Bundesländern auf (Tab. 2), eine kontinuierliche Entwicklung über mehrere Jahre ist jedoch in keinem Bundesland nachweisbar. Es ist offen, inwieweit die Anzahl der amtlich festgestellten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in Deutschland das Vorkommen von Salmonellen in der Rinderpopulation tatsächlich widerspiegelt.

Die zeitliche Verteilung der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche weist im Vergleich zu vorangegangenen Jahren auch im Jahr 2013 einen ähnlichen Verlauf auf (Abb. 2). Die geringste Zahl von Neuausbrüchen wurde wiederum in den Monaten April/Mai/Juni festgestellt. Der in den vorangegangenen Jahren beobachtete kontinuierliche Anstieg bis September/Okttober trat auch 2013 auf. Ab November kommt es in fast jedem Jahr zu einem Rückgang der angezeigten Salmonellosen, der sich bis April/Mai des Folgejahres fortsetzt.

Während die Serovar *Salmonella* (S.) Typhimurium von 1995 bis 2002 mit einem Anteil von ca. 50 % an den angezeigten Ausbrüchen die Hauptursache für die Salmonellose der Rinder in Deutschland war, verringerte sich dieser Anteil in den Jahren 2003 und 2004 auf ca. 38 % bzw. 39 %. In den nachfolgenden Jahren hatte sich dieser Anteil etwas erhöht, im Jahr 2013 verursachte die Serovar S. Typhimurium 34 % aller angezeigten Ausbrüche (Tab. 3). Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 29 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Der Anteil der durch die Serovar S. Abony hervorgerufenen Ausbrüche betrug im Jahr 2013 ca. 8 %. Die Anzahl der S.-Enteritidis-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, 2013 wurde nur ein Salmonellose-Ausbruch beim Rind durch diese Serovar angezeigt.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf, im Jahr 2013 wurden durch diese Gruppe fast 30 % aller Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist. Es wird eher beobachtet, dass die Serovaren in dieser Gruppe nahezu jährlich wechseln.

Eine Übersicht über die Verteilung der *Salmonella*-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche regionale Unterschiede hin (Tab. 4). Während die Serovar *S. Typhimurium* sowohl 2012 als auch 2013 bis auf einzelne Ausnahmen in allen Bundesländern mit Salmonellose-Ausbrüchen vorkommt, bestehen bei den anderen *Salmonella*-Serovaren Unterschiede.

Die Tatsache, dass die an das Rind adaptierte Serovar Dublin in einigen Bundesländern nicht nachgewiesen wird und z. B. in einigen Bundesländern seit Jahren den größten Anteil der gemeldeten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht, ist ein Hinweis darauf, dass diese Serovar in einigen Bundesländern nur ausnahmsweise oder gar nicht vorkommt, speziell in Niedersachsen und Schleswig-Holstein jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen endemisch ist. Andere einzelne *Salmonella*-Serovaren scheinen keine besonderen Verbreitungsgebiete zu besitzen, da die Nachweisraten von *S. Abony* und *S. Enteritidis* in den letzten Jahren sowohl zwischen den Bundesländern als auch innerhalb der Bundesländer erheblichen Schwankungen unterliegen.

Die Serovar *S. Abony* verursacht jedoch in den westdeutschen Bundesländern einen höheren Anteil an Rinder-Salmonellose-Ausbrüchen als in den ostdeutschen Bundesländern.

Die Gruppe der anderen Serovaren verursachte 2012 und 2013 insgesamt 21 bzw. 22 Ausbrüche an Rinder-Salmonellosen, dabei traten jedoch große jährliche Schwankungen zwischen den Bundesländern sowohl hinsichtlich der ausbruchsverursachenden Serovaren als auch deren prozentualer Anteile auf. Ausbrüche durch diese verschiedenen Serovaren werden jedoch in fast allen Bundesländern angezeigt. Eine zunehmende Tendenz einzelner Serovaren aus dieser Gruppe ist derzeit nicht erkennbar.

Für die Immunprophylaxe von Kälbern gegen die Salmonellose des Rindes stehen *S.*-Dublin- und *S.*-Typhimurium-Lebendimpfstoffe zur Verfügung. Gegen *S.*-Typhimurium-Infektionen bei älteren und adulten Tieren kann ein kommerzieller Inaktivimpfstoff eingesetzt werden. Darüber hinaus besteht bei anderen *Salmonella*-Serovaren die Möglichkeit, stallspezifische Inaktivimpfstoffe herstellen zu lassen. Grundsätzlich sollten Impfungen gegen die Salmonellose der Rinder prophylaktisch durchgeführt werden, um die Widerstandsfähigkeit der Tiere gegen eine Infektion zu erhöhen.

In der Praxis wird die Immunisierung jedoch in vielen Fällen erst nach der Feststellung einer Salmonellose in einem Bestand als Interventionsmaßnahme eingesetzt. Wie in den Jahren 2006 (16 Betriebe), 2007 (5 Betriebe), 2008 (9 Betriebe), 2009 (5 Betriebe), 2010 (7 Betriebe), 2011 (7 Betriebe), 2012 (9 Betriebe) wurde auch im Jahr 2013 (7 Betriebe) nach einem Ausbruch der Salmonellose vor allem beim Nachweis von *S. Typhimurium* immunisiert. Der prophylaktische Einsatz von *Salmonella*-Impfstoffen sollte insbesondere in Gebieten erfolgen, in denen bestimmte Serovaren endemisch auftreten und wiederholt Salmonellose-Ausbrüche verursachen.

### Epidemiologische Untersuchungen durch das NRL Salmonellose der Rinder

Ein wesentlicher Schwerpunkt der Aufgaben des NRL Salmonellose der Rinder sind Untersuchungen zur Epidemiologie der Salmonellose in Rinderbeständen. Damit sollen auch allgemeingültige Erkenntnisse gewonnen werden, um eine bessere Beratungsfunktion gewährleisten zu können.

Im Jahr 2013 wurden durch das NRL Salmonellose der Rinder in Zusammenarbeit mit den zuständigen Veterinärbehörden und den Untersuchungsämtern zwei Ausbrüche an Rinder-Salmonellose begleitet. Das Ziel dieser Untersuchungen besteht insbesondere darin, die Übertragungswege und die Ursachen für das Zirkulieren der Salmonellen in den Beständen zu analysieren, um danach effektive herdenspezifische Barriersysteme einzurichten. Es hat sich klar gezeigt, dass eine wirksame Bekämpfung der Salmonellose der Rinder eine kritische Analyse der hygienischen Bedingungen im Betrieb und die Etablierung bzw. Wieder-Etablierung von effektiven Hygieneregimen zur nachhaltigen Unterbrechung der betriebsinternen *Salmonella*-Ausbreitungswege erfordert.

### Zoonosenpotential

Salmonellen gehören weltweit zu den wichtigsten von Tieren auf den Menschen übertragbaren Krankheitserregern. Anteilmäßig besitzen dabei die durch kontaminierte Lebensmittel hervorgerufenen Infektionen die größte Bedeutung. Nach dem bis zum Jahr 1992 erfolgten Anstieg (ca. 195.000 gemeldete Infektionen) der Salmonellosen beim Menschen in der Bundesrepublik Deutschland hat sich die Anzahl der Infektionen bis zum Jahr 2013 (ca. 18.828) kontinuierlich verringert. *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* sind nach wie vor die Serovaren mit der größten Bedeutung. Seit dem Jahr 2009 änderten sich jedoch erstmals seit mehr als 10 Jahren die prozentualen Häufigkeiten der

krankheitsverursachenden *Salmonella*-Serovaren beim Menschen. Im Jahr 2013 wurden 27 % der humanen Infektionen durch *S. Enteritidis*, 32 % durch *S. Typhimurium* und 41 % durch die Gruppe aller anderen Serovaren verursacht.

Unter Berücksichtigung epidemiologischer Daten über das Vorkommen von Salmonellen in verschiedenen Lebensmitteln kann geschlussfolgert werden, dass *S. Enteritidis*-Infektionen des Menschen vorwiegend durch Eier, Eiprodukte und Geflügelfleisch und *S. Typhimurium*-Infektionen durch Schweinefleisch bzw. Schweinefleischerzeugnisse hervorgerufen werden.

*Salmonella*-Infektionen des Menschen durch vom Rind stammende Lebensmittel sind glücklicherweise von geringer Bedeutung. Es muss jedoch darauf hingewiesen werden, dass zum Rohverzehr bestimmte Lebensmittel (insbesondere Rohmilch) aus Rinder-Beständen mit nachgewiesenen oder möglicherweise nicht erkannten *Salmonella*-Infektionen ein hohes Gesundheitsrisiko, besonders für Risikogruppen (Kleinkinder, Schwangere, ältere Menschen, immunsupprimierte Personen) darstellen. Um das Infektionsrisiko für den Verbraucher so gering wie möglich zu halten, muss das Inverkehrbringen von Rohmilch aus mit Salmonellen infizierten Rinderbeständen ausgeschlossen werden.



## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 1: Anzahl angezeigter Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in der Bundesrepublik Deutschland

2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
258	232	153	107	120	99	120	81	95	109	102	77

Tabelle 2: Anzahl angezeigter Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2009 bis 2013

Bundesland	2009	2010	2011	2012	2013
Berlin	-	-	-	-	1
Brandenburg	5	6	10	3	-
Baden-Württemberg	8	9	9	11	9
Bayern	11	28	15	18	14
Hessen	3	1	4	2	1
Mecklenburg-Vorpommern	3	1	5	3	3
Niedersachsen	14	11	19	26	18
Nordrhein-Westfalen	10	8	12	6	9
Rheinland Pfalz	2	-	3	6	-
Saarland	-	-	-	-	-
Schleswig-Holstein	8	16	14	13	11
Sachsen	8	9	7	4	1
Sachsen Anhalt	3	3	5	4	6
Thüringen	6	3	6	6	4
<b>Gesamt</b>	<b>81</b>	<b>95</b>	<b>109</b>	<b>102</b>	<b>77</b>

Tabelle 3: Nachgewiesene *Salmonella*-Serovaren bei Ausbrüchen in den Jahren 2011 bis 2013 in der Bundesrepublik Deutschland

<i>Salmonella</i> -Serovaren	2011		2012		2013	
	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%
Typhimurium	44	40,4	49	48,0	26	33,7
Dublin	24	22,0	18	17,6	22	28,6
Abony	6	5,5	10	9,8	5	7,8
Enteritidis	7	6,4	4	3,9	1	1,3
<i>Salmonella</i> ssp.	28	25,7	21	20,6	23	28,6

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 4: Anteil von *Salmonella*-Serovaren an gemeldeten Ausbrüchen in den Bundesländern in den Jahren 2012 und 2013

Bundes- land	Anzahl (n) Ausbrüche gesamt		<i>Salmonella</i> -Serovaren									
			Typhimurium		Dublin		Abony		Enteritidis		S. ssp.	
	2012	2013	2012	2013	2012	2013	2012	2013	2012	2013	2012	2013
BE	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
BB	3	-	2	-	1	-	-	-	-	-	-	-
BW	11	9	7	3	-	2	1	3	1	-	2	1
BY	18	14	7	3	2	4	4	1	2	-	3	6
HE	2	1	1	-	-	-	-	-	-	-	1	1
MV	3	3	-	1	3	1	-	-	-	-	-	-
NI	26	18	15	5	4	7	2	2	-	-	5	4
NW	6	9	3	6	1	1	1	-	-	1	1	1
RP	6	-	1	-	-	-	1	-	1	-	3	-
SL	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SH	13	11	5	5	5	6	1	-	-	-	2	-
SN	4	1	2	-	1	-	-	-	-	-	1	1
ST	4	6	3	3	1	-	-	-	-	-	-	3
TH	6	4	3	-	-	1	-	-	-	-	3	3
<b>Gesamt</b>	<b>102</b>	<b>77</b>	<b>49</b>	<b>26</b>	<b>18</b>	<b>22</b>	<b>10</b>	<b>6</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>21</b>	<b>22</b>

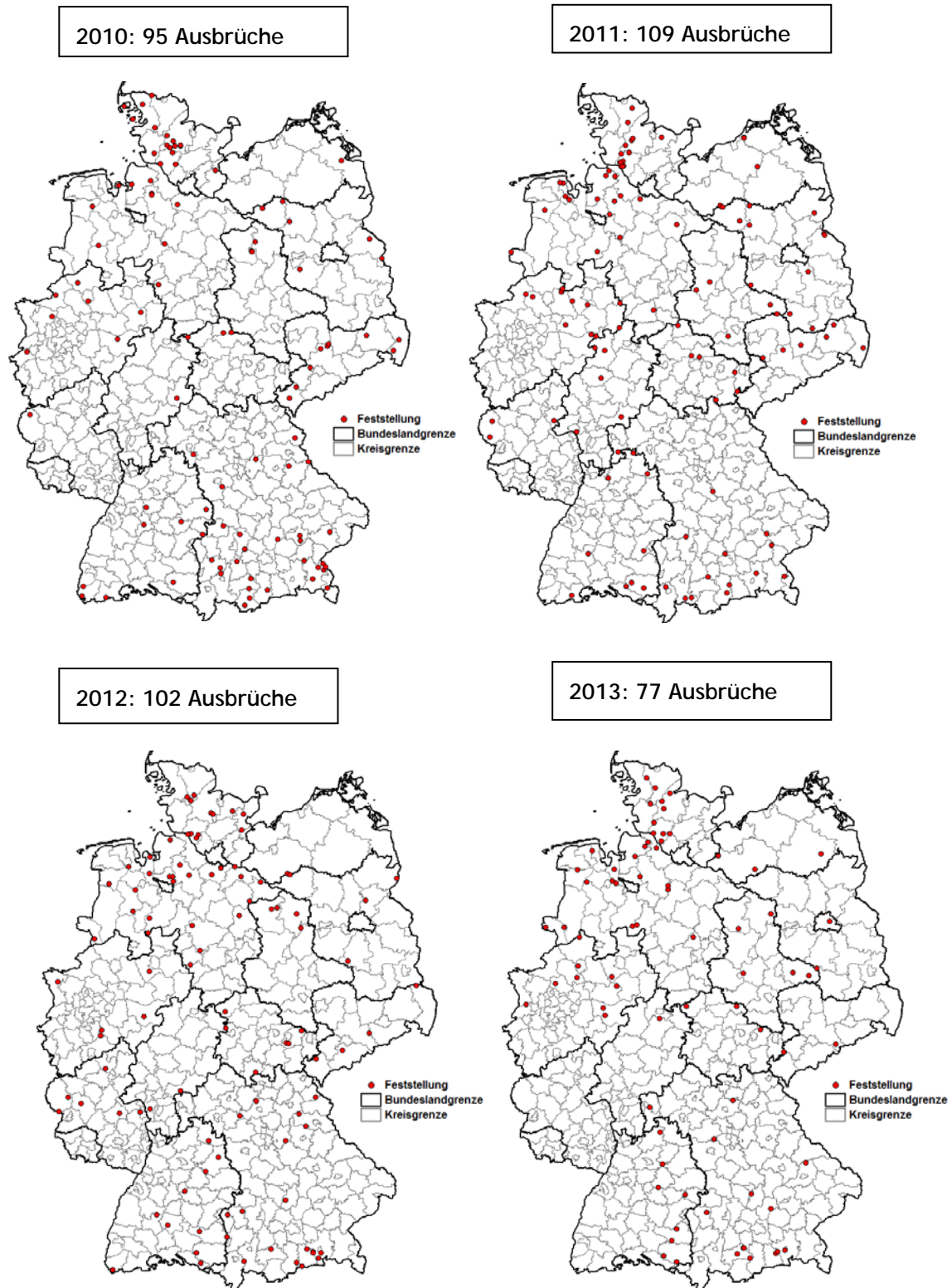


Abb. 1: Regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in der Bundesrepublik Deutschland in den Jahren 2010 bis 2013

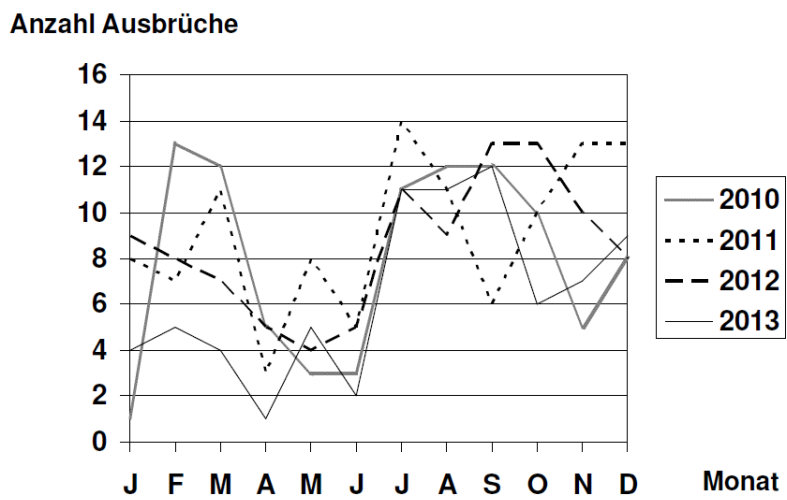


Abb. 2: Zeitliche Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Jahren 2010 bis 2013

## 17. Tollwut - Rabies

Müller, T., Freuling, C.

### Summary

Germany has been officially recognized as being free from terrestrial rabies since 2008. In 2013, a puppy was imported from Morocco to Bavaria with a record of anti-rabies vaccination, however, without proper waiting time and without the required serological test. Shortly after arrival, the puppy developed clinical signs, and was subsequently euthanized and submitted for laboratory investigation. Rabies was confirmed and the virus was characterized as a variant from Northern Africa. Epidemiological investigations identified three potential contact animals, all of which had a history of prior vaccination. All humans with relevant contacts were also given post exposure prophylaxis. Because the index animal was imported and no secondary cases resulted from this incursion, the status as being rabies free remained unchanged.

A further requirement for maintenance of a rabies free status is an adequate surveillance. Based on available data in 2013, a total of 5901 animals (thereof 3916 foxes) were submitted nationwide for rabies routine diagnosis Table 1. Rabies surveillance follows international recommendations as laid down in the national legislation on rabies control as amended and promulgated on 4 October 2010 (BGBl. I S. 1313).

### Zusammenfassung

Deutschland ist seit dem Jahr 2008 offiziell anerkannt frei von terrestrischer Tollwut. Im Jahr 2013 wurde ein Welpen aus Marokko nach Bayern eingeführt. Dieser hatte zwar laut Impfpass eine Tollwutimpfung erhalten, jedoch wurde weder die notwendige Wartezeit eingehalten noch ein erforderlicher serologischer Test durchgeführt. Kurz nach der Ankunft in Deutschland entwickelte der

Welpen klinische Anzeichen und wurde eingeschläfert. Anschließend wurde labordiagnostisch Tollwut nachgewiesen. Das Virus wurde als eine nordafrikanische Variante des klassischen Tollwutvirus (Rabies Virus, RABV) charakterisiert. Epidemiologische Untersuchungen identifizierten drei potentielle Kontakttiere, die aber alle nachweislich unter Impfschutz standen. Bei allen Personen mit relevantem Kontakt zu dem Tier wurde eine Postexposition prophylaxe eingeleitet. Da es sich bei dem Indextier um einen Import handelte und keine Sekundärfälle hervorrief, blieb der Status der Tollwutfreiheit von diesem Fall unberührt.

Eine weitere Voraussetzung für die Erhaltung der Tollwutfreiheit ist eine ausreichende Überwachung. Im Rahmen der Tollwut surveillance zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status wurden nach den dem FLI vorliegenden Daten in 2013 bundesweit insgesamt 5901 Tiere (davon 3916 Füchse) auf Tollwut getestet. Die Tollwut surveillance basiert auf der TW-VO in der Fassung der Bekanntmachung vom 4. Oktober 2010 (BGBl. I S. 1313) und folgt internationalen Empfehlungen.

Im Jahr 2013 wurden insgesamt 9 Fledermaustollwutfälle in Deutschland gemeldet, davon 3 Fälle aus Berlin. Zwei Fälle wurden in Niedersachsen festgestellt und je eine einzige Tollwut-positive Fledermaus wurden in Schleswig-Holstein, Sachsen, Brandenburg und Hessen gefunden. Bei dem Fall in Hessen handelt es sich um den ersten Nachweis von Fledermaustollwut in diesem Bundesland. Hier wurde bei einer Wasserfledermaus (*Myotis daubentonii*) Europäisches Fledermaustollwutvirus vom Typ 2 (EBLV-2) nachgewiesen, während bei allen anderen Fällen EBLV-1 isoliert wurde (Abb. 1).

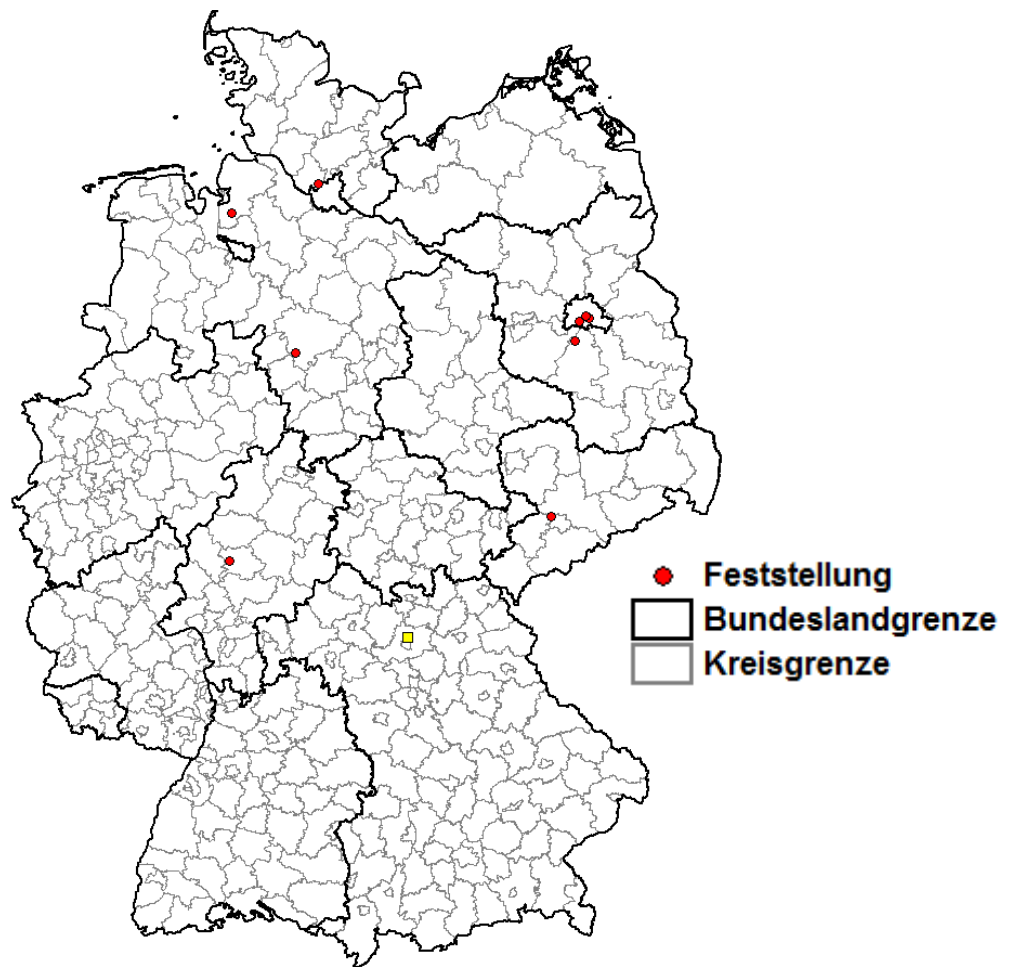


Abb. 1: Nachweise von Fledermaustollwut in Deutschland sowie des importierten Falles in Bayern (Quadrat)  
01.01.2013 - 31.12.2013

Tabelle 1: Untersuchungen im Rahmen der Tollwutsurveillance zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status

Bundesland	Anzahl der auf Tollwut untersuchten Tiere	
	Gesamt	davon Füchse
Baden-Württemberg	596	527
Bayern	253	164
Berlin		
Brandenburg	2143	1491
Bremen		
Hamburg		
Hessen	595	330
Mecklenburg-Vorpommern	934	643
Niedersachsen	477	146
Nordrhein-Westfalen	264	116
Rheinland Pfalz	405	366
Saarland		
Schleswig-Holstein		
Sachsen	234	133
Sachsen Anhalt		
Thüringen		
<b>Gesamt</b>	<b>102</b>	<b>77</b>



## 18. Toxoplasmose - Toxoplasmosis

Schares G., Conraths F. J.

### Summary

Toxoplasmosis is a reportable animal disease in Germany. In 2013, a total of 24 cases were reported (17 in cats; 4 in goats; 1 in an ungulate; 2 in zoo animals). However, there are indications of under-reporting. The regional distribution of the reported cases is similar to earlier published data for *T. gondii* positive feline fecal samples (HERRMANN et al. 2010).

### Einleitung

Die Toxoplasmose zählt zu den meldepflichtigen Tierkrankheiten. Sie ist eine Infektionskrankheit, die durch den einzelligen Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen wird. *T. gondii* vermehrt sich obligat intrazellulär. Die Endwirte von *T. gondii* sind Feliden. Sie können mit dem Kot umweltresistente Stadien (Oozysten) des Parasiten ausscheiden, die Säugetiere, welche als Zwischenwirte fungieren, mit der Nahrung aufnehmen. In infizierten Zwischenwirten persistiert *T. gondii* wahrscheinlich lebenslang unter Bildung von Gewebezysten. Infektionen des Menschen werden vor allem durch den Verzehr von rohem oder nicht ausreichend erhitztem Fleisch infizierter Tiere verursacht, das Gewebezysten mit lebenden Parasitenstadien enthält. Eine Ansteckung kann auch durch die Aufnahme von Nahrungsmitteln oder Wasser erfolgen, die mit Oozysten aus dem Kot infizierter Feliden kontaminiert sind. Viele Tierarten zeigen nach einer Infektion mit *T. gondii* in der Regel keine klinischen Symptome. Bei Schafen und Ziegen kann es zu Aborten kommen. Bestimmte Tierarten, die hierzulande in Zoos gehalten werden, aber auch einige einheimische Wildtiere können schwer an Toxoplasmose erkranken und sterben.

### Epidemiologische Untersuchungen

An das Nationale Referenzlabor für Toxoplasmose gesendete Gewebe infizierter Zwischenwirte und verdächtige Kotproben wurden mit Hilfe der PCR auf *T. gondii* untersucht und die darin nachgewiesenen *T. gondii*-Stadien mittels PCR-RFLP-Verfahren typisiert (HERRMANN et al. 2010, 2012 a, b). Das Nationale Referenzlabor für Toxoplasmose beteiligte sich an internationalen Studien, um eigene serologische Verfahren validieren zu können (PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012; MORÉ et al., 2012).

### Labordiagnostische Untersuchungen

Infektionen lassen sich bei der histologischen oder koproscopischen Untersuchung oder durch Erregerisolation nachweisen. Allerdings ist bei diesen direkten Nachweisverfahren eine anschließende Bestätigung der Erregeridentität mittels PCR erforderlich. Über spezifische Antikörper gegen Tachyzoiten von *T. gondii* (z. B. im Immunfluoreszenztest, ELISA, Westernblot oder Agglutinationstest) können Infektionen indirekt nachgewiesen werden. Im Nationalen Referenzlabor für Toxoplasmose werden vorzugsweise der Immunfluoreszenztest und ein Immunblot, der auf affinitätschromatographisch gereinigtem Antigen (TgSAG1) basiert, zur serologischen Diagnose eingesetzt. Die Untersuchungszahlen aus dem Jahr 2013 sind in Tabelle 1 angegeben.

	Anzahl
Einsendungen	170
Erregernachweise	1 von 8
Antikörpernachweise	101 von 162

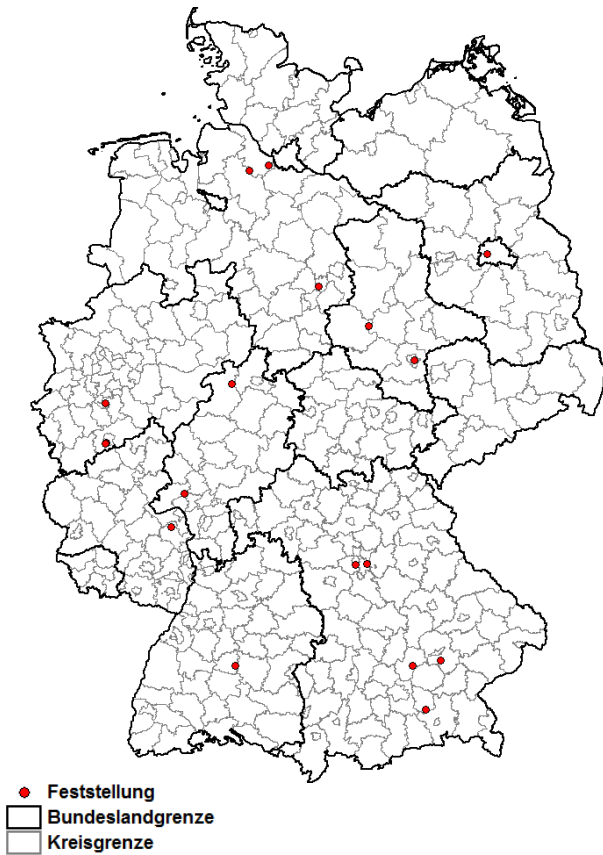


Abb.: Im Jahr 2013 über TSN mitgeteilte Toxoplasmosenfälle (n = 18; Stand 12.09.2014)

### Statistische Angaben

Laut der im Tierseuchennachrichtensystem hinterlegten Falldefinition gelten folgende Voraussetzungen für die Feststellung der Toxoplasmosenfälle: 1. Histologischer Erregernachweis mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen, oder 2. kulturelle Erregerisolierung mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen, oder 3. koproskopischer Erregernachweis bei Endwirten (Feliden) mit Bestätigung der Erregeridentität oder 4. indirekter Nachweis der Infektion bei Tieren, die der Lebensmittelgewinnung dienen. Im Jahr 2013 wurden 24 Fälle gemeldet (17 bei Katzen; 4 bei Ziegen; 1 bei einem Einhufer; 2 bei Zootieren). Die Verteilung der gemeldeten Fälle in Deutschland ist heterogen (Abbildung). Eine ähnliche Verteilung wurde in einer vorausgehenden

Studie auch bei positiven Katzenkotproben beobachtet (HERRMANN et al. 2010). Es gibt Hinweise, dass nicht alle nachgewiesenen Fälle gemeldet wurden.

### Forschung

Das NRL Toxoplasmosen führt epidemiologische Untersuchungen zum Vorkommen der Toxoplasmosen bei Tieren durch (MAKSIMOV et al. 2011; MORE et al., 2012; PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012). Serologische und direkte Nachweisverfahren werden weiterentwickelt (HERRMANN et al. 2011). Das NRL Toxoplasmosen beschäftigt sich ferner mit der Typisierung von *T. gondii* und mit der Entwicklung und Validierung neuer Marker, die Aussagen über die Virulenz genetisch unterschiedlicher *T. gondii* zulassen (HERRMANN et al. 2010, 2012 a, b).

### Staatliche Maßnahmen

Die Toxoplasmosen ist gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten in Deutschland eine meldepflichtige Tierkrankheit. Sie wird durch die Erfassung der Fälle im Tierseuchennachrichtensystem passiv überwacht.

### Zoonosepotential

Die meisten Primärinfektionen beim Menschen verlaufen asymptomatisch; manche Patienten erkranken an einer Lymphadenopathie oder einer okulären Toxoplasmosen. Eine primäre, während der Schwangerschaft erworbene Infektion kann den Föten schwer schädigen. Bei immunsupprimierten Patienten kann eine Reaktivierung latenter Infektionen zu lebensbedrohlichen Enzephalitiden führen. Der Nachweis kongenital erworbener Toxoplasmosen des Menschen ist nach § 7 Abs. 3 Nr. 6 des Infektionsschutzgesetzes zu melden. In einigen Bundesländern sind auch postnatal erworbene Toxoplasmosen meldepflichtig.

### Literatur

- Herrmann et al. 2010. Atypical *Toxoplasma gondii* genotypes identified in oocysts shed by cats in Germany, Int. J. Parasitol. 40, 285-292.
- Herrmann et al. 2011. Comparison of different commercial DNA extraction kits to detect *Toxoplasma gondii*-like oocysts in cat faeces. Berl. Muench. Tieraerztl. Wochenschr. 124, 497-502.
- Herrmann et al. 2012a. *Toxoplasma gondii* in foxes and rodents from the German federal states of Brandenburg and Saxony-Anhalt: Seroprevalence and genotypes. Vet. Parasitol. 185:78-85.
- Herrmann et al. 2012b. Genetic characterisation of *Toxoplasma gondii* isolates from European beavers (*Castor fiber*) and European wildcats (*Felis silvestris silvestris*). Vet Parasitol. 191:108-11.
- Maksimov et al. 2011. Serological survey and risk factors for *Toxoplasma gondii* in domestic ducks and geese in Lower Saxony, Germany. Vet. Parasitol. 182, 140- 149.
- Moré et al. 2012. *Toxoplasma gondii* infection in sentinel and free-range chickens from Argentina. Vet. Parasitol. 184, 116-121.
- Tsanidakis et al. 2012. *Toxoplasma gondii* in sheep and goats: seroprevalence and potential risk factors in Greece. Vet. Parasitol. 190:340-8.
- Pardini et al. 2012. Evaluation of an in-house TgSAG1 (P30) IgG ELISA for diagnosis of naturally acquired *Toxoplasma gondii* infection in pigs. Vet. Parasitol. 189:204-10.

## 19. Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (TSE)

### 1. Bovine Spongiforme Enzephalopathie beim Rind (BSE) - Bovine Spongiform Encephalopathy

Balkema-Buschmann, A., Eiden, M., Groschup, M. H.

#### Summary

Between 26 November 2000 and 31 December 2013, a total of 413 BSE cases were confirmed in Germany. Since 2004, the number of BSE cases has decreased by 50 % each year (Tab. 1). In 2013, as already since 2010, no new BSE cases were diagnosed. This clear reduction in the number of cases shows that the BSE eradication measures, namely the disposal of specified risk material (SRM), the rapid testing of all slaughtered animals and risk animals over a certain age limit, and the feed ban for mammalian meat and bone meal, mammalian fat and fishmeal to ruminants which have been in place since January 2001, were efficient.

#### Labordiagnostische Untersuchungen

Die BSE-Überwachung stützt sich auf die Untersuchung von Hirnstammproben von gesund geschlachteten Rindern über 96 Monaten und Risikotieren (gefallene, krank- oder notgeschlachtete Tiere) über 48 Monaten mittels eines für die Untersuchung von Rinderproben zugelassenen Testverfahrens. Diese Untersuchungen werden in privaten bzw. in den staatlichen Untersuchungsämtern durchgeführt.

Wiederholt reaktive Proben werden am Nationalen Referenzlabor für TSE mittels Bestätigungsuntersuchung analysiert. Dies umfasst in der Regel sowohl proteinbiochemische eine Untersuchung mittels Western Blot als auch die immunhistochemische Untersuchung. BSE-positive Fälle werden weitergehend auf das Vorliegen von klassischer oder atypischer BSE differenzierend untersucht.

#### Statistische Angaben

Im Zeitraum vom 26.11.2000 bis zum 31.12.2013 wurde in der Bundesrepublik Deutschland bei 413 Rindern BSE diagnostiziert. Seit 2004 halbierte sich die Anzahl der Fälle jährlich (Tab. 1). Im Jahr 2013 wurde wie in den Vorjahren kein Fall von BSE in Deutschland amtlich festgestellt, zuletzt gab es in den Jahren 2008 und 2009 jeweils zwei amtliche Feststellungen der BSE.

Die deutliche Abnahme der Fallzahlen weist darauf hin, dass die seit Januar 2001 geltenden BSE-Bekämpfungsmaßnahmen wie die Entfernung der spezifizierten Risikomaterialien (SRM), die Schnelltestung aller gesund geschlachteten Rinder und aller Risikotiere (verendete Tiere, notgeschlachtete Tiere und Tiere mit klinischen Anzeichen bei der Schlachttieruntersuchung) ab einer bestimmten Altersgrenze, sowie das Verfütterungsverbot von Tiermehlen, Tierfetten und Fischmehlen an Wiederkäuer, wirksam waren.

#### Staatliche Maßnahmen

Die Untersuchung der Rinder zum Zweck der Überwachung erfolgt nach den in Anhang III Kapitel A Abschnitt I Nr. 2 und 3 der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 genannten Kriterien. Den meisten EU-Mitgliedstaaten wurde inzwischen die Möglichkeit eingeräumt, beim Erfüllen bestimmter epidemiologischer Voraussetzungen und auf Antrag auf die Testung gesund geschlachteter Rinder zu verzichten. In Deutschland wurde zunächst an der Untersuchung der Rinder ab einem Alter von 96 Monaten festgehalten; diese Untersuchung zielt insbesondere auf den Nachweis atypischer BSE-Fälle, die bisher weltweit nahezu ausschließlich bei Tieren oberhalb dieser Altersgrenze aufgetreten sind.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 1: Anzahl der bestätigten BSE-Fälle 2002 bis 2013

	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
bestätigte BSE-Fälle	106	54	65	32	16	4	2	2	0	0	0	0

Tabelle 2: Untersuchungen auf BSE im Jahr 2013

Zielgruppe	Anzahl der untersuchten Rinder	Anzahl der Untersuchungen	nicht untersuchbar	positiv
verendete Tiere	135.029	135.029	1.238	0
Notgeschlachtete Tiere	7.715	7.715	6	0
krank geschlachtete Tiere	0	0	0	0
Tiere mit klinischen BSE-Erscheinungen	0	0	0	0
gesund geschlachtete Tiere	353.108	353.108	6	0
Getötete Tiere im Rahmen der BSE-Ausmerzung - Bestandstötung	0	0	0	0
Getötete Tiere im Rahmen der BSE-Ausmerzung - Kohortentötung	2	2	0	0
Verdachtsfälle zur Bestätigung durch Laboruntersuchung	528	528	0	0
<b>Gesamt</b>	<b>496.382</b>	<b>496.382</b>	<b>1.238</b>	<b>0</b>

## 2. Scrapie bei Schaf und Ziege - Scrapie in sheep and goats

Balkema-Buschmann, A., Eiden, M., Groschup, M. H.

### Summary

In 2013, 7 scrapie outbreaks were confirmed; all were identified as atypical scrapie. Since the implementation of the active Transmissible Spongiform Encephalopathy (TSE) surveillance programme for small ruminants according to regulation (EC) Nr. 999/2001 in January 2002, 226 scrapie cases were diagnosed until December 2013 (Tab. 1).

In accordance with regulation (EC) No. 56/2013, 10,000 healthy slaughtered and 10,000 fallen sheep and goats were analysed in Germany using one of the rapid tests approved for the surveillance of these species. Based on the knowledge on the genetic scrapie resistance and its impact on prevention, control and eradication of scrapie, it is necessary to determine the genotype of all TSE positive sheep, and also of all sheep in the affected flock. After their determination at AGROBIOGEN GmbH in Hilgertshausen, Germany, the genotypes of the scrapie positive sheep were forwarded to the particular federal states' competent authority. The genotype determination of the affected flocks is organized by the local authorities responsible for the affected sheep holding.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Die Scrapie-Überwachung stützt sich auf die Untersuchung von Hirnstammproben von Schafen über 18 Monaten mittels eines für die Untersuchung von Proben kleiner Wiederkäuer zugelassenen Testverfahrens, und nach dem in der Verordnung 56/2013 festgelegten Stichprobenschlüssel von 10.000 gesund geschlachteten und 10.000 verendeten Tieren. Diese Untersuchungen werden in den staatlichen Untersuchungsämtern durchgeführt.

Wiederholt reaktive Proben werden am Nationalen Referenzlabor für TSE mittels Bestätigungsuntersuchung analysiert. Dies umfasst in der Regel sowohl eine proteinbiochemische Untersuchung mittels Western Blot als auch die immunhistochemische Untersuchung. TSE-positive Fälle werden weitergehend auf das Vorliegen von BSE, klassischer oder atypischer Scrapie untersucht.

### Statistische Angaben

Im Jahr 2013 wurden 7 Scrapie-Ausbrüche amtlich festgestellt, wobei es sich ausschließlich um atypische Scrapie handelte. Seit Einführung der amtlichen TSE-Untersuchungen für kleine Wiederkäuer (2002) wurden im Rahmen der aktiven Überwachung bis zum Dezember 2013 insgesamt 226 Fälle von Scrapie beim Schaf und kein Fall von Scrapie bei der Ziege festgestellt (Tabelle 1).

### Staatliche Maßnahmen

Auf Grundlage der Erkenntnisse zur genetischen Scrapie-Resistenz und ihrer Bedeutung bei der Verhütung, Kontrolle und Tilgung der Scrapie ist es erforderlich, den Genotyp sämtlicher Scrapiepositiver Tiere sowie aller Tiere betroffener Herden zu bestimmen. Die Genotypisierung der TSE-positiven Schafe wird von dem Unternehmen AGROBIOGEN GmbH in Hilgertshausen im Auftrag des Friedrich-Loeffler-Instituts durchgeführt; die Ergebnisse der Bestimmung werden den zuständigen Länderbehörden zeitnah mitgeteilt.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 1: Anzahl der bestätigten Scrapie-Fälle (betroffene Herden) in den Jahren 2002 bis 2013

	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Scrapie-Fälle (betroffene Herden)	16	23	43	27	25	26	7	12	13	18	9	7

## 20. Trichomonadenseuche des Rindes – Trichomoniasis in cattle

Henning, K.

### Summary

Diagnosis of trichomoniasis in cattle fetuses is routinely performed according to prescribed tests by direct microscopic detection or by cultivation in liquid media. Correct identification of *Tritrichomonas foetus* is complicated due to the presence of non-pathogenic trichomonads which have their origin in the digestive tract. Identification as a species different from *Tritrichomonas foetus* can be performed by PCR (Henning and Sager, 2007).

In cats, *Tritrichomonas foetus*-like protozoa induce diarrhoea (Reinmann et al., 2012). The organisms can be detected in direct faecal smears and intestinal biopsies. During the last years cases of bird death caused by trichomonads have been observed. Such samples were also sent to the laboratory (Peters et al., 2009).

Samples can be sent to the National Reference Laboratory for investigation. Please contact the laboratory before sending in samples (Tel.: 03641-804 2327; email: Klaus.Henning@fli.bund.de).

### Epidemiologie

Trichomonaden sind einzellige Organismen, die bei vielen Wild- und Haustieren nachgewiesen werden können. Dabei handelt es sich mehrheitlich um Kommensalen oder Erreger relativ mild verlaufender Erkrankungen. Zu den klinisch bedeutsamen Angehörigen dieser Gruppe zählt die Spezies *Tritrichomonas (T.) foetus*, der Erreger der Trichomonadenseuche des Rindes. Der Erreger wird beim Deckakt übertragen. Während die Infektion beim Bullen in der Regel asymptomatisch verläuft, kann sie bei Kühen zu Vaginitis, Endometritis und Aborten führen. Bullen spielen eine bedeutende Rolle

bei der Übertragung der Trichomonaden, da sie lebenslang Träger und Ausscheider des Parasiten sein können.

Die Diagnose der Trichomonadenseuche des Rindes erfolgt durch den direkten mikroskopischen Nachweis des Erregers in Genitalspülproben oder anderem geeigneten Untersuchungsmaterial (z. B. abgestoßene Früchte, Eihäute, Vaginalsekret). Des Weiteren gibt es die Möglichkeit der Untersuchung mittels Erregeranzüchtung. Allerdings ist eine morphologische Unterscheidung des tierseuchenrechtlich relevanten Erregers *T. foetus* von anderen Trichomonaden nur bedingt möglich. Dies betrifft auch die nach Giemsa gefärbten Ausstrichpräparate, da es sich gezeigt hat, dass die Anzahl der Geißeln als Unterscheidungsmerkmal innerhalb derselben Art variieren kann. Eine PCR mit spezifischen Primern ermöglicht zudem die Unterscheidung zwischen dem Erreger *T. foetus* und Kontaminanten. Somit ist es möglich, positive Kulturresultate zu überprüfen und falsch positive Ergebnisse zu vermeiden. Ferner kann der Erreger mittels PCR auch noch nachgewiesen werden, wenn dieser auf dem Weg in das Labor abgestorben ist.

Wird eine Untersuchung gewünscht, dann ist das Probenmaterial kühl und unter Beachtung der einschlägigen Versandvorschriften an das NRL zu senden. Es wird darum gebeten, dass der Einsender die Proben vorher telefonisch: 03641-804-2327 oder per E-Mail: Klaus.Henning@fli.bund.de anmeldet.

Die nachfolgende Tabelle gibt einen Überblick über die Aktivitäten des NRL für die Trichomonadenseuche des Rindes.



Tabelle 1: Diagnostischen Arbeiten am Referenzlabor für die Trichomonadenseuche des Rindes

Untersuchungen 2013	Anzahl	davon positiv
Untersuchungen zum Erregernachweis	59	0
Laborvergleichsuntersuchungen	2	
Gesamt	61	

### Literatur

- Henning, K.; Sager, H. (2007): The diagnosis of the trichomonad epidemic in the cow. Tierärztliche Umschau 62 (4), A48-A50.
- Peters, M., Kilwinski, J., Reckling, D., Henning, K. (2009). Epidemic mortality in greenfinches at feeder stations caused by *Trichomonas gallinae* - a recent problem in Northern Germany. Kleintierpraxis 54: 433
- Reinmann, K., Mueller, N., Kuhnert, P., et al. (2012): *Tritrichomonas foetus* isolates from cats and cattle show minor genetic differences in unrelated loci ITS-2 and EF-1 alpha. Veterinary Parasitology 185 (2-4), 138-144.

## 21. Tuberkulose der Rinder – Bovine Tuberculosis

Moser I., Köhler H.

### Summary

Tuberculosis (TB) in cattle caused by *Mycobacterium (M.) bovis*/*M. caprae* is a notifiable disease. Both pathogens are members of the *Mycobacterium tuberculosis* complex (MTC) which additionally consists of *M. tuberculosis* and *M. africanum* (tuberculosis in humans), *M. microti* (tuberculosis in mice) and *M. pinnipedii* (tuberculosis in pinnipeds). Recently, even more exotic members of the MTC have been described: *M. orygis* (antelope), *M. suricattae* (meerkat), *M. mungi* (mongoose), Dassie bacillus (rock hyrax). Based on the shared sequence of their 16S rDNA all members of the MTC taxonomically belong to one species (*M. tuberculosis*). Due to differences in host specificity and biochemical characteristics *M. bovis* was the first to be separated from *M. tuberculosis* and recognized as independent species (Zopf 1883, Lehmann and Neumann 1896, Karlson und Jessel 1970). Meanwhile it has been recommended to elevate most of the other members of the MTC to species rank, as well. Due to their close relationship complex molecular methods have to be applied to differentiate members of the MTC (DNA sequence analysis, spoligotyping). For molecular epidemiological purpose, RFLP (restriction fragment length polymorphism) analysis based on IS6110, was formerly the most frequently used method to differentiate individual *M. tuberculosis* strains. However this method has its limitation to differentiate *M. bovis* strains due to the fact that normally less than five IS6110 copies are present in *M. bovis*. Furthermore, RFLP is hardly suitable for global interlaboratory investigations. Spoligotyping and MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit/variable number of tandem repeat) typing are nowadays the most frequently applied methods for molecular epidemiology of MTC members.

All members of the MTC possess zoonotic potential, since they may cause tuberculosis not only in their primary hosts but also in other mammalian species, occasionally even in pet birds (psittacids). The most crucial feature for disease transmission is the chronic, long lasting (weeks, months, years) sub-clinical course of the disease still with possible excretion of the pathogen. Therefore, pasteurization of milk, regular meat inspection, immunological monitoring, culling of positive cattle as well as attention to symptoms of tuberculosis in cattle and other animal species (companion animals, zoo animals, captive and free-ranging wild animals) are prerequisites for control of zoonotic tuberculosis. During the first half of the 20th century up to 63 % of cattle farms and approximately 45 % of all slaughtered cattle were infected with *M. bovis*. Due to a consequent eradication campaign between 1952 and 1961 (West) and 1959 and 1978 (East), based on tuberculin skin reaction, Germany turned to a country practically free of bovine tuberculosis which meant at that time that 99.7 % (West), since 1990 (unified country) at least 99.9 % of the cattle holdings per year were TB-free. In 1996, Germany was declared officially free of bovine tuberculosis and since then this status was maintained.

At the end of the year 2013, 12,663 037 cattle were kept in 158,915 farms. In contrast to 2012 with 24 outbreaks, 46 outbreaks were notified in 2013 in the federal states of Bavaria (35), Baden-Württemberg (near to the Bavarian border; 7) and Lower Saxony (4). Twenty-three of these cases were detected in the frame of a local monitoring program (BY), 11 cases by contact tracing, six cases by meat inspection, four cases due to clinical symptoms and two by not further defined herd testing.

### Allgemeine Angaben

Die Tuberkulose der Rinder ist eine anzeigepflichtige Tierseuche, hervorgerufen durch *Mycobacterium (M.) bovis* oder *M. caprae*. Beide sind Mitglieder des *M.-tuberculosis*-Komplexes (MTC) und als Erreger der Rindertuberkulose in Deutschland von vergleichbarer Bedeutung. Allerdings unterscheiden sie sich in ihrer geographischen Prävalenz. Dem MTC gehören außerdem auch *M. tuberculosis* und *M. africanum* (Tuberkulose des Menschen), *M. microti* (Tuberkulose der Maus) und *M. pinnipedii* (Tuberkulose der Robben) an. Weitere exotische Mitglieder des MTC wurden in jüngster Zeit beschrieben, *M. orygis* (Antilope), *M. suricattae* (Erdmännchen), *M. mungi* (Mungo), Dassie bacillus (Klippschliefer). Streng taxonomisch gesehen sind die Mitglieder des MTC als Mitglieder einer einzigen Spezies anzusehen, da sie sich in ihrer 16S rDNA nicht unterscheiden. Aufgrund der Unterschiede in der Wirtsspezifität sowie biochemischer Marker wurde zunächst mit *M. bovis* (Karlson und Jessel 1970) eine eigene Spezies neben *M. tuberculosis* (Zopf 1883; Lehmann and Neumann 1896) geschaffen. Später wurde auch für die meisten anderen MTC-Erreger die Einstufung als eigene Spezies vorgeschlagen. Diese taxonomischen Einteilungen sind im Fluss und werden unterschiedlich gehandhabt.

Bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts war in Deutschland ein großer Teil der Rinderbestände, d. h. bis zu 63 % der Betriebe bzw. bis zu 45 % der Schlachtrinder, tuberkulose-positiv. Der II. Weltkrieg trug erheblich zur Verschärfung der Lage bei. Durch konsequente Bekämpfung auf Basis der Tuberkulin-Reaktion wurde in Deutschland zwischen

den Jahren 1952 und 1961 (West) bzw. 1959 und 1978 (Ost) der Status der amtlich anerkannten Freiheit von Tuberkulose erreicht. Nach der Vereinigung im Jahr 1990 wurde der Status am 17. Dezember 1996 durch EU-Entscheidung (Entscheidung der Kommission 97/76/EG) bestätigt. Deutschland ist auf Grund dieser Entscheidung seit dem 1. Juli 1996 amtlich anerkannt frei von Rindertuberkulose da pro Jahr in weniger als 0,1 % der Rinderhaltungsbetriebe Tuberkulose amtlich festgestellt wird.

### Statistische Angaben

Zum Stichtag 31. Dezember 2013 wurden in Deutschland 12.663.037 Rinder in 158.915 Betrieben gezählt (Herkunfts- und Informationssystem für Tiere). Im Vergleich zum Jahr 2012 mit 24 Ausbrüchen stieg die Anzahl im Jahr 2013 auf 46 Ausbrüche, in den Bundesländern Bayern (35), Baden-Württemberg (7) und Niedersachsen (4). Davon wurden 23 Ausbrüche im Zuge eines lokalen Monitoring Programms (BY) festgestellt, elf bei Kontaktuntersuchungen, sechs Fälle bei der amtlichen Fleischuntersuchung, vier auf Grund klinischer Symptome und zwei bei nicht näher definierten Bestandsuntersuchungen.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,03 %. Dies liegt weit unterhalb des gegenwärtig gemäß Anhang A Abs. 1 Nr. 4. a) der Richtlinie 64/432/EWG, geändert durch die Richtlinie 98/46/EG, festgelegten Grenzwertes von 0,1 %. Tabelle 1 zeigt die Anzahl der Ausbrüche in Deutschland seit dem Jahr 2003.

Tabelle 1: Tuberkulose-Ausbrüche in den Jahren 2003 bis 2013 (ohne Verdachtsmeldungen)  
(TSN-Abfrage 02. Mai 2014)

Bundesland	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013
Brandenburg							2				
Bayern	1	5	3	2	7	8	18	5	2	20	35
Baden-Württemberg	6	2	2	2	2						7
Hessen								1			
Niedersachsen	2	2			3	13	3	4	3	3	4
Nordrhein-Westfalen		1				1				1	
Schleswig-Holstein						1		1			
Sachsen											
Sachsen-Anhalt											
Thüringen				1							
Gesamt	9	10	5	5	12	23	23	11	5	24	46

### Labordiagnostische Untersuchungen

Aufgrund ihrer engen Verwandtschaft können die einzelnen Spezies bzw. Subspezies des MTC nur durch komplexe Typisierungsmethoden voneinander unterschieden werden, z. B. durch DNA-Sequenzanalyse des *gyrB*-Gens auf der Basis von definierten Punktmutationen (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) oder mittels Spoligotypisierung. Die Unterscheidung aufgrund biochemischer Eigenschaften mittels konventioneller Kultivierungsmethoden hat ihre Bedeutung heute weitgehend verloren. Für die Typisierung von MTC-Erregern unterhalb der Spezies-Ebene zur Beantwortung von Fragen mit molekular-epidemiologischem Hintergrund stehen verschiedene Methoden zur Verfügung. Die Spoligotypisierung (spacer-oligo) basiert auf der Analyse der Direct-Repeat-Region (DR), einer Region im Genom von MTC-Erregern, die durch das Vorkommen von kurzen repetitiven DNA-Sequenzen unterbrochen durch ebenso kurze nicht repetitive Sequenzen (Spacer) charakterisiert ist. Durch eine Kombination von PCR und DNA-DNA-Hybridisierung mit anschließender

Entwicklung einer Chemolumineszenz-Reaktion, die auf einem Röntgenfilm sichtbar gemacht wird, werden speziesspezifische Signalmuster generiert, welche durch das Vorhandensein oder Fehlen von Spacer-Sequenzen charakterisiert sind. In der Regel werden die Spacer 1 bis 43 zur Charakterisierung herangezogen. Das Ergebnis kann als numerischer Code dargestellt werden. Durch Variationen innerhalb dieser Muster ist eine begrenzte Möglichkeit der Differenzierung unterhalb der Spezies-Ebene gegeben. Insgesamt ist die DR-Region jedoch relativ stabil. Eine weitere Methode, die Analyse des Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus, basiert auf der Charakterisierung der Verteilung der Insertionssequenz (IS) 6110 im Genom, die bei allen Mitgliedern des MTC in mehr oder weniger großer Kopienzahl vorkommt. Hierbei handelt es sich um eine komplexe Methode mit elektrophoretischer Separation von Genom-Fragmenten, DNA-DNA-Hybridisierung und Visualisierung von Chemolumineszenz-Signalen auf einem Röntgenfilm. Da das IS6110 bei *M. bovis* meist nur in sehr geringer Kopienzahl vorliegt, eignet sich

diese Methode jedoch nicht sehr gut für die Differenzierung dieser Isolate und wird praktisch kaum mehr genutzt. Außerdem können die Ergebnisse nicht in einen numerischen Code übersetzt werden, so dass die Methode für globale Vergleichsuntersuchungen wenig geeignet ist. Eine neuere Methode beruht auf der Identifizierung von MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit/variable number of tandem repeat) -Sequenzen. Dies sind kurze repetitive Sequenzen, die über das Genom verteilt vorkommen. Jeder Locus ist durch seine spezifische Sequenz charakterisiert. Einzelne Isolate unterscheiden sich durch die Anzahl der repetitiven Sequenzen an einem definierten Locus. Diese Methode ist ausschließlich PCR-basiert, automatisierbar und generiert einen numerischen Code als Ergebnis.

Neben der Rindertuberkulose werden auch Tuberkuloseverdachtsfälle bei anderen Tierarten untersucht. Es handelt sich dabei um Nutztiere wie Ziegen, Schwein oder Nutzgeflügel, aber auch Heimtiere wie Hunde, Katzen, Ziervögel, um Tiere aus zoologischen Einrichtungen oder privaten Haltungen (Neuweltkameliden, Robbe, Tapir, Känguru, Primaten u. a.) bzw. Gehege-Wild (Sika-, Damwild) oder frei lebende Wildtiere, bei welchen immer wieder Erreger des MTC, aber auch andere Mykobakterienspezies nachgewiesen werden.

Die im Nationalen Referenzlabor (NRL) angewandten diagnostischen Methoden umfassen

1. die Isolierung der Erreger aus tuberkulös veränderten bzw. verdächtigem Gewebe (Lymphknoten, Organe, Schleimhaut) oder Sekreten, deren Kultivierung sowie deren molekulare Identifizierung und Typisierung,
2. die Differenzierung und Typisierung eingesandter Mykobakterien-Isolate,
3. den Nachweis erregerspezifischer DNA in Gewebe.
4. in Ausnahmefällen die Durchführung des Interferon-Gamma-Freisetzungstests (IGRA) mit Blutproben oder
5. den Nachweis von Antikörpern (nicht beim Rind).

Die Methodik der Isolierung und Kultivierung des Erregers und des direkten molekularen Nachweises ist in der Methodensammlung des FLI in der Zentralen Tierseuchendatenbank (TSN) niedergelegt. Zur Differenzierung der Isolate werden vorwiegend molekularbiologische Verfahren wie PCR, Spoligotypisierung, Restriktionsanalysen von PCR-Produkten (z. B. hsp65-Gen, gyrB-Gen) oder DNA-Sequenzanalyse (16S rDNA) eingesetzt. Als weitere Methode wird die MIRU-/VNTR-Typisierung durchgeführt. Nicht alle diese Methoden werden routinemäßig angewandt. Vor allem die vier letztgenannten molekularen Methoden kommen nur gezielt bei Fragestellungen zum Einsatz, die auf anderen Wegen nicht zufriedenstellend beantwortet werden können. In Tabelle 2 sind die Ergebnisse der Isolierung und Speziesbestimmungen aufgeführt.

Tabelle 2: Ergebnisse der Speziesbestimmung von Mykobakterien-Isolaten im Jahr 2013

Eingesandte Proben	Anzahl (x Proben von n Tieren)	Erreger (bei n Tiere)			
		MTC	<i>M. avium</i> ssp. <i>hominissuis</i>	<i>M. avium</i> ssp. <i>avium</i>	andere
Rind	331/196	34	3	0	2
Schwein	76/73	1	50	15	1
Geflügel/Vögel	28/17	0	0	5	4
Katze, Hund	18/12	2	1	0	2
Zootiere	14/10	1	2	0	2
Neuweltkameliden	21/3	1	0	0	1
Equiden	3/2	0	1	1	0
Wechselwarme	14/8	0	0	0	4
Gesamt	567/356	39	57	21	16

Bei Blutproben von zwei Rindern wurde im Rahmen der Diagnostik ein Gamma-Interferon-Freisetzungstest durchgeführt, bei einem Tier mit positivem Ergebnis.

#### Staatliche Bekämpfungsmaßnahmen

Die Zunahme der Tuberkulose-Ausbrüche seit 2009, dem Jahr der letzten Überarbeitung der Tuberkulose-Verordnung und die ersten praktischen Erfahrungen mit dem IGRA hatten zu einer lebhaften Diskussion über die Effizienz der amtlichen Tuberkulose-Diagnostik geführt. Daher wurde die Tuberkulose-Verordnung im Jahr 2013 erneut überarbeitet. Die wesentlichste Veränderung, die die Feststellung der Tuberkulose betrifft, ist die Anordnung, dass positive und fragliche Ergebnisse des Tuberkulin-Hauttests und des Gamma-Interferon-Freisetzungstests eine diagnostische Tötung der betroffenen Tiere nach sich ziehen und ein standardisiertes Panel von elf Gewebeproben molekularbiologisch und, bei Bedarf, bakteriologisch untersucht wird. Nur durch direkten Nachweis des Erregers oder seiner DNA wird ein positiver Befund verifiziert. Damit soll ausgeschlossen werden, dass Landwirte durch fragliche oder falsch positive Ergebnisse immunologischer Tests langfristig ungegerechtfertigten Restriktionen unterworfen werden und der OTF-Status von Deutschland gefährdet

wird. Als sensitivste und verlässlichste, aber auch langwierigste Nachweismethode (Goldstandard) gilt bei der Tuberkulose nach wie vor die Isolierung und Kultivierung des Erregers im bakteriologischen Labor. Durch die neue Tuberkulose-Verordnung hat sie in der amtlichen Diagnostik wieder an Gewicht gewonnen.

#### Zoonosepotenzial

Als Erreger der klassischen Tuberkulose besitzen alle Mitglieder des MTC zoonotisches Potenzial. Sie sind zwischen Mensch und Tier sowie zwischen einzelnen Säugetierarten, unter bestimmten Bedingungen sogar auf Vögel (v. a. Psittaziden), übertragbar und können schwere Erkrankungen hervorrufen. Beim individuellen Patienten (Mensch) lässt sich eine durch *M. bovis* oder *M. caprae* verursachte Tuberkulose nicht von einer durch *M. tuberculosis* induzierten Tuberkulose unterscheiden. Allerdings manifestiert sich bovine Tuberkulose beim Menschen häufig als extrapulmonale Tuberkulose. Umgekehrt führt die Infektion mit *M. tuberculosis* beim Rind in der Regel nur zu einer lokalen Ansie-

delung des Erregers und zur Ausbildung eines Primärkomplexes ohne Ausbreitung in andere Organsysteme. Dennoch kommt es zu einer Immunokonversion, so dass das Tier im Tuberkulintest eine positive Reaktion zeigt. Zu Zeiten hoher Prävalenz der Rindertuberkulose in Deutschland, bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts, waren insgesamt etwa 13 % der humanen Tuberkulosefälle auf eine Infektion mit *M. bovis* bzw. *M. caprae* zurückzuführen, die damals noch nicht differenziert werden konnten. Dieser Wert lag über dem internationalen Durchschnitt von ca. 10 %. Übertragungsweg par excellence war der Verzehr von Rohmilch, so dass bei Kindern je nach Region eine Häufigkeit von boviner Tuberkulose von bis zu 40 % und mehr registriert wurde. Durch die Einführung der Pasterisierung der Milch und die Tilgung der Tuberkulose in den Rinderbeständen wurde die Anzahl der Fälle boviner Tuberkulose beim Menschen bis auf heute zwischen 1 % und 2 % aller Tuberkulosefälle reduziert. Im Jahr 2013 wurden 43 Fälle gezählt (persönliche Mitteilung RKI; 15.01.2014). Dabei handelt es sich wohl häufig um Reaktivierungen alter Infektionen bei Menschen in höherem Lebensalter oder Menschen mit Migrationshintergrund. Neuinfektionen sind jedoch auch heute, vor allem bei Personen mit engem Bezug zur Landwirtschaft nicht ausgeschlossen.

Weitere Infektionsquellen für den Menschen können andere Nutztierarten als das Rind, kleine Haustiere, wie Hund und Katze, oder Zootiere und Gehege-Wild, in neuerer Zeit auch Neuweltkameliden darstellen, die unerkannt infiziert in engem dauerhaftem Kontakt mit dem Menschen leben. Unter ungünstigen Bedingungen ist auch eine Übertragung von Mensch zu Mensch möglich. Je nachdem, ob es sich um die klassische Tröpfchen-Infektion oder den oralen Infektionsweg handelt, kann es eher zur Lungentuberkulose oder zu einer extrapulmonalen Manifestation kommen.

Ein Wildtierreservoir besteht im Allgäu und angrenzenden Gebieten der österreichischen Alpen, das sich durch Vorkommen von *M. caprae* vor allem bei Rotwild manifestiert. Die potenzielle wechselseitige Übertragung des Erregers zwischen Rind und Wildtier erschwert hier die nachhaltige Bekämpfung der Tuberkulose beim Rind. In anderen Regionen Deutschlands wurde *M. bovis*/*M. caprae* in der Vergangenheit bei Wildtieren nur sehr sporadisch gefunden, wohingegen Tuberkulose hervorgerufen durch *M. microti* bei karnivoren und omnivoren Wildtieren sowie Haustieren mit Zugang zur freien Natur und Zootieren mit Zugang zu Außengehegen nicht selten nachgewiesen werden kann. Bei Neuweltkameliden wurde der Erreger der Rindertuberkulose in Deutschland bisher nicht nachgewiesen.

### Forschung

Die molekulare Epidemiologie der Tuberkulose des Rindes wird mit Hilfe von Multi-Locus-Varianzanalysen der isolierten Erreger untersucht. Hierdurch können Infektionsketten bestätigt und Zusammenhänge zwischen scheinbar unabhängigen Ausbrüchen aufgeklärt werden.

Das Auftreten von Mykobakterieninfektionen bei anderen Tierarten als beim Rind (kleinen Haustieren, Tieren zoologischer Einrichtungen, Gehegewild sowie frei lebenden Wildtieren) wird wegen ihrer Bedeutung als potenzielle Infektionsquelle für den Menschen und das Rind ebenfalls untersucht. Weiterhin war das Referenzlabor an zwei kleineren nationalen Studien zur Validierung des IGRA beim Rind beteiligt bzw. hat diese durchgeführt. Im ersten Fall handelte es sich um eine Laborvergleichsstudie, bei der sich zeigte, dass zahlreiche Einflussfaktoren, wie Stelle der Blutentnahme, Transporttemperatur und Transportdauer bis zum Beginn des Testansatzes das Ergebnis wesentlich verändern können. Die zweite Studie wurde durchgeführt, um abzuklären, ob das Vorliegen von Para-

tuberkulose die Spezifität der Tuberkulin-Probe und des IGRA (BOVIGAM®) bei Milchkühen beeinflusst. In der untersuchten Tierpopulation wurde eine Spezifität des Simultantests von 99,55 % und des IGRA von 95,71 % ermittelt. Beim IGRA zeigte sich ein deutlicher Unterschied zwischen ParaTb-unverdächtigen (Sp 91,74 %) und ParaTb-positiven Tieren (Sp 100 %). Auf Grund dieser Ergebnisse lässt sich schlussfolgern, dass unter den epidemiologischen Bedingungen in Deutschland einer Infek-

tion mit *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* als Ursache für positive Ergebnisse in indirekten, auf die zelluläre Immunantwort gerichteten Testverfahren zum Nachweis der Rindertuberkulose nur eine untergeordnete Bedeutung zukommt.

Ein weiterer Schwerpunkt der Forschung liegt auf Untersuchungen zur Rindertuberkulose in Afrika, insbesondere Mosambik.



## 22. Usutu-Virus-Infektion (USUV) – Usutu virus infection

Ziegler, U., Eiden, M., Fast, C., Keller, M., Groschup, M. H.

### Summary

Usutu virus (USUV) is an arthropod-borne (arbo), single-stranded RNA virus belonging to the Japanese encephalitis virus serogroup within the family Flaviviridae. After the initial detection of USUV in German mosquitoes in August 2010, the virus has spread in the last three years and caused epizootics among wild and captive birds in southwest Germany.

The phylogenetic analyses suggest that the epizootic USUV strain has most likely spread from Austria to Germany. So far, there is hardly a decline in the number of USUV infected wild birds in 2012 noticeable compared to the previous year. Interestingly, USUV seems to have hardly spread at all as infections were found only in areas where cases had already been found in 2011.

Overwintering of the USUV in the mosquito-population could be shown.

Although USUV is considered to have an only low zoonotic potential, public health authorities in Germany should be aware of the possibility of USUV infections also in humans.

### Zusammenfassung

Das Usutu-Virus (USUV) ist ein Arbo-Virus (Abkürzung für „*arthropod borne*“), mit einzelsträngiger RNA und zugehörig zur Japan-Enzephalitis-Virus-Serogruppe in der Familie der *Flaviviridae*. Nach dem Auftreten von USUV in einem Mückenpool in Weinheim an der Bergstraße im August 2010, hat sich das Virus in den letzten drei Jahren besonders in Südwestdeutschland unter Wildvögeln weit verbreitet.

Phylogenetische Untersuchungen zeigen, dass das Virus wahrscheinlich von Österreich nach Deutschland gelangt ist.

In den Jahren 2011 und 2012 gab es zahlenmäßig annähernd gleich viele erkrankte Wildvögel. Interessanterweise scheint sich USUV kaum ausgebreitet zu haben, da die meisten Infektionen 2012 in den Gebieten gefunden wurden, wo Fälle bereits 2011 registriert wurden. Lediglich eine geringgradige Ausbreitung nordwärts in den Raum Köln/Siegen (NRW) wurde verzeichnet. Im Jahr 2013 gab es zahlenmäßig einen deutlichen Rückgang der Erkrankungszahlen bei gleichbleibendem Verbreitungsgebiet.

Ein Überwintern des Virus in der einheimischen Mückenpopulation konnte gezeigt werden.

Obwohl USUV nur ein marginales zoonotisches Potenzial zugeschrieben wird, sollten die Gesundheitsbehörden in Deutschland auch eine mögliche USUV-Erkrankung des Menschen als eine klinische Differentialdiagnose bei neurologischen Erkrankungen nicht außer Acht lassen.

### Epidemiologie/Erreger

Das USUV ist eng verwandt mit dem in Südeuropa schon länger vorkommenden West-Nil-Virus (WNV) und dem im asiatischen Raum beheimateten Japan-Enzephalitis-Virus aus der Familie der *Flaviviridae*. USUV hat seinen Ursprung in Afrika südlich der Sahara und galt lange als ein Virus mit rein afrikanischer Bedeutung. Hauptwirte sind in der Regel Vögel, obwohl in Afrika in der Vergangenheit kein USUV-assoziiertes Vogelsterben beobachtet wurde. Das Virus wird von Stechmücken (*Culex spp.* und *Aedes spp.*) übertragen und kursiert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf.

### Epidemiologie/Klinische Symptomatik

Neuere retrospektive Studien haben ergeben, dass USUV außerhalb Afrikas bereits 1996 in Italien nachgewiesen werden konnte (Weissenböck et al., 2013). Jedoch markant bleibt der Eintrag des Virus 2001 nach Österreich, wo es in den nachfolgenden Jahren im Osten des Landes zu einem massiven Vogelsterben, vorrangig bei Amseln, aber auch bei anderen Vogelspezies, führte.

Der in diesem Zusammenhang identifizierte USUV-Stamm (USUV Vienna\_2001) wurde seitdem auch in Ungarn, der Schweiz und Italien nachgewiesen. Ein weiterer davon unabhängiger Viruseintrag fand wohl in Spanien statt. Als Hauptvektor für das Virus in Europa gilt die ornithophile *Culex*-Mücke (*Culex pipiens pipiens*). Eine Vielzahl von Wildvögeln dienen als natürliche Wirte (Weissenböck et al., 2010). Kürzlich konnte auch ein Viruseintrag in Belgien bzw. Tschechien bei Wildvögeln nachgewiesen werden (Garigliany et al., 2014; Hubálek et al., 2014).

Spezifische Antikörper gegen USUV wurden bei Wildvögeln in vielen europäischen Ländern nachgewiesen, was auf eine weite Verbreitung des Erregers in Zentraleuropa hinweist.

USUV-Infektionen verlaufen bei den meisten Vögeln symptomlos, jedoch tritt bei hochempfindlichen Vogelspezies wie Amseln oder Bartkäuzen häufig auch eine deutliche klinische Symptomatik gefolgt von Todesfällen auf.

USUV wird nur ein marginales zoonotisches Potenzial zugeschrieben. In Europa traten humane Erkrankungen nur zweimal in Italien bei immunsupprimierten älteren Patienten auf. In Deutschland wurden bisher keine USUV-Erkrankungen beim Menschen bekannt, auch nicht bei immunsupprimierten Patienten. Bei einer Untersuchung von 4.200 Blutspendern im Januar 2012 wurde 1 Serum-

probe positiv auf USUV-IgG- und IgM-Antikörpern detektiert, wobei diese Person jedoch klinisch völlig gesund war (Allering et al., 2013). Kürzlich wurde jedoch gezeigt, dass 2013 in Kroatien bei neuroinvasen WNV-Erkrankungsfällen bei drei Patienten mit Meningitis bzw. Meningoenzephalitis auch USUV als ursächliches Agens identifiziert wurde (Vilibic-Cavlek et al., 2014).

### Labordiagnostische Untersuchungen/Forschung

Nach dem Auftreten von USUV in Österreich wurden auch in Deutschland verstärkt Monitoring-Studien auf das Vorkommen von zoonotischen und nicht zoonotischen Arboviren bei Vögeln und Säugetieren wie auch bei Stechmücken durchgeführt. Besonderes Interesse galt dabei WNV, welches ein höheres zoonotisches Potenzial aufweist und schon seit über 60 Jahren in den Mittelmeer-Anrainerstaaten nachgewiesen wurde.

2011 wurden bei tot aufgefundenen Amseln aus Südhessen bzw. aus dem Rhein-Neckar-Kreis USUV erstmals nachgewiesen. Dieser Nachweis von USUV in Amseln war ein Jahr später, nachdem im Rahmen eines alljährlichen Stechmücken-Screenings im Rheintal, hauptsächlich durch KABS und BNI durchgeführt, USUV bereits 2010 erstmals in Deutschland bei Stechmücken mittels qRT-PCR nachgewiesen wurde (Jöst et al. 2011).

Im Verlauf des Jahres 2011 kam es zu einem verstärkten USUV-Geschehen unter den Wildvögeln (vorrangig Schwarzvögel) mit einem Hauptepidemiegebiet im Bereich der nördlichen Oberrheinebene und in den benachbarten Gebieten der Pfalz und des Neckartales. Dieses Hauptverbreitungsgebiet wurde auch für das Jahr 2012 und 2013 festgestellt. 2011 wurden insgesamt 89 Wildvögel positiv auf USUV getestet, 2012 waren es 95 Tiere, mit einer leichten Tendenz der nördlichen Ausbreitung der Virusfunde nach Nordrhein-Westfalen

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

(Raum Köln). Im Jahr 2013 kam es zum deutlichen Rückgang der positiven Virusfunde, in nur 25 Wildvögeln wurde USUV nachgewiesen (Tab. 1, Abb.1).

Die Surveillance-Studien bei Wildvögeln sind bereits ausführlich in dem WNV-Kapitel beschrieben, gleichzeitig wurden die Bemühungen verstärkt, auch im USUV-Hauptepidemiegebiet die Untersuchungen der Wildvogelpopulationen voranzutreiben. Es bleibt anzumerken, dass zur Abklärung von Kreuzreaktionen hierbei Reagenten auch auf USUV-spezifische Antikörper untersucht wurden (Seidowski et al., 2010; Ziegler et al., 2012). Es finden sich derzeit einige vereinzelte Antikörperfunde in den einheimischen Standvögeln, aber eine Ausprägung einer Herden-Immunität, wie damals in Österreich verzeichnet, lässt sich derzeit in der einheimischen Standvogelpopulation nicht erkennen.

Der weitere Verlauf der Viruserkrankung unter den Wildvögeln bleibt abzuwarten.

### Ausblick

Es ist davon auszugehen, dass sich USUV dauerhaft in Mitteleuropa etabliert. Ein Überleben dieses Virus in Stechmücken auch bei strengen Wintern wurde für Deutschland nachgewiesen.

Bemerkenswerterweise zeigen die USUV-Stämme aus Deutschland, Österreich, der Schweiz und Ungarn auf Nukleotid-Ebene eine sehr hohe Sequenzhomologie. Deshalb ist von einer hohen genetischen Stabilität des Virus über die letzten 10 Jahre auszugehen. Zur Gesundheitsvorsorge des Menschen und zur klinischen Differentialdiagnose von neurologischen Erkrankungen sollten in Gebieten mit hoher Wildvogelmortalität auch mögliche USUV-Infektionen differentialdiagnostisch abgeklärt werden.

Die im Jahre 2011 aufgetretenen USUV-Infektionen unter Wildvögeln unterstreichen, dass sich in Deutschland neue Arboviren ausbreiten können. Deshalb werden auch in Zukunft entsprechende Monitoring-Untersuchungen vom FLI und seinen Kooperationspartnern auf das Vorkommen dieser Arboviren durchgeführt werden.

### Literatur

- Allering, L., Jöst, H., Emmerich, P., Günther, S., Lattwein, E., Schmidt, M., Seifried, E., Sambri, V., Hourfar, K., Schmidt-Chanasit, J. 2012: Detection of Usutu virus infection in a healthy blood donor from south-west Germany, 2012. Euro Surveill. 2012 Dec 13;17(50). doi:pil: 20341
- Garigliany, M. M., Marlier, D., Tenner-Racz, K., Eiden, M., Cassart, D., Gandar, F., Beer, M., Schmidt-Chanasit, J., Desmecht, D. (2014). Detection of Usutu virus in a bullfinch (*Pyrrhula pyrrhula*) and a great spotted woodpecker (*Dendrocopos major*) in north-west Europe. Vet J. 199:191-3.
- Hubálek, Z., Rudolf, I., Capek, M., Bakonyi, T., Betášová, L., Nowotny, N. (2014). Usutu Virus in Blackbirds (*Turdus merula*), Czech Republic, 2011-2012. Transbound Emerg Dis. 61:273-276.
- Jöst, H., A. Bialonski, D. Maus, V. Sambri, M. Eiden, M. Groschup, S. Günther, N. Becker, and J. Schmidt-Chanasit. 2011. Isolation of Usutu virus in Germany. Am J Trop Med Hyg 85:551-53.
- Seidowski, D., U. Ziegler, J. A. von Roenn, K. Müller, K. Hüppop, T. Müller, C. Freuling, R. U. Mühle, N. Nowotny, R.G. Ulrich, M. Niedrig, and M. H. Groschup. 2010. West Nile virus monitoring of migratory and resident birds in Germany. Vector Borne Zoonotic Dis. 10, 639-647.

- Vilibic-Cavlek, T., Kaic, B., Barbic, L., Pem-Novosel, I., Slavic-Vrzic, V., Lesnikar, V., Kurcic-Filipovic, S., Babic-Erceg, A., Listes, E., Stevanovic, V., Gjenero-Margan, I., Savini, G. (2014). First evidence of simultaneous occurrence of West Nile virus and Usutu virus neuroinvasive disease in humans in Croatia during the 2013 outbreak. *Infection*. 2014 May 5. [Epub ahead of print]
- Weissenböck, H., Bakonyi, T., Rossi, G., Mani, P., Nowotny N. 2013. Usutu virus, Italy, 1996. *Emerg Infect Dis*. 19:274-7.
- Ziegler, U., D. Seidowski, J. Angenvoort, M. Eiden, K. Müller, N. Nowotny and M. H. Groschup (2012). Monitoring of West Nile virus infections in Germany. *Zoonoses Public Health*, 59:95-101.

Tabelle 1: nachgewiesene USUV-Fälle bei Vögeln in Deutschland von 2011 bis 2013

Jahr	Anzahl USUV RNA positiver Vögel	betroffene Vogelarten (i. d. R. freilebend, in kursiv = Volierenhaltung/Zootier)	betroffene Bundesländer
2011	89	Amsel, Star, Haussperling, Eisvogel, <i>Bartkauz</i> , <i>Kanarienvogel</i>	BW, RP, HE
2012	95	Amsel, Drossel, Waldohreule, Grünspecht, Inkaseschwalbe	BW, RP, HE, NW
2013	25	Amsel, <i>Bartkauz</i> , <i>Sperbereule</i>	BW, RP, HE
<b>Gesamt</b>	<b>209</b>	Amsel, Drossel, Waldohreule, Grünspecht, Star, Haussperling, Eisvogel, <i>Bartkauz</i> , <i>Kanarienvogel</i> , <i>Inkaseschwalbe</i> , <i>Sperbereule</i>	BW, RP, HE, NW

# Tiergesundheitsjahresbericht 2013

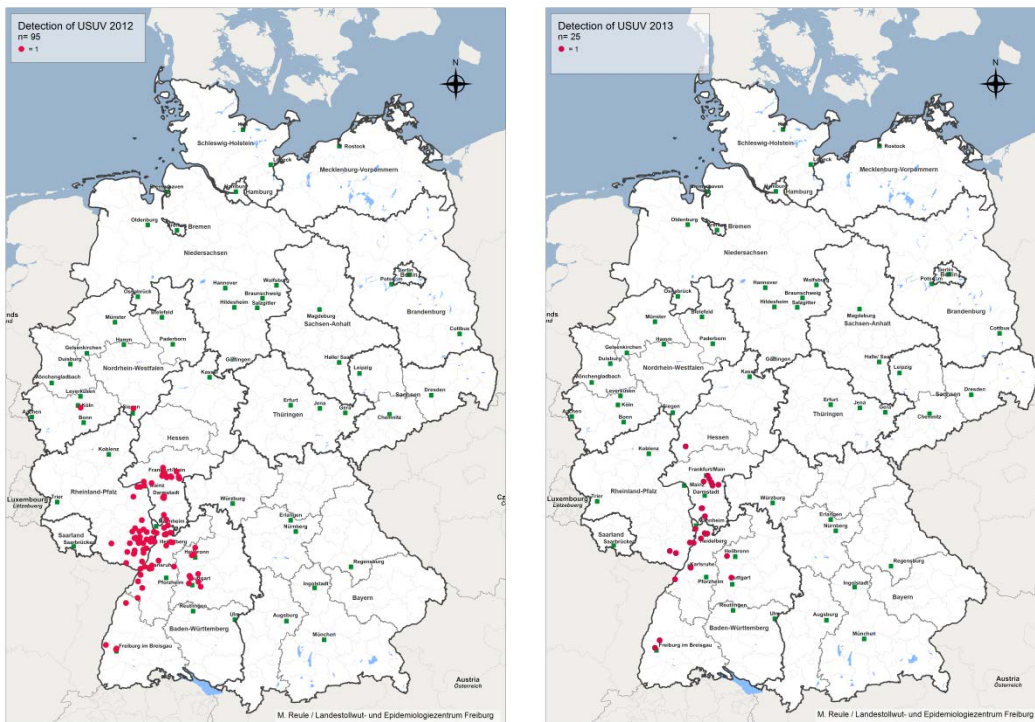


Abb. 1: Geografische Verbreitung der USUV-positiven Fälle bei den Wildvögeln in 2012 und 2013 (Dr. M. Reule, CVUA Freiburg)

## 23. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN) – Viral Hemorrhagic Septicemia and Infectious Hematopoietic Necrosis

Schütze H.

### Summary

According to EU legislation and OIE definition, Viral Haemorrhagic Septicaemia (VHS) and Infectious Haematopoietic Necrosis (IHN) are notifiable diseases. These diseases are caused by the rhabdoviruses VHS virus (VHSV) and IHN virus (IHNV), respectively. The national reference laboratory for VHS and IHN at the Institute of Infectology, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Federal Research Institute for Animal Health is responsible for the annual data collection and analysis from the diagnostic laboratories of all German federal states and reports the results to the European Community Reference Laboratory, located in Copenhagen, Denmark. These reports contain general information on aquaculture in Germany including structure and production as well as specific data on epidemiology based on diagnostics in the regional laboratories and the national reference laboratory. Salmonids, mainly rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) were produced in 4,081 farms. In 2013, 12 new VHS and 5 new IHN outbreaks in trout farms were registered by TSN. Laboratory diagnosis was conducted using accredited methods such as cell cultivation followed by identification of viral pathogens using immunofluorescence, neutralization assay and/or antigen ELISA as described in CD 2001/183/EC or in the OIE recommendations. Molecular biological diagnostic methods such as RT-PCR or real-time PCR are recently under validation. Furthermore, results obtained by RT-PCR and sequencing can be used to trace the origin of the viruses from outbreaks and therefore facilitate tracking of introduction routes and countermeasures. Possible options to control VHS and IHN outbreaks are described by EU legislation.

### Herkunft der Daten

Vom „Nationalen Referenzlabor (NRL) für die Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und die Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN)“ am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) auf der Insel Riems wird jährlich ein Bericht über den Umfang und die Struktur der Aquakultur mit Angaben zur Epizootiologie, Diagnose und Bekämpfung der VHS und IHN sowie zum Umfang und zu den Ergebnissen der Laboruntersuchungen zu virusbedingten Fischkrankheiten erarbeitet (§ 27 Tiergesundheitsgesetz, TierGesG). Die Daten für diesen Bericht werden entsprechend § 4 des TierGesG von den für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden der Bundesländer (Daten aus den Untersuchungslaboren und von den Fischgesundheitsdiensten) zugearbeitet und aus dem TierSeuchenNachrichten-System (TSN) der Bundesrepublik Deutschland (FLI, Institut für Epidemiologie, Insel Riems) entnommen. Vom Referenzlabor der EU in Kopenhagen, Dänemark, werden bei den jährlich stattfindenden Beratungen die Berichte der Mitgliedsstaaten veröffentlicht und ausgewertet. Im Folgenden wird auf das übermittelte Datenmaterial dieser Quellen zurückgegriffen. Die Angaben sind z. T. von den Erhebungen des statistischen Bundesamtes abweichend.

### Allgemeine Angaben

Laut Statistischem Bundesamt betrug der Produktionsumfang im letzten Jahr ca. 20.410 t Fisch aus dem Süßwasserbereich. 7.464 Betriebe erzeugten 12.184 t Salmoniden darunter ca. 8.333 t Forellen (Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.6, 2013).

Entsprechend den übermittelten Angaben zur EU Datenerfassung wurden im Jahr 2013 in Deutschland in 5.324 Teichwirtschaften mit Salmoniden-Haltung gemeldet. Davon wurden in 4.081 Betrieben Forellen produziert. In 15 Anlagen wurden Lachse und in 1.228 Aquakulturbetrieben andere Salmoniden, meist Saiblinge, gehalten.

Führend in der Produktion von Forellen ist das Bundesland Bayern (Tab. 1).

Tabelle 1: Anzahl der Fischhaltungsbetriebe zur Produktion von Salmoniden im Jahr 2013 in den Bundesländern (EU-Datenerfassung 2013)

Bundesland	Fischhaltungsbetriebe zur Produktion von Salmoniden	davon Betriebe zur Produktion von Forellen
Baden-Württemberg	226	139
Bayern	3.632	2.680
Brandenburg	27	18
Hessen	101	89
Mecklenburg-Vorpommern	68	46
Niedersachsen	488	409
Nordrhein-Westfalen	141	129
Rheinland-Pfalz	178	134
Sachsen	243	240
Sachsen-Anhalt	45	33
Schleswig-Holstein	75	64
Thüringen	100	100
<b>Gesamt</b>	<b>5.324</b>	<b>4.081</b>

In Deutschland handelt es sich bei den Fischhaltungsbetrieben vorrangig um kleinere bis mittlere Betriebe, die meist im Nebenerwerb bewirtschaftet werden. Nur in 57 Anlagen wurden im Jahr 2013 mehr als 100 t Speisefische produziert. In 609 Betrieben betrug der Produktionsumfang zwischen 5 und 100 t Fisch.

Virusbedingte Fischseuchen, wie die VHS, die IHN, die Koi-Herpesvirus-Infektion (KHV-I) oder die infektiöse Anämie der Lachse (ISA) können große wirtschaftliche Schäden in der Aquakultur verursachen und wurden deshalb in der EU-Richtlinie 2006/88/EG als melde- und bekämpfungspflichtige, nicht exotische Krankheiten gelistet. Als exotische Krankheiten mit Gefährdungspotential für die Fischbestände der EU ist die Epizootische Hämato-

poetische Nekrose (EHN) gelistet. Hinsichtlich der wirtschaftlichen Schäden und den notwendigen tierseuchenrechtlichen Bekämpfungsmaßnahmen sind im mitteleuropäischen Raum vor allem die VHS und die IHN relevant.

**Angaben zur Epizootiologie**

Entsprechend der EU-Datenerhebung wurden in Deutschland im Jahr 2013 insgesamt 13 VHS und 7 IHN Geschehen in den Bundesländern untersucht. Die Angaben umfassen sowohl 12 VHS- und 5 IHN-Neuaustrüche, die im Berichtszeitraum im TierSeuchenNachrichten-System registriert wurden (Tabelle 2), als auch bereits bestehende Geschehen.

Tabelle 2: VHS- und IHN-Neuaustrüche im Jahr 2013 in Deutschland (Quelle: TSN)

Bundesland	VHS	IHN
Baden-Württemberg	5	2
Bayern	5	1
Nordrhein-Westfalen	1	0
Sachsen	1	1
Sachsen-Anhalt	0	1
Gesamt	12	5

Beim Vergleich der Ausbruchsmeldungen der letzten 18 Jahre war in den Jahren 2000 und 2004 ein deutlicher Abfall bei den VHS- und IHN-Austrüchen zu verzeichnen. Dieser Trend setzte sich aber in den Folgejahren nicht fort. 2012 und 2013 ist scheinbar erneut ein Rückgang bei den VHS-Neuaustrüchen zu verzeichnen (Tabelle 3).

Tabelle 3: Anzahl der VHS- und IHN-Austrüchen in Deutschland von 1992 bis 2013 (Quelle: TSN und Erfassung FLI)

Jahr	VHS	IHN	Gesamt
1992	1) <sup>1)</sup>	2	1) <sup>1)</sup>
1993	1) <sup>1)</sup>	6	1) <sup>1)</sup>
1994	57 <sup>2)</sup>	4	61
1995	48	13	61
1996	58	13	71
1997	44	11	55
1998	48	6	54
1999	71	9	80
2000	28	6	34
2001	38	11	49
2002	59	13	62
2003	45	11	56
2004	22	7	29
2005	36	12	48
2006	35	12	47
2007	28	6	34
2008	32	6	38
2009	36	5	41
2010	24	5	29
2011	22	9	31
2012	12	6	18
2013	12	5	17

<sup>1)</sup> keine Angaben

<sup>2)</sup> eigene Erfassung (VHS wurde erst ab 1995 anzeigepflichtig und damit im TSN erfasst)



## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Die meisten Ausbrüche wurden in den Bundesländern mit einem relativ hohen Forellenbesatz, wie Baden-Württemberg und Bayern festgestellt (Tabelle 2).

Entsprechend der Fischseuchenverordnung unterliegen alle Fischhaltungsbetriebe, in denen eine genehmigungspflichtige Tätigkeit (gemäß § 3 Fischseuchenverordnung) ausgeübt wird, einer risikobasierten Überwachung in Bezug auf die Einschleppung und die Übertragung von Seuchenerregern.

Maßnahmen der EU zur Bekämpfung und Verhinderung der VHS und IHN Ausbreitung sind u. a. die Einstufung der Teichwirtschaften entsprechend ihres Gesundheitsstatus sowie die Schaffung anerkannter seuchenfreier Aquakulturbetriebe bzw. Kompartimente, Zonen oder Länder. Ziel ist es, den Gesundheitsstatus der Fische durch das Inverkehrbringen von Tieren aus Aquakultur und deren Erzeugnisse zu schützen.

Die Zuordnung der Teichwirtschaften erfolgt in eine von fünf Kategorien:

- Kategorie I: als seuchenfrei erklärt,
- Kategorie II: unterliegt einem genehmigten Überwachungsprogramm, um den Seuchenfreiheitsstatus (Kategorie I) zu erreichen,
- Kategorie III: Infektionen sind nicht bekannt, der Betrieb unterliegt aber keinem genehmigten Überwachungsprogramm,
- Kategorie IV: Infektionen sind bekannt, die Betriebe unterliegen aber einem genehmigten Tilgungsprogramm,
- Kategorie V: Infektionen sind bekannt, es werden aber nur die festgelegten Mindestvorschriften zur Bekämpfung von Fischseuchen realisiert.

Die Kategorisierung dient in erster Linie der Feststellung der Kontrollhäufigkeit und der Festlegung der möglichen Lebendfischbewegungen. Fische dürfen zum Zwecke des Besatzes grundsätzlich nur in Betriebe derselben Kategorie oder einer Kategorie mit schlechterem Tierseuchenhygienestatus (höhere Kategorie-Nr.) verbracht werden. Kategorie IV- und Kategorie II-Betriebe dürfen Fische allerdings ausschließlich aus Kategorie I-Betrieben zukaufen.

In der vorausgehenden Richtlinie 91/67/EWG wurden amtlich anerkannt frei von der Fischseuche erklärte Aquakulturen als „Zugelassene Fischhaltungsbetriebe und Gebiete“ bezeichnet. In der aktuellen Richtlinie 2006/88/EG werden die Begriffe „seuchenfreie Kompartimente und Zonen“ verwendet. In der Fischseuchenverordnung wurde die Bezeichnung „Schutzgebiete“ analog zum Tierseuchengesetz für Deutschland eingeführt. Die Bekanntmachung der zugelassenen Schutzgebiete (Zonen und Kompartimente) in Deutschland, die amtlich anerkannt frei von IHN bzw. VHS sind, erfolgt durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und wird regelmäßig im Bundesanzeiger veröffentlicht.

Tabelle 4 fasst die Anzahl der in Deutschland registrierten Teichwirtschaften entsprechend ihres Gesundheitsstatus im Vergleich zum Vorjahr zusammen. 2013 waren 149 VHS-freie bzw. 145 IHN-freie Fischhaltungsbetriebe mit empfänglichen Arten gemäß Teil 2 Anhang IV der EU-Richtlinie 2006/88/EG in der Kategorie I registriert. In der Kategorie II werden Betriebe erfasst, die nicht für seuchenfrei erklärt wurden, die aber einem Überwachungsprogramm zur Erreichung des Seuchenfreiheits-Status unterliegen. 13 Betriebe wurden im Rahmen eines genehmigten Überwachungsprogramms zur Erreichung der VHS-Freiheit untersucht. Ferner werden 12 Betriebe zur Erlangung

der IHN-Freiheit gezielt untersucht. Aquakulturanlagen, in denen keine Infektionen mit VHSV oder IHNV bekannt sind, die aber keinem Überwachungsprogramm zur Erreichung der Seuchenfreiheit unterliegen, werden als Kategorie III-Betriebe eingestuft. In Deutschland wurden 8.465 Fischhaltungsbetriebe unter Berücksichtigung der VHS-Situation und 4.982 Betriebe bezüglich der IHN dieser Kategorie zugeordnet. Die scheinbar gestiegene Anzahl der Kategorie III Betriebe ist auf die nahezu abgeschlossene Erfassung der Teichwirtschaften im Jahr 2013 zurückzuführen. Genehmigte Programme zur Tilgung der IHN bzw. VHS (Kategorie IV) wurden 2013 nicht realisiert. In Betrieben der Kategorie V sind Infektionen bekannt, es werden aber nur die festgelegten Mindestmaßnahmen zur Bekämpfung durchgeführt.

Tabelle 4: Anzahl der Teichwirtschaften je Kategorie in Deutschland

Kategorie	VHS		IHN	
	2012	2013	2012	2013
I	155	149	153	145
II	18	13	15	12
III	1.727	8.465	1.705	4.982
IV	1	0	0	0
V	9	5	5	11

In Deutschland sind nach der Fischseuchenverordnung alle Fischhaltungsbetriebe, die nicht einer Genehmigung bedürfen, registrierungspflichtig, sofern sie in den Geltungsbereich dieser Verordnung fallen. Nach Prüfung der erforderlichen Betriebsunterlagen wird eine Genehmigung auf Antrag des Betreibers erteilt, wenn:

- sichergestellt ist, dass durch geeignete Maßnahmen keine Seuchenerreger übertragen werden können,
- die Untersuchungspflicht ordnungsgemäß erfüllt wird,

- die Meldung erhöhter Mortalität an die zuständige Behörde ggf. realisiert wird,
- eine ordnungsgemäße Buchführung mit Dokumentation aller erforderlichen Angaben erfolgt und
- bei Verarbeitungsbetrieben eine Abwasserentkeimung vorhanden ist.

Bestimmte Betriebe bedürfen lediglich der Registrierung. Darunter fallen

- Anlagen, in denen Fische gehalten werden, die nicht in den Verkehr gebracht werden (z. B. wissenschaftliche Einrichtungen, Zoos),
- alle Angelteiche (Teiche oder sonstige Anlagen, in denen die Population ausschließlich für die Angelfischerei durch Wiederaufstockung mit Aquakulturtieren erhalten wird; keine Angelteiche im Sinne der Fischseuchenverordnung sind Teiche oder Baggerseen, bei denen der Besatz zur Erfüllung der Hegepflicht oder ergänzend zum sich selbst reproduzierenden Fischbestand erfolgt) sowie
- Aquakulturbetriebe, die direkt kleine Mengen ausschließlich für den menschlichen Verzehr an den Endverbraucher oder an örtliche Einzelhandelsunternehmen, die diese Erzeugnisse direkt an den Endverbraucher abgeben (kein Zwischenhandel, kein Großhandel).

In der Richtlinie 2006/88/EG wird unterschieden zwischen passiver (nur Meldung des Auftretens und des Verdachts) und aktiver Überwachung, die Routinekontrollen, klinische Untersuchungen, Probenahmen bei Verdacht sowie auch die Meldung des Verdachts und des Auftretens beinhalten. Im Rahmen der amtlichen Überwachung erfolgen gegebenenfalls zusätzlich eine verbindliche Probenentnahme bei Fischen sowie die Untersuchung dieser Proben auf spezifische Krankheitserreger nach vorgegebenen Methoden.

Im Falle der VHS und IHN ist eine gezielte Überwachung für Bestände der Kategorie I, d. h., in Deutschland für Betriebe mit Schutzgebietsstatus vorgeschrieben. Trotzdem wird auch für andere Betriebe eine routinemäßige Entnahme von Proben zur Laboruntersuchung empfohlen.

Bei amtlicher Feststellung der IHN oder VHS in einem Aquakulturbetrieb sind Maßnahmen zur Vermeidung der Verschleppung, wie Bestandssperre, Tötung seuchenkranker oder seuchenverdächtiger Fische sowie ein Sperr- und Beobachtungsgebiet um das Seuchenobjekt festzulegen. Die "Stamping-out"-Methode mit kompromissloser Räumung und Desinfektion der Anlage wird nicht immer konsequent durchgeführt. Ursachen für Reinfektionen nach Räumung der Bestände sind meist eine unvollständige Erregereliminierung durch mangelhafte Desinfektion, Verbleib infizierter Fische in der Anlage, Neubesatz mit nicht oder unsachgemäß untersuchten, infizierten Fischen oder bei VHS eine Übertragung durch Wildfische.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Die Bekämpfung der VHS und IHN inklusive der anzuwendenden Methoden für die Diagnostik ist in Deutschland unter anderem in der Fischseuchenverordnung geregelt, die auf den entsprechenden unionsrechtlichen Maßgaben basiert. Mit der Entscheidung 2001/183/EG wurden die Diagnoseverfahren zur Erkennung und zum Nachweis bestimmter Fischseuchen, darunter die VHS und IHN, festgelegt. Dabei sind die anzuwendenden Methoden zum Nachweis der beiden genannten Fischseuchen identisch.

Auf der Grundlage dieser Entscheidung wurde die Anleitung für die Diagnostik der IHN und VHS in der „Amtlichen Methodensammlung“ erarbeitet. Eine Anleitung zur Diagnose dieser beiden Fischseuchen und weiterer, gegebenenfalls differentialdiagnos-

tisch abzugrenzender Fischkrankheiten ist auch in der aktuellen Ausgabe des "Aquatic Animal Health Code and Manual of Diagnostic Tests for Aquatic Animals" des OIE zu finden.

Der "Draft COMMISSION DECISION of Diagnostic Manual for certain aquatic animal diseases (SANCO/6084/2009)" ist bisher nicht bestätigt. Gegenwärtig liegt der „Draft COMMISSION DECISION of implementing Directive 2006/88/EC as regards requirements for surveillance and diagnostic methods (SANCO/6084/2009 rev4)" den Mitgliedsländern der EU zur Begutachtung vor. Beide Dokumente enthalten zusätzlich oder alternativ zur Zellkultur den Genom-Nachweis mit molekularbiologischen Methoden (RT-PCR und Sequenzidentifizierung) zum Nachweis von VHSV und IHNV.

Nach der Fischseuchenverordnung unterliegen Fischhaltungsbetriebe, in denen eine genehmigungspflichtige Tätigkeit (gemäß § 3 Fischseuchenverordnung) ausgeübt wird, einer risikobasierten Überwachung in Bezug auf die Einschleppung und die Übertragung von Seuchenerregern. Der Fischbestand wird dabei entsprechend seiner Einstufung in die verschiedenen Kategorien „passiv“, „aktiv“ (Probenahme bei Verdacht) oder „gezielt“ (verbindliche Entnahme von Proben und virologische Untersuchung) durch die zuständige Behörde oder einen von dieser beauftragten qualifizierten Dienst überwacht.

Bei erhöhten Fischverlusten, die nicht eindeutig auf Haltungsbedingungen oder Transportbedingungen zurückzuführen sind, besteht die Pflicht des Betreibers des Aquakulturbetriebes bzw. der für die Fische verantwortlichen Personen, die zuständige Behörde unverzüglich davon zu unterrichten. Der Betreiber eines Aquakulturbetriebs hat über Zu- und Abgänge, Herkunftsbetrieb oder Empfänger von Fischen, Untersuchungsergebnisse und erhöhte Sterblichkeit Buch zu führen.

In den Untersuchungsämtern der Länder werden die entnommenen Proben virologisch untersucht. Diese Untersuchungen dienen dem Nachweis der Freiheit der Fischbestände von diesen Krankheitserregern sowie der Überwachung der Seuchenfreiheit. Bei Ausbruch oder Verdacht einer VHS- bzw. IHN-Infektion müssen Untersuchungen zur Isolierung und Identifizierung der Viren durchgeführt werden.

Im Jahr 2013 wurden in den Diagnostik-Laboratorien aller Bundesländer einschließlich den NRL des FLI insgesamt 2.775 Pools aus Organproben von Fischen entsprechend der Entscheidung 2001/183/EG bzw. der Fischseuchenverordnung unter Verwendung vorgeschriebener Fisch-Zelllinien untersucht (EU-Datenerfassung). Das Probenmaterial wurde auf Zellkulturen passagiert und auf Vorhandensein viraler Erreger überprüft. In 62 Proben konnte VHSV und in 41 Proben IHNV nachgewiesen und damit Neuausbrüche oder eine bestehende Verseuchung bestätigt werden.

Nach Erregerisolierung in Fisch-Zellkulturen hat der Nachweis von VHSV und IHNV mit folgenden Methoden zu erfolgen:

- Neutralisationstest (NT) mit spezifischen Antisera oder monoklonalen Antikörpern (mAk),
- direkter oder indirekter Immunfluoreszenztest (IFT) oder
- Enzymimmuntest (ELISA).

Nach unseren bisherigen Umfragen wurden in den meisten Untersuchungslaboren der Länder der IFT, selten der ELISA und der NT zur Identifizierung von VHSV und IHNV eingesetzt.

Die Reverse Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion (RT-PCR) zum Nachweis von VHSV- und IHNV-Genom wurde durch das EU-Referenzlabor validiert und soll als weitere Methode zum Nachweis von VHSV und IHNV in der EU zugelassen werden. Ergänzend zu den in der EU-Gesetzgebung gegenwärtig

vorgeschriebenen Nachweismethoden wurden zur Bestätigung der Befunde am NRL die RT-PCR sowie die nested PCR mit Sequenzanalyse eingesetzt. In zahlreichen Untersuchungseinrichtungen der Länder sind die qualitative RT-PCR und die quantitative RT-PCR (real-time RT-PCR) zum Nachweis von IHNV- und VHSV-Genom etabliert. In 52 Proben wurde VHSV und in 40 IHNV mittels RT-PCR nachgewiesen.

Das NRL für VHS bzw. IHN des FLI koordiniert die Diagnose von Fischseuchen auf der Grundlage der EU- und nationalen Gesetzgebung.

### Molekulare Epidemiologie

Auf Grundlage der Richtlinie 2006/88/EG wurden zur Aufklärung der IHN bzw. VHS Krankheitsgeschehen entsprechende epidemiologische Nachforschungen eingeleitet. Die Untersuchungen zur Ermittlung der Verbreitungs- und Einschleppungswege der Erreger wurden durch die genetische Charakterisierung der Isolate unterstützt.

Im Jahr 2013 wurden insgesamt 13 VHSV-Isolate und 7 IHNV-Isolate aus Deutschland genetisch charakterisiert. Für diese Analysen wurde die vollständige Sequenz des Glykoprotein-Gens der Erreger identifiziert und mit vorhandenen Daten aus der internationalen und nationalen Datenbank verglichen.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Von den 12 registrierten VHS Neuausbrüchen (Abb. 1) wurden Erreger von 8 Geschehen untersucht.

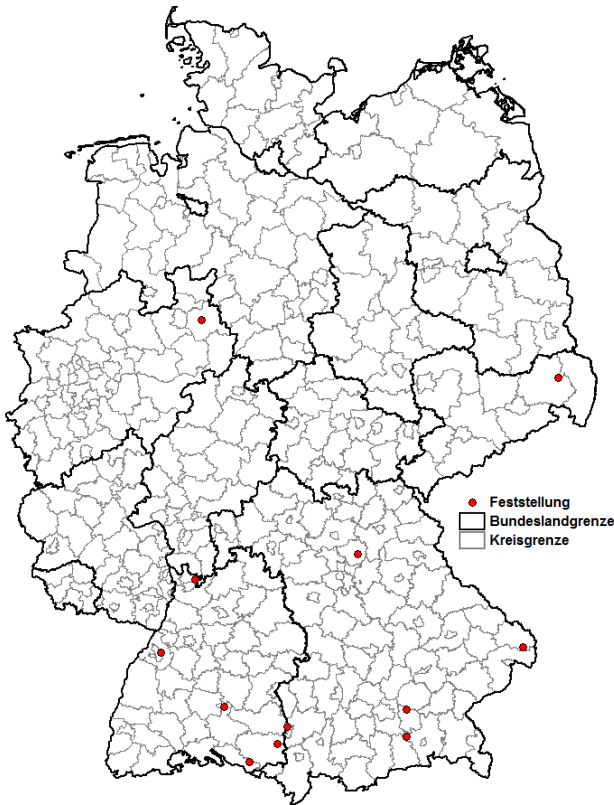


Abb. 1: Im Jahr 2013 gemeldete VHS-Ausbrüche (Quelle: TSN)

Alle VHSV-Isolate sind dem Genotyp Ia zuzuordnen. Die genetischen Analysen der VHSV-Isolate geben Hinweise auf die Verbreitungswege der Erreger innerhalb Deutschlands und möglicherweise Europas. Im April 2013 wurden VHS Geschehen in Bayern und Baden-Württemberg gemeldet. In der Nähe des ersten VHS Ausbruches in Bayern wurde ein sogenannter „Fremdfisch“ in anliegenden Gewässern gefunden, aus dem ebenfalls der Erreger isoliert wurde. Zwei weitere Ausbrüche folgten in Baden-Württemberg. Die genetischen Untersuchungen zeigten, dass die Isolate im Glykoprotein Gen identisch sind. Es ist zu vermuten, dass diese VHS Fälle in einem engen epidemiologischen Zusammenhang stehen. Die Isolate unterscheiden sich nur in drei

Nukleotiden von VHSV, isoliert in Sachsen-Anhalt im Jahr 2012 und der Schweiz im Jahr 2010.

Ein weiteres VHS Geschehen in Bayern wurde von einem Isolat verursacht, das mit einem Nukleotid-austausch im G-Gen eine enge genetische Verwandtschaft zu einem VHSV Isolat aus Sachsen-Anhalt des Jahres 2012 aufweist. Ein epidemiologischer Zusammenhang könnte aber auch zu Ausbrüchen der Jahre 2011 und 2012 in Bayern bestehen, da sich die entsprechenden Isolate nur in drei Nukleotiden innerhalb des analysierten Bereiches unterscheiden.

Der im Oktober 2013 gemeldete VHS Ausbruch in Baden-Württemberg könnte basierend auf den ermittelten genetischen Verwandtschaften in epidemiologischen Zusammenhang stehen mit Isolaten aus Sachsen-Anhalt (2008), Sachsen (2009), Baden-Württemberg (2011), Bayern (2012) und Italien (2011).

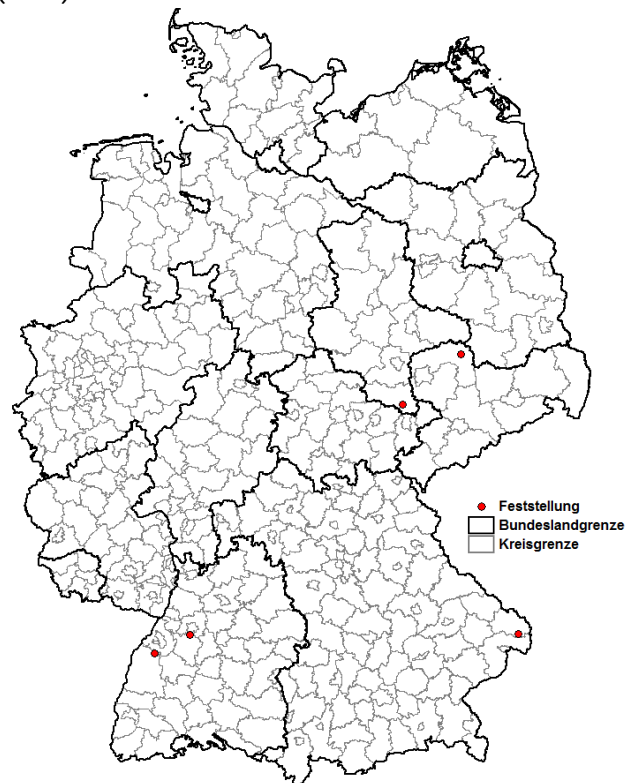


Abb. 2: Im Jahr 2013 gemeldete IHN-Ausbrüche (Quelle: TSN)

Zur Unterstützung epidemiologischer Nachforschungen wurden die Isolate aller IHN Neuausbrüche molekularbiologisch analysiert (Abb. 2). Alle in Deutschland charakterisierten IHNV Isolate sind dem Genotyp Europa zuzuordnen.

In den letzten Jahren wurden am FLI zunehmend Isolate von VHS und IHN Ausbrüchen in Deutschland genetisch charakterisiert. Die entsprechenden Sequenzen wurden in der FLI-Datenbank erfasst. Das FLI ist auch an einer flächendeckenden Erfassung von Isolaten aus Europa interessiert. So wurden Isolate aus Belgien und der Schweiz genetisch charakterisiert. Ein Abgleich mit internationalen Datenbanken (EU, NCBI) erfolgt regelmäßig. Bislang wurde die Sequenz des vollständigen G-Gens von über 800 VHSV und 220 IHNV Isolaten in der FLI Datenbank erfasst. Ein Überblick über registrierte VHS und IHN Ausbrüche in Europa (Quelle: OIE) und die entsprechend verfügbaren genetischen Daten der Erreger ist in den Tabellen 5 und 6 dargestellt.

Zur Aufklärung von Verbreitungswegen innerhalb Europas ist eine umfassende und vor allem zeitnahe Analyse von IHN und VHS Erreger aktueller Ausbrüche erforderlich. Auf Grund der zentralen geographischen Lage Deutschlands sind Sequenzinformation von Isolaten aus Österreich, Frankreich, Tschechien und Polen von besonderem Interesse.

#### Gefährdung des Menschen

Eine Übertragung des VHSV und IHNV auf Warmblüter erscheint nicht möglich. Die Viren vermehren sich ausschließlich in Kaltwasser-Fischen. Die optimale Vermehrungstemperatur für die Erreger liegt *in vitro* bei etwa 15 °C. Eine Adaptation an höhere Temperaturen ist nur bis etwa 25 °C erreichbar. Bei 37 °C erfolgt keine ausreichende Virusvermehrung.

Besondere Maßnahmen zum Verbraucherschutz sind nach derzeitigem wissenschaftlichem Kenntnisstand nicht erforderlich.

Tabelle 5: Registrierte VHS Neuausbrüche in Europa von 2005 bis 2013

Jahr	AT	BE	BG	CH	CZ	DE	DK	EE	FI	FR	GB	IT	NL	NO	PL	RU	SE	SI	SK	TR
2005		X				X <sup>3</sup>	X <sup>1</sup>		X <sup>1</sup>	X <sup>1</sup>		X <sup>2</sup>	X		X <sup>1</sup>					
2006	X	X		X <sup>3</sup>		X <sup>3</sup>	X <sup>1</sup>		X <sup>1</sup>		X <sup>1</sup>	X <sup>2</sup>			X <sup>1</sup>	X				X
2007	X	X	X	X <sup>3</sup>	X	X <sup>3</sup>	X <sup>1</sup>		X	X <sup>1</sup>	X	X <sup>2</sup>		X <sup>1</sup>	X <sup>1</sup>	X	X <sup>1</sup>	X <sup>1</sup>		X
2008	X	X	X	X <sup>3</sup>	X	X <sup>3</sup>	X <sup>1</sup>		X	X	X	X <sup>2</sup>		X <sup>1</sup>	X <sup>1</sup>			X	X	
2009	X	X		X <sup>3</sup>	X	X <sup>3</sup>	X <sup>1</sup>		X	X <sup>1</sup>		X <sup>2</sup>		X <sup>1</sup>	X			X	X	
2010	X	X		X <sup>3</sup>	X	X <sup>3</sup>			X	X		X <sup>2</sup>			X			X	X	
2011	X				X	X <sup>3</sup>		X	X			X <sup>2</sup>	X <sup>3</sup>		X				X	
2012	X	X		X <sup>3</sup>		X <sup>3</sup>			X	X <sup>1</sup>	X	X <sup>2</sup>			X					
2013	X				X	X <sup>3</sup>				X	X				X					

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tabelle 6: Registrierte IHN Neuausbrüche in Europa von 2005 bis 2013

Jahr	AT	CH	HR	CZ	DE	ES	FR	IT	NL	PL	RU
2005					X <sup>3</sup>	X	X	X <sup>1</sup>			
2006				X	X <sup>3</sup>		X <sup>1</sup>	X <sup>1</sup>			
2007	X			X	X <sup>3</sup>		X <sup>1</sup>	X <sup>2</sup>			
2008					X <sup>3</sup>		X	X <sup>2</sup>	X <sup>3</sup>	X	
2009	X				X <sup>3</sup>				X <sup>3</sup>	X	X
2010	X			X	X <sup>3</sup>		X	X <sup>2</sup>		X	
2011	X			X	X <sup>3</sup>		X	X <sup>2</sup>	X <sup>3</sup>	X	
2012	X	X <sup>3</sup>			X <sup>3</sup>			X <sup>2</sup>		X	
2013	X	X <sup>3</sup>	X		X <sup>3</sup>			X <sup>2</sup>		X	

Zu Tabelle 5 und 6

X: gemeldete Ausbrüche, G-Gen Sequenz verfügbar 1: NCBI, EU 2: IZSve (IT), 3: FLI (DE)

AT: Österreich, BE: Belgien, BG: Bulgarien, CH: Schweiz, HR: Kroatien, CZ: Tschechien, DE: Deutschland, DK: Dänemark, EE: Estland, ES: Spanien, FI: Finnland, FR: Frankreich, GB: Großbritannien, IT: Italien, NL: Niederlande, NO: Norwegen, PL: Polen, RU: Russland, SE: Schweden, SI: Slovenien, SK: Slowakei, TR: Türkei.

## 24. West-Nil-Virus-Infektion (WNV)- West Nile virus infection

Ziegler, U., Keller, M., Eiden, M., Fast, C., Groschup, M. H.

### Summary

West Nile virus (WNV) is a mosquito-borne viral pathogen of global importance and is considered to be the most widespread flavivirus in the world.

WNV is maintained in an enzootic cycle between ornithophilic mosquitoes, mainly of the *Culex* genus, and certain wild bird species. Other bird species such as ravens, jays and raptors are highly susceptible to the infection and may develop fatal encephalitis, while other bird species only go through subclinical infection. Humans and horses are dead-end-hosts and can develop disease post infection, ranging from mild febrile illness (West Nile fever) to encephalitis with fatal outcome. West Nile virus infections in birds and horses are notifiable diseases in Germany. Germany is officially free from West-Nile-virus infections in wild and domestic birds as well as in horses. As in previous years neither WNV cases nor endogenous infections were found in horses and wild birds despite of an extensive national surveillance program.

### Zusammenfassung

Das West-Nil Virus (WNV) ist ein von Mücken übertragendes virales Pathogen mit weltweiter Bedeutung und eines der am meisten verbreiteten Flaviviren überhaupt. WNV wird hauptsächlich in einem enzootischen Zyklus zwischen ornithophilen Mücken, hauptsächlich Stechmücken der Gattung *Culex*, und bestimmten Wildvogelarten aufrechterhalten. Andere Vogelarten wie z. B. Raben, Eichelhäher und Greifvögel sind besonders empfänglich für eine WNV-Infektion und können bis hin zu tödlichen Enzephalitiden entwickeln, während andere Vogelarten nur subklinische Infektionen durchlaufen. Menschen und Pferde sind sog. Fehl-

wirte („dead-end-hosts“) der Erkrankung und können milde fieberhafte Symptome (sog. „West-Nil-Fieber“) bis hin zu schweren Gehirnentzündungen mit dem tödlichen Ausgang entwickeln.

Die WNV-Infektion von Vogel und Pferd ist eine anzeigenpflichtige Tierseuche in Deutschland. Bisher gilt Deutschland offiziell als WNV frei. Denn in umfassenden nationalen Überwachungsprogrammen wurden in den letzten Jahren WNV-Erkrankungsfälle weder in Pferden oder Wildvögeln in Deutschland nachgewiesen.

### Epidemiologie/Erreger

Den Namen erhielt das Virus nach seinem erstmaligen Isolierungsort 1937 im West-Nil-Distrikt in Uganda/Afrika. Das West-Nil-Virus gehört zur Familie der *Flaviviridae*, zu der auch eine große Zahl anderer für den Menschen gefährlicher Krankheitserreger zählen: z. B. Gelbfieberevirus, Denguevirus Typ 1-4, Japan-Enzephalitis-Virus, St. Louis-Enzephalitis-Virus, Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus (FSME-Virus) sowie Hepatitis-C-Virus.

Das Virus wird durch Insekten (blutsaugende Mücken) übertragen, zirkuliert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf (Abbildung 1) und wird somit zu den Arbo-Viren (Abkürzung für „arthropod-borne“) gezählt.

### Epidemiologie/Klinische Symptomatik

Bei **Vögeln** bleibt eine Infektion mit WNV in den meisten Fällen symptomlos. Eine Reihe von Vogelarten ist jedoch sehr empfänglich für WNV, so dass es zu massiven Epidemien mit Todesfällen kommt. Hierbei sind besonders Sperlingsvögel (*Passeriformes*), darunter vor allem die Rabenvögel (*Corvidae*), aber auch einige Greifvogelarten aus



der Ordnung der Falconiformes zu nennen. Auch bei Wirtschaftsgeflügel kommt es immer wieder zu neurologischen Erkrankungen die häufig tödlich enden (Israel 1997-2000, Ungarn 2003, USA 2005, Kanada 2007).

Die Mehrzahl der Pferde, die mit WNV infiziert werden, entwickeln ähnlich dem Menschen keinerlei klinische Symptomatik. Einige Tiere hingegen reagieren jedoch mit deutlichen zentralnervösen Ausfallerscheinungen aufgrund von Meningitiden oder Enzephalitiden. Zu den klinisch auffälligen zentralnervösen Störungen zählen Stolpern, Nachhandlähmungen, Ataxien, allgemeine Schwäche, Muskelzittern (Tremor) und Lähmungen bis zum Festliegen der Tiere. Die erkrankten Pferde zeigen seltener fiebrige Allgemeinerkrankungen, diese treten nur in ungefähr einem Viertel der infizierten Fälle auf. Pferde mit klinischen Anzeichen können die Infektion zwar überleben, behalten aber oft lebenslang neurologische Schäden zurück. Eine spezifische Behandlungsmöglichkeit existiert nicht, nur eine symptomatische Therapie ist möglich. Bei bis zu 40 Prozent der infizierten Tiere kann die Erkrankung tödlich verlaufen.

Die Infektion beim Menschen verläuft bei 80 Prozent der Infizierten ohne Symptome. Nur etwa 20 Prozent der Infizierten zeigen leichte Krankheitssymptome, wie Fieber und grippeähnliche Erscheinungen. Diese Erkrankungsform wird deshalb auch als „West-Nil-Fieber“ bezeichnet und gilt als klassischer Verlauf der Krankheit. In weniger als einem Prozent der Fälle kann allerdings auch ein schwerer, hoch fiebriger Krankheitsverlauf mit Meningitis oder Enzephalitis auftreten, der zu bleibenden neurologischen Schädigungen führen kann und in seltenen Fällen tödlich endet.

**Labordiagnostische Untersuchungen/Forschung**

Die seit 2007 am FLI durchgeführten virologischen (qRT-PCR, PanFlavi-PCR, Eiden et al., 2010) und serologischen Untersuchungen von Wildvögeln auf das Vorkommen von WNV wurden in den letzten 2 Jahren auch verstärkt auf die südlichen Bundesländer ausgedehnt. Es konnten seit 2011 bisher über 900 Wildvögel untersucht werden und zur Abklärung von serologischen Kreuzreaktionen wurden hierbei Reagenten auch auf Usutu-Virus-spezifische Antikörper untersucht (Ziegler et al., 2012).

Weiterhin wurden von 2010 bis 2012 über 5.000 Pferdeseren im Rahmen der EIA-Surveillance serologisch auch auf das Vorkommen von WNV-Antikörpern untersucht. Hierbei hat sich besonders gezeigt, dass das Vorkommen von FSME-Virus-Antikörpern bei Pferden falsch positive WNV-ELISA Ergebnisse verursachen können (Ziegler et al. 2013; Klaus et al., 2014).

Gleichzeitig werden seit 2009 (Kooperation von BNI, KABS, FLI, ZALF) verstärkt in Deutschland vorkommende Stechmücken auf zoonotische Arboviren mittels verschiedener qRT-PCR-Verfahren untersucht.

Tabelle 1: Zugelassene ELISAs für die Serologie

Methode	Untersuchungsmaterial
IgG-ELISA (ID Screen® West Nile Competition-ID-VET)	Serum von Pferd, Hühnern, Enten und Gänsen
IgM-ELISA (West-Nile-Virus IgM Antikörper Testkit - IDEXX)	Serum vom Pferd

Besonders im Rahmen des Seuchengeschehens in den USA wurden verschiedene Impfstoffe für Pferde entwickelt. In Deutschland sind für Pferde ein inaktivierter Vollvirusimpfstoff sowie ein rekombinanter Lebendimpfstoff, zugelassen durch die EU, verfügbar.

### Ausblick

In allen durchgeführten WNV-Studien bei Vögeln und Pferden ergab sich kein Hinweis auf eine derzeit vorkommende WNV-Infektion in Deutschland. Die nachgewiesenen WNV-Antikörper bei den Wildvögeln stammen ausnahmslos von Zugvögeln (überwiegend Mittel- bis Langstreckenzieher) mit mutmaßlichem Kontakt zum Virus im Überwinterungsgebiet. Die nachgewiesenen WNV-Antikörper bei den Pferden stammen vorrangig von nachweislich geimpften Tieren. Bei den wenigen ungeimpften Pferden mit WNV-Antikörpern handelte es sich um nachweisliche oder vermutliche Importe aus Endemiegebieten.

Die Untersuchung der Stechmücken seit 2009 ergab bisher auch keinen Hinweis auf das Vorkommen von WNV in Deutschland. Das systematische Monitoring von Stechmücken der letzten Jahre aber hat den Nachweis von drei Arboviren erbracht, die vormals nie in Deutschland nachgewiesen werden konnten (Sindbis-Virus, Batai-Virus, Usutu-Virus). Alle drei Viren wurden nicht nur in einem Jahr nachgewiesen, sondern wiederholt, so dass von einer erfolgreichen Etablierung dieser Erreger ausgegangen werden muss. Bisher sind diese neuen Ereignisse noch ohne sichtbare medizinische Konsequenzen abgelaufen und ihre Bedeutung wird derzeit (noch) als gering eingeschätzt. Veterinärmedizinisch hat das Usutu-Virus seit dem Jahr 2011 aber zu einer erhöhten Mortalität bei Wildvögeln, v. a. Amseln geführt.

Das WNV hat sich in den letzten 3 Jahren besonders stark nach Süd- und Südosteuropa ausgedehnt. Es ist davon auszugehen, dass auch in Zukunft neue Erreger nach Deutschland drängen werden. Um sowohl die Eintragspfoten und -wege zu erkennen als auch die möglichen Konsequenzen für Mensch und Tier besser abschätzen zu können, sollte die Forschung in den Gebieten der medizinischen Entomologie sowie einer langfristig angelegten WNV-Überwachung nachhaltig gefördert werden.

### Rechtsvorschriften

Bisher gibt es keine WNV-Verordnung für Deutschland.

### Literatur

- Angenvoort J, Fischer D, Fast C, Ziegler U, Eiden M, Lierz M, Groschup MH (2014). Limited efficacy of West Nile virus vaccines in falcons. *Vet Res.* 2014;45:41.
- Berxholi K, Ziegler U, Rexhepi A, Schmidt K, Mertens M, Korro K, Cuko A, Joke Angenvoort J, Groschup MH (2013). Indigenous West Nile virus infection in horses in Albania. *Transbound Emerg Dis.* 2013, 60:45-50. doi: 10.1111/tbed.12141.
- Eiden M, Vina-Rodriguez A, Hoffmann B, Ziegler U, Groschup MH (2010). Two new real-time quantitative reverse transcription polymerase chain reaction assays with unique target sites for the specific and sensitive detection of lineages 1 and 2 West Nile virus strains. *J. Vet. Diagn. Invest.* 2010, 22, 748-753.
- Klaus C, Ziegler U, Kalthoff D, Hoffmann B, Beer M (2014). Tick-borne encephalitis virus (TBEV) - findings on cross reactivity and longevity of TBEV antibodies in animal sera. *BMC Vet Res.* 2014;10:78. doi: 10.1186/1746-6148-10-78.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

- Pfeffer M, Schmidt-Chanasit J, Ziegler U, Dobler G, Vahlenkamp T (2013). Stechmückenübertragene Viren in Deutschland. Eine aktuelle Bestandsaufnahme. Rundschau für Fleischhygiene und Lebensmittelüberwachung 1/2013, 1-4.
- Ziegler U, D. Seidowski, J. Angenwoort, M. Eiden, K. Müller, N. Nowotny and M. H. Groschup (2012). Monitoring of West Nile virus infections in Germany. Zoonoses Public Health, 59:95-101.
- Ziegler U, Angenwoort J, Klaus C, Nagel-Kohl U, Sauerwald C, Thalheim S, Horner S, Braun B, Kenklies S, Tyczka J, Keller M, Groschup MH (2013). Use of Competition ELISA for Monitoring of West Nile Virus Infections in horses in Germany. Int. J. Environ. Res. Public Health 2013, 10, 3112-3120; doi:10.3390/ijerph1008 3112.
- Ziegler U, Angenwoort J, Fischer D, Fast C, Eiden M, Rodriguez AV, Revilla-Fernández S, Nowotny N, de la Fuente JG, Lierz M, Groschup MH (2013). Pathogenesis of West Nile virus lineage 1 and 2 in experimentally infected large falcons. Vet Microbiol. 161,263-73.
- Ziegler U, Skrypyk A, Keller M, Staubach C, Bezymennyi M, Osterrieder K, Groschup MH (2013). West nile virus antibody prevalence in horses of Ukraine. Viruses.5:2469-82.

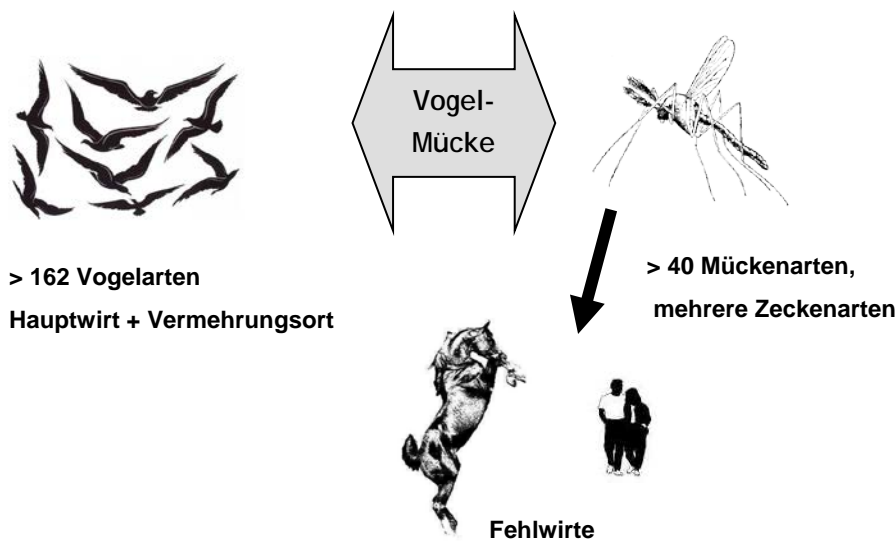


Abb. 1: Übertragungszyklus des WNV: Neben dem natürlichen Vermehrungszyklus zwischen Vogel und Mücke (Vektor) kann WNV auch auf Fehlwirte wie Menschen und Pferde übertragen werden.

## Anlagen

### Anlage 1: Anschriften der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner (Stand: September 2014)

#### Nationale Referenzlaboratorien für anzeigepflichtige Tierseuchen:

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Affenpocken	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. D. Hoffmann E-Mail: donata.hoffmann@fli.bund.de
Afrikanische Pferdepest	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.bund.de
Afrikanische Schweinepest	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Frau Dr. S. Blome E-Mail: sandra.blome@fli.bund.de
Amerikanische Faulbrut der Bienen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.bund.de
Ansteckende Blutarmut der Einhufer (Infektiöse Anämie der Einhufer)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Frau Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<p>Ansteckende Blutarmut der Lachse (Infektiöse Anämie der Lachse)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de</p>
<p>Aujeszkysche Krankheit</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.bund.de</p>
<p>Befall mit Kleinem Bienenbeutenkäfer (<i>Aethina tumida</i>)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.bund.de</p>
<p>Befall mit Tropilaelaps-Milbe</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.bund.de</p>
<p>Blauzungenkrankeheit</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.bund.de</p>
<p>Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Prof. Dr. M. Beer E-Mail: martin.beer@fli.bund.de</p>

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Bovine Virus Diarrhoe	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. H. Schirrmeier E-Mail: horst.schirrmeier@fli.bund.de
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.bund.de
Enzootische Leukose der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dipl.-Vet.-Med. G. Kotterba E-Mail: guenter.kotterba@fli.bund.de
Epizootische Hämatopoetische Nekrose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de
Epizootische Haemorrhagie der Hirsche	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.bund.de
Geflügelpest (aviäre Influenza)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Prof. Dr. T. Harder E-Mail: timm.harder@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<p>Infektiöse Epididymitis</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Naumburger Str. 96 a                      07743 Jena                      Leiter: Dr. F. Melzer                      E-Mail: falk.melzer@fli.bund.de</p>
<p>Infektiöse Hämatopoetische Nekrose der Salmoniden</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiterin: Dr. H. Schütze                      E-Mail: heike.schuetze@fli.bund.de</p>
<p>Infektion mit West-Nile-Virus bei einem Vogel oder Pferd</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiterin: Dr. U. Ziegler                      E-Mail: ute.ziegler@fli.bund.de</p>
<p>Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Dr. habil. S. Bergmann                      E-Mail: sven.bergmann@fli.bund.de</p>
<p>Lumpy-skin-Krankheit (Dermatitis nodularis)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiterin: Dr. D. Hoffmann                      E-Mail: donata.hoffmann@fli.bund.de</p>
<p>Lungenseuche der Rinder</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Naumburger Str. 96 a                      07743 Jena                      Leiter: Dr. M. Heller                      E-Mail: martin.heller@fli.bund.de</p>

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Maul- und Klauenseuche	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Haas E-Mail: bernd.haas@fli.bund.de
Milzbrand	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. M. Elschner E-Mail: mandy.elschner@fli.bund.de
Muschelkrankheiten Infektion mit <i>Bonamia exitosa</i> , Infektion mit <i>Bonamia ostreae</i> , Infektion mit <i>Marteilia refringens</i> , Infektion mit <i>Microcytos mackini</i> , Infektion mit <i>Perkinsus marinus</i>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. habil. S. Bergmann E-Mail: sven.bergmann@fli.bund.de
Newcastle-Krankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. C. Grund E-Mail: christian.grund@fli.bund.de
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.bund.de
Pest der kleinen Wiederkäuer	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.bund.de



## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

<b>Tierseuche</b>	<b>Nationales Referenzlabor</b>
<b>Pferdeenzephalomyelitis</b> (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. M. Keller E-Mail: markus.keller@fli.bund.de
<b>Pockenseuche der Schafe und Ziegen</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiterin:</b> Dr. D. Hoffmann E-Mail: donata.hoffmann@fli.bund.de
<b>Rauschbrand</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. C. Seyboldt E-Mail: christian.seyboldt@fli.bund.de
<b>Rifttal-Fieber</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. M. Eiden E-Mail: martin.eiden@fli.bund.de
<b>Rinderpest</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.bund.de
<b>Rotz</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiterin:</b> Dr. M. Elschner E-Mail: mandy.elschner@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<p>Salmonellose der Rinder</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Naumburger Str. 96 a                      07743 Jena                      Leiter: PD Dr. U. Methner                      E-Mail: ulrich.methner@fli.bund.de</p>
<p>Schweinepest                      (Klassische Schweinepest)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiterin: Dr. S. Blome                      E-Mail: sandra.blome@fli.bund.de</p>
<p><i>Stomatitis vesicularis</i></p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Dr. B. Haas                      E-Mail: bernd.haas@fli.bund.de</p>
<p>Taura-Syndrom                      (exotisch)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Dr. U. Fischer                      E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de</p>
<p>Tollwut</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Dr. T. Müller                      E-Mail: thomas.mueller@fli.bund.de</p>
<p>Transmissible Spongiforme                      Enzephalopathien                      (alle Formen)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Prof. Dr. M. Groschup                      E-Mail: martin.groschup@fli.bund.de</p>

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Trichomonadenseuche der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. K. Henning E-Mail: klaus.henning@fli.bund.de
Tuberkulose der Rinder ( <i>Mykobakterium bovis</i> , <i>M. caprae</i> )	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: PD Dr. I. Moser E-Mail: irmgard.moser@fli.bund.de
Vesikuläre Schweinekrankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Haas E-Mail: bernd.haas@fli.bund.de
Vibrionenseuche der Rinder (bovine genitale Campylobacteriose)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. W. Müller E-Mail: wolfgang.mueller@fli.bund.de
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. H. Schütze E-Mail: heike.schuetze@fli.bund.de
Weißpünktchenkrankheit der Krebstiere	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Yellowhead Disease (exotisch)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de

Nationale Referenzlaboratorien für meldepflichtige Tierkrankheiten:

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Ansteckende Equine Metritis (Contagiöse Equine Metritis)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.bund.de
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. H. Hotzel E-Mail: helmut.hotzel@fli.bund.de
Chlamydiose (außer Psittakose)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. K. Sachse E-Mail: konrad.sachse@fli.bund.de
Echinokokkose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Prof. Dr. F. J. Conraths E-Mail: franz.conraths@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Equine Virus-Arteritis-Infektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald -Insel Riems Leiterin: Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.bund.de
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald -Insel Riems Leiter: Dr. W. Fuchs E-Mail: walter.fuchs@fli.bund.de
Maedi/Visna	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dipl.-Vet.-Med. G. Kotterba E-Mail: guenter.kotterba@fli.bund.de
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.bund.de
Paratuberkulose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. H. Köhler E-Mail: heike.koehler@fli.bund.de
Q-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. K. Henning E-Mail: klaus.henning@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Toxoplasmose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Dr. G. Schares E-Mail: gereon.schares@fli.bund.de
Tularämie	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: PD Dr. H. Tomaso E-Mail: herbert.tomaso@fli.bund.de
Verotoxin bildende Escherichia coli	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. L. Geue E-Mail: lutz.geue@fli.bund.de

Nationale Referenzlaboratorien für sonstige Tierkrankheiten, die weder der Anzeigepflicht noch der Meldepflicht unterliegen:

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Bunyavirale Erkrankungen (inklusive Hanta-Virus Infektion)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. R. Ulrich E-Mail: rainer.ulrich@fli.bund.de
Caprine Arthritis und Enzephalitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dipl.-Vet.-Med. G. Kotterba E-Mail: guenter.kotterba@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<p>Japanische Enzephalitis</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Prof. Dr. M. Groschup                      E-Mail: martin.groschup@fli.bund.de</p>
<p>Krebstierkrankheiten (Crustaceen):                      Baculovirose,                      Infektiöse hypodermale und hämatopoetische Nekrose,                      Krebspest,                      Spawner-isolated mortality virus disease,                      Infektion mit Ranavirus</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Dr. U. Fischer                      E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de                      Telefon: 038351-71105                      Telefax: 038351-71226</p>
<p>Krim-Kongo-Fieber</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Prof. Dr. M. Groschup                      E-Mail: martin.groschup@fli.bund.de</p>
<p>Muschelkrankheiten (Bivalvia):  <i>Perkinsus olseni</i>,  <i>Xenohalitus californiensis</i>,                      Abalone Virussterblichkeit</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiter: Dr. habil. S. Bergmann                      E-Mail: sven.bergmann@fli.bund.de</p>
<p>Nipah-/Hendra-Virusinfektion</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald - Insel Riems                      Leiterin: PD Dr. A. Balkema-Buschmann                      E-Mail: anne.buschmann@fli.bund.de</p>
<p>durch Zecken-übertragene Krankheiten (ZÜK)</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Naumburger Str. 96 a                      07743 Jena                      Leiterin: Dr. C. Klaus                      E-Mail: christine.klaus@fli.bund.de</p>

**Anlage 2: Adressen der für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden in den Bundesländern**

(Quelle: TSN, Stand: 24. Juni 2013)

<p><b>01-SH - Schleswig-Holstein</b>                      Ministerium für Energiewende, Landwirtschaft,                      Umwelt und ländliche Räume des Landes                      Schleswig-Holstein,                      Abt. 3 - Verbraucherschutz, Veterinärwesen</p>	<p><i>Postanschrift:</i>                      Postfach 7151                      24171 Kiel</p> <p>Tel.: 0431/9 88-49 98                      Fax: 0431/9 88-52 46                      E-Mail: veterinaerwesen@melur.landsh.de;</p>	<p><i>Dienstgebäude:</i>                      Mercatorstraße 3                      24106 Kiel</p>
<p><b>02-HH - Hansestadt Hamburg</b>                      Freie und Hansestadt Hamburg                      Behörde für Gesundheit und                      Verbraucherschutz (BGV),                      Lebensmittelsicherheit und                      Veterinärwesen</p>	<p><i>Postanschrift:</i>                      Billstraße 80                      20539 Hamburg</p> <p>Tel.: 040/4 28 37-35 99                      Fax: 040/4 28 37-36 00                      E-Mail: veterinaerwesen@bgv.hamburg.de</p>	<p><i>Dienstgebäude:</i>                      Billstraße 80 a                      20539 Hamburg</p>
<p><b>03-NI - Niedersachsen</b>                      Niedersächsisches Ministerium für Ernährung,                      Landwirtschaft, Verbraucherschutz und Landes-                      entwicklung</p>	<p><i>Postanschrift:</i>                      Postfach 243                      30002 Hannover</p> <p>Tel.: 0511/1 20-0                      Fax: 0511/1 20-23 78                      E-Mail: poststelle@ml.niedersachsen.de</p>	<p><i>Dienstgebäude:</i>                      Calenberger Str. 2                      30169 Hannover</p>
<p><b>04-HB - Hansestadt Bremen</b>                      Freie Hansestadt Bremen,                      Der Senator für Gesundheit,                      Referat Lebensmittelsicherheit,                      Veterinärwesen und Pflanzenschutz</p>	<p><i>Anschrift:</i>                      Bahnhofsplatz 29                      28195 Bremen</p> <p>Tel.: 0421/3 61-60 65                      Fax: 0421/3 61-48 08                      E-Mail: verbraucherschutz@gesundheit.bremen.de</p>	
<p><b>05-NW - Nordrhein-Westfalen</b>                      Ministerium für Klimaschutz, Umwelt,                      Landwirtschaft, Natur- und Verbraucherschutz                      des Landes Nordrhein-Westfalen,                      Lebensmittelüberwachung und                      Veterinärwesen</p>	<p><i>Postanschrift:</i>                      40190 Düsseldorf</p> <p>Tel.: 0211/4 56-60, 0211/4 56-63 55                      Fax: 0211/4 56-64 32                      E-Mail: verbraucherschutz-nrw@mkunlv.nrw.de</p>	<p><i>Dienstgebäude:</i>                      Schwannstr. 3                      40476 Düsseldorf</p>



## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

---

<b>06-HE - Hessen</b> Hessisches Ministerium für Umwelt, Energie, Landwirtschaft und Verbraucherschutz Abteilung für Verbraucherschutz, Lebens- mittelüberwachung, Tierschutz und Veterinärwesen	<i>Anschrift:</i> Mainzer Straße 80 65189 Wiesbaden  Tel.: 0611/8 15-14 50 Fax: 0611/8 15-19 68; 06 11/ 3 27 18-14 99 E-Mail: vetabt@hmuelv.hessen.de
<b>07-RP - Rheinland-Pfalz</b> Ministerium für Umwelt, Landwirtschaft, Ernährung, Weinbau und Forsten, Abt. 104 - Veterinärwesen, Lebensmittelüber- wachung, Verbraucherschutz, gesundheitlicher Umweltschutz	<i>Postanschrift:</i> Postfach 31 60 55021 Mainz <i>Dienstgebäude:</i> Kaiser-Friedrich-Str. 1 55116 Mainz  Tel.: 06131/16-0 Fax: 06131/16-53 54 E-Mail: rp-tier@mulewf.rlp.de
<b>08-BW - Baden-Württemberg</b> Ministerium für Ländlichen Raum und Verbraucherschutz, Baden-Württemberg	<i>Postanschrift:</i> Postfach 10 34 44 70029 Stuttgart <i>Dienstgebäude:</i> Kernerplatz 10 70182 Stuttgart  Tel.: 0711/1 26-0 Fax: 0711/1 26-24 11 E-Mail: Poststelle@mlr.bwl.de
<b>09-BY - Bayern</b> Bayerisches Staatsministerium für Umwelt und Gesundheit, Abt. 4 - Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen	<i>Postanschrift:</i> PF 810140 81901 München <i>Dienstgebäude:</i> Rosenkavalierplatz 2 81925 München  Tel.: 089/92 14-35 64 Fax: 089/92 14-32 00 E-Mail: tierseuchen@stmug.bayern.de
<b>10-SL - Saarland</b> Ministerium für Umwelt und Verbraucherschutz, Referat C1 - Veterinärwesen und Verbraucherschutz	<i>Postanschrift:</i> Postfach 10 24 53 66024 Saarbrücken <i>Dienstgebäude:</i> Keplerstraße 18 66117 Saarbrücken  Tel.: 0681/5 01-31 04 Fax: 0681/5 01-22 24 E-Mail: veterinaerwesen@umwelt.saarland.de

---

<p><b>11-BE - Berlin</b> Senatsverwaltung für Justiz und Verbraucherschutz</p>	<p><i>Anschrift:</i> Salzburger Str. 21-25 10825 Berlin</p> <p>Tel.: 030/90 13-0, 90 13-27 71 Fax: 030/90 13-20 00 E-Mail: Tierseuchen-Einfuhr@senjv.berlin.de</p>
<p><b>12-BB - Brandenburg</b> Ministerium für Umwelt, Gesundheit und Verbraucherschutz des Landes Brandenburg, Veterinärwesen und Lebensmittelüberwachung</p>	<p><i>Postanschrift:</i>                      <i>Dienstgebäude:</i> Postfach 60 11 50                      Spornstraße 14411 Potsdam                          14467 Potsdam</p> <p>Tel.: 0331/8 66-0, 8 66-74 50 Fax: 0331/8 66-74 44 E-Mail: vetwesenbb@mugv.brandenburg.de</p>
<p><b>13-MV - Mecklenburg-Vorpommern</b> Ministerium für Landwirtschaft, Umwelt und Verbraucherschutz des Landes Mecklenburg-Vorpommern, Abt. 5 - Verbraucherschutz, Lebensmittel- überwachung, Veterinärwesen</p>	<p><i>Postanschrift:</i>                      <i>Dienstgebäude:</i> Postfach 5 44                          Dreescher Markt 2 19048 Schwerin                          19061 Schwerin</p> <p>Tel.: 0385/5 88-0 Fax: 0385/5 88-60 28 E-Mail: poststelle@lu.mv-regierung.de</p>
<p><b>14-SN - Sachsen</b> Sächsisches Staatsministerium für Soziales und Verbraucherschutz, Abt. 2 - Gesundheits- und Veterinärwesen, Verbraucherschutz</p>	<p><i>Anschrift:</i> Albertstraße 10 01097 Dresden</p> <p>Tel.: 0351/5 64-0; 0351/5 64-57 19 Fax: 0351/5 64-57 79; 0351/56 4-57 70 E-Mail: Abteilung2@sms.sachsen.de</p>
<p><b>15-ST - Sachsen-Anhalt</b> Ministerium für Landwirtschaft und Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt</p>	<p><i>Postanschrift:</i>                      <i>Dienstgebäude:</i> Postfach 37 60                          Leipziger Straße 58 39012 Magdeburg                          39112 Magdeburg</p> <p>Tel.: 0391/5 67-01; 0391/5 67-18 95 Fax: 0391/5 67-19 24; 0391/5 67-19 82 E-Mail: veterinaerwesen@mlu.sachsen-anhalt.de</p>

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

---

### **16-TH - Thüringen**

Thüringer Ministerium für Soziales,  
Familie und Gesundheit,  
Abt. Verbraucherschutz, Arbeitsschutz,  
Veterinärwesen

#### *Postanschrift:*

Postfach 10 12 52  
99012 Erfurt

#### *Dienstgebäude:*

Werner-Seelenbinder-Str. 6  
99096 Erfurt

Tel.: 0361/37 98-500, 0361/37 98-520

Fax: 0361/37 98-850

E-Mail: [tierseuchen@tmsfg.thueringen.de](mailto:tierseuchen@tmsfg.thueringen.de)

---

**Anlage 3: Abkürzungsverzeichnis**

ABE	Ansteckende Blutarmut der Einhufer
ABEV	Virus der Ansteck. Blutarmut der Einhufer
ABI.	Amtsblatt
AD/ADV	Aujeszky's disease (virus)
ADNS	Animal Disease Notification System
AFB	Amerikanische Faulbrut
AGID (AGIDT)	Agargel-Immunodiffusionstest
AgrStatG	Agrarstatistikgesetz
AGTT	Arbeitsgruppe Tierseuchen, Tiergesundheit
AI-DB	Wildvogelmonitoring-Datenbank
AIV	Aviäres Influenza Virus
AK	Aujeszky'sche Krankheit
AKV	Virus der Aujeszky'schen Krankheit
ASE	Agrarstrukturerhebung
ATLAS	Autonomes-Tierseuchen-Lab-on-a-Chip-System
BAnz.	Bundesanzeiger
BBLV	Bokeloh Bat Lyssavirus
BGBI.	Bundesgesetzblatt
bgC	Bovine genitale Campylobakteriose
BHV-1	Bovines Herpesvirus Typ 1
BKV	Berufskrankheiten-Verordnung
BLV	Bovines Leukosevirus
BMBF	Bundesministerium für Bildung und Forschung
BMELV	Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz
BMG	Bundesministerium für Gesundheit
BmTierSSchV	Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung
BMVg	Bundesministerium der Verteidigung
BNI	Bernhard-Nocht-Institut
bp	Basenpaar
BSE	Bovine Spongiforme Encephalopathie
BTV	Bluetongue-Virus
BVL	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit
CEM	Ansteckende Metritis des Pferdes
CFT	complement fixation test
cp	cytopathogen
CVO	Chief Veterinary Officer

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

CVUA	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt
DIB	Deutscher Imkerbund
DNA	Desoxyribonucleic acid
DOBV	Dobrava-Belgrad-Virus
DR	Direct Repeat
EAV	Equines Arteritisvirus
EBL	Enzootic Bovine Leukosis
EBLV	European Bat Lyssavirus
EHN	Epizootische Hämatopoetische Nekrose
EIA	Equine Infektiöse Anämie
EIAV	Virus der Equinen Infektiösen Anämie
ELISA	Enzyme-Linked-Immunsorbent-Assay
eRL	Enzootische Rinderleukose
EU	Europäische Union
EUROSTAT	Statistisches Amt der Europäischen Union
EUS	Epizootisches Ulzeratives Syndrom
FAO	Food and Agriculture Organization
FLI	Friedrich-Loeffler-Institut
gB	Glykoprotein B
gE	Glykoprotein E
HGA	Humane Granulozytäre Anaplasrose
HI-Tier	Herkunfts- und Identifikationssystem Tier
HPAI	Hochpathogene aviäre Influenza
HPAIV	Hochpathogenes aviäres Influenzavirus
IBT	Immunoblottingtest
IBR	Infektiöse Bovine Rhinotracheitis
IDT	Immunodiffusionstest
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IFT	Immunfluoreszenztest
IgG	Immunglobulin G
IgM	Immunglobulin M
IHN	Infektiöse Hämatopoetische Nekrose
IHNV	Virus der Infekt. Hämatopoetischen Nekrose
iIFT	indirekter Immunfluoreszenztest
ILT	Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels
INDELs	Insertions- und Deletionspolymorphismen
IPNV	Virus der Infektiösen Pankreasnekrose
IS	Insertionssequenz

ISA	Ansteckende Blutarmut der Lachse
ISH	<i>In situ</i> -Hybridisierung
KABS	Kommunale Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Schnakenplage e.V.)
KBR	Komplement-Bindungsreaktion
KHV	Koi-Herpesvirus
KHVD	koi herpesvirus disease
KHV-I	Koi-Herpesvirus-Infektion
LPAIV	low-pathogenic avian influenza virus
LAV	Länderarbeitsgruppe Verbraucherschutz
LZ	Landwirtschaftszählung
mAk	monoklonale Antikörper
MALDI-TOF-MS	Matrix-Assisted-Laser-Desorption/Ionization-Time-Of-Flight-Mass-Spectrometry
MAP	<i>Mycobacterium avium</i> ssp. <i>paratuberculosis</i>
MIRU	Mycobacterial interspersed repetitive unit
MLSSR	multi-locus short sequence repeat
MLST	Multi Locus Sequence Typing
MTC	<i>M. tuberculosis</i> -Komplex
ncp	nicht-cytopathogen
NPAI	Niedrigpathogene aviäre Influenza
NPAIV	Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus
NRL	Nationales Referenzlabor
NT	Neutralisationstest
OIE	Office International des Epizooties
PCR	Polymerase Chain Reaction
PrV	pseudorabies virus
PUUV	Puumalavirus
qRT-PCR	realtime quantitative PCR
rDNA	rekombinante DNA
RFLP	Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus
RKI	Robert-Koch-Institut
RNA	Ribonucleic acid
RT-PCR	Reverse Transkriptase-PCR
SBV	Schmallenberg-Virus
SDV	Virus der Sleeping Disease
SFG	Spotted Fever Group Rickettsiosen
SNP	Single Nucleotide Polymorphisms
SNT	Serumneutralisationstest
SRM	Spezifiziertes Risikomaterial

## Tiergesundheitsjahresbericht 2013

SVC	Frühjahrsvirämie der Karpfen
TierSG	Tierseuchengesetz
TMF e.V.	Technologie- und Methodenplattform für die vernetzte medizinische Forschung e.V.
TSE	Transmissible Spongiforme Enzephalopathie
TSN	TierSeuchenNachrichten
TULV	Tulavirus
TW-VO	Tollwut-Verordnung
USUV	Usutu-Virus
VHS	Virale Haemorrhag. Septikämie d. Salmoniden
VHSV	Virus der Viralen Haemorrhagischen Septikämie
VNTR	variable number of tandem repeat
VO	Verordnung
WNV	West-Nil-Virus
ZALF	Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Hauptsitz Insel Riems

Südufer 10

D-17493 Greifswald - Insel Riems

Telefon +49 (0) 38351 7-0

Telefax +49 (0) 38351 7-1219

Pressestelle

Telefon +49 (0) 38351 7-1244

Telefax +49 (0) 38351 7-1226

E-Mail: [elke.reinking@fli.bund.de](mailto:elke.reinking@fli.bund.de)