

2.9 Q-Fieber: Eine anhaltende Herausforderung für Wissenschaft und öffentliches Veterinärwesen

Heinrich Neubauer¹, Lisa D. Sprague¹, Klaus Henning¹, Udo Moog², Michael Elschner³

¹ Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Jena

² Tierseuchenkasse Thüringen, Tiergesundheitsdienst, Jena

³ Thüringer Ministerium für Soziales, Familie und Gesundheit, Referat 51, Erfurt

Q-Fieber, verursacht durch das gramnegative Bakterium *Coxiella (C.) burnetii*, ist eine der wenigen hochansteckenden und gemeingefährlichen Zoonosen, die in deutschen Nutztierbeständen noch weit verbreitet ist. Für die Ansteckung soll bereits die inhalative Aufnahme eines oder einiger weniger Erreger ausreichend sein. Wirte können Säugetiere und Arthropoden sein, wobei das Hauptreservoir in Deutschland (subklinisch) infizierte Schafe, Ziegen und Rinder sind. Zecken können den Erreger zumindest vorübergehend, z.B. nach einer Blutmahlzeit an einem septikämischen Tier, beherbergen. *C. burnetii* zeichnet sich durch einen erhöhten Tropismus für die Reproduktionsorgane aus, wobei jedoch lokale Infektionen der Milchdrüse beim Rind zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen führen können. Die Ausscheidung des Erregers kann prinzipiell mit allen Körperflüssigkeiten erfolgen, wobei allerdings bei der Geburt mit Plazenta und den Lochien erhebliche Mengen des Erregers freigesetzt werden. Eine Alters- oder Geschlechtsspezifität ist nicht beweisbar. *C. burnetii* kann in Staub, in Wolle oder Heu über Monate wenn nicht gar Jahre überleben, da es gegen physikalische und chemische Noxen sehr resistent ist. Die Übertragung des Bakteriums erfolgt in der Regel aerogen, wobei eine Ansteckung durch die Aufnahme kontaminierter Milch durchaus wahrscheinlich ist. Die Vertragung des Erregers bei geeigneter Wetterlage (Trockenheit und Wind) bis zu 2 km durch die Luft konnte bei der Ursachenermittlung von Kleinraumepidemien nachgewiesen werden, wobei immer auch der Zusammenhang zu infizierten Tierherden hergestellt werden konnte.

Q-Fieber verläuft beim infizierten Tier meist klinisch inapparent. Bei schwerem Verlauf können Pneumonien, Aborte oder Frühgeburten durch Plazentitis auftreten. In Westdeutschland verbreitete sich das Q-Fieber nach dem 2. Weltkrieg von Süden nach Norden und nach der Wiedervereinigung in Ostdeutschland innerhalb eines Jahrzehnts, sodass Deutschland als endemisch betrachtet werden muss. In Zukunft gilt es, bei eventuellen Bekämpfungsmaßnahmen verstärkt den Wandel in der Landwirtschaft (Tierhaltungsformen und Flächennutzung), den demografischen Wandel der Gesellschaft und die ständige Klimaerwärmung, bezogen auf lokale Endemiegebiete, zu berücksichtigen. Ein erster Schritt hierzu ist das vom BMBF geförderte Verbundprojekt „Q-Fieber in Deutschland“, das von 2006 bis 2015 aktiv war und ist. In der Tat gelang es diesem Zusammenschluss von Forschern unterschiedlichster Disziplinen, einige wichtige Voraussetzungen für zukünftige Forschungsprogramme zu schaffen und offene Fragen zur Epidemiologie des Q-Fiebers in Deutschland bereits zu klären. Am FLI konnte eine deutschlandweite Sammlung von aktuellen *C. burnetii*-Isolaten von Tieren, Menschen und aus der Umwelt angelegt und an diesen Genotypisierungsuntersuchungen durchgeführt werden. So konnte gezeigt werden, dass in Mitteldeutschland nur ein einziger, genetisch sehr stabiler *C. burnetii*-Typ bei Tier und Mensch isoliert werden kann, der z.B. für Ausbrüche beim Menschen in Soest, NRW, oder Jena, Thüringen, mit Hunderten von Patienten verantwortlich war. Seroprävalenzuntersuchungen in einzelnen Bundesländern zeigen, dass Hauswiederkäuer (Schafe, Ziegen, Rinder) infiziert sind, aber durchaus auch Wildschweine Quelle humaner Infektionen sein können. Epidemiologisch höchst interessant ist sicherlich die weltweit erste, auf statistischen Kriterien beruhende Prävalenzstudie an Schafherden in Thüringen, die repräsentativ das ganze Bundesland einschloss. Anhand dieser konnte eindeutig gezeigt werden, dass *C. burnetii* auch in klinisch unauffälligen Herden weit verbreitet ist. Flächendeckende Erfassung der Verbreitung von Q-Fieber ist deshalb Voraussetzung für risikobasierte Bekämpfungsmaßnahmen, die dann idealerweise eine genau definierte räumliche Ausdehnung haben müssen. Es hat sich in unseren Untersuchungen gezeigt, dass vor allem die PCR-Technik in Kombination mit vaginalen Tupferproben zur

Identifizierung chronisch infizierter Ausscheider unerlässlich ist. Der Zusammenhang zwischen kleinklimatologischer Situation in einer Region, humaner Infektion und Entfernung zu infizierten Tierherden konnte nochmals bestätigt werden.

Ziel des Verbundes war es auch, Strategien für die Bekämpfung von Q-Fieber beim Tier zu entwickeln. Dazu wurden in Thüringen exemplarisch eine Schaf-, eine Ziegen- und eine gemischte Herde ausgewählt und ein Impf- und Monitoringprogramm etabliert. Wie erwartet und auch vom Impfstoffhersteller angegeben, scheint die Impfung die Anzahl ausscheidender Tiere über die Jahre hinweg deutlich reduzieren zu können. Es konnte jedoch auch festgestellt werden, dass unabhängig von der Tierart immer ein sehr geringer Prozentsatz von Vaginaltupfer-positiven Ausscheidern übrig bleibt. Diese können jederzeit naive Zutreter infizieren und somit zum Wiederaufflammen der Infektion führen. Die dabei ausgeschiedene Menge Erreger reicht aus, um erneut humane Infektionen zu verursachen. Es muss nun geprüft werden, ob mithilfe der RT-PCR oder eines sensitiven Penside-Tests die chronischen Ausscheider zurzeit der Geburt sicher identifiziert werden können. Diese Tiere wären konsequenterweise einer sofortigen Merzung zuzuführen. Das gilt auch für positiv getestete männliche Tiere, wobei bei diesen die optimale Probenmatrix noch zu bestimmen ist. Das optimale Impfgemeinschaft ist ebenfalls zu validieren. So ist zum Beispiel eine Reduktion der Kosten durch das Beschränken der Impfung auf Subpopulationen des Bestands mit erhöhtem Risiko denkbar. Analogien zum Vorgehen der Bekämpfung der Brucellose in endemischen Ländern sind offensichtlich. Sollte durch ein konsequentes Impfen-Testen-Keulen-Regime wirklich die Eradikation von Q-Fieber aus einer Herde möglich sein, muss anschließend sichergestellt werden, dass eine Neueinschleppung des Erregers unterbunden wird. Neben der Etablierung eines strikten Hygiene- und Managementsystems muss die Möglichkeit ausgeschlossen werden, dass sich die Tiere an einem natürlichen Reservoir anstecken können. Eine mögliche Freilandhaltung (Wanderschäfferei, Vertragsnaturschutzbeweidung) stellt dabei eine besondere Herausforderung dar. In eigenen Untersuchungen konnten in Zecken, die von Trockenrasenweiden stammten, bisher keine *C. burnetii*-DNA nachgewiesen werden. Sie können daher als Reservoir in diesem speziellen Fall (Vertragsnaturschutzschafbeweidung) als Ansteckungsquelle ausgeschlossen werden. Aber gerade in Bezug auf natürliche Reservoirie fehlen verlässliche Daten.

Zusammenfassend lässt sich somit sagen, dass in den letzten zehn Jahren durch verstärkte Forschungstätigkeit, die durch große Humanepidemien initiiert wurde, gute Voraussetzungen zur Lösung der Frage, ob Q-Fieber in Tierbeständen bekämpft werden kann, geschaffen wurden.

Die Autoren danken dem BMBF für die Förderung des Q-Fieber-Netzwerkes in Deutschland (Förderkennziffer 01 KI 0730/01 KI 1001A).