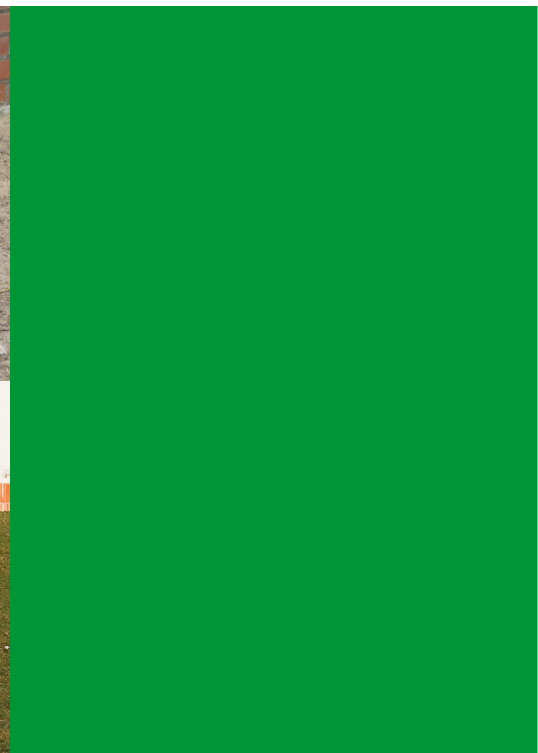


# TIERGESUNDHEITS JAHRESBERICHT 2014



## **Tiergesundheitsjahresbericht 2014**

15. Jahrgang 2015

ISSN-Online 2366-3995

### **Herausgeber**

Friedrich-Loeffler-Institut

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Südufer 10

17493 Greifswald-Insel Riems

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

### **Redaktion**

Dr. T. Homeier-Bachmann, A. Beidler, N. Neumann

Friedrich-Loeffler-Institut

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Institut für Epidemiologie

Südufer 10, 17493 Greifswald - Insel Riems

### **Redaktionsschluss**

16. Dezember 2015

## Inhaltsverzeichnis

Einleitung .....	4
Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland .....	5
Kapitel 2 Finanzielle Beteiligung der Europäischen Union im Rahmen der Entscheidung 2009/470/EG. 9	
Kapitel 3 Der Viehbestand.....	13
Kapitel 4 Fallstatistiken.....	27
Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten.....	34
1. Afrikanische Schweinepest - African Swine Fever.....	34
2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen - American foulbrood .....	37
3. Aujeszkysche Krankheit - Aujeszky's Disease (Pseudorabies) .....	39
4. Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen - Bovine, Porcine, Ovine and Caprine Brucellosis .....	40
5. Geflügelpest - Avian Influenza .....	42
6. Beschälseuche der Pferde - Dourine .....	51
7. Bovine Herpesvirus Typ1-Infektion (alle Formen) - Infectious bovine rhinotracheitis .....	53
8. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease - Bovine viral diarrhea/Mucosal Disease .....	64
9. Chlamydiose - Chlamydiosis .....	69
10. Echinokokkose - Echinococcosis.....	73
11. Hantaviren in Mitteleuropa - Hantaviruses in Central Europe.....	76
12. Infektiöse Anämie der Einhufer - Equine infectious anaemia (EIA) .....	81
13. Koi-Herpesvirus-Infektion der Karpfen (KHV-I) - koi herpesvirus disease (KHVD) .....	84
14. Milzbrand .....	91
15. Paratuberkulose - Paratuberculosis .....	95
16. Q-Fieber - Q-Fever .....	99
17. Rauschbrand - Blackleg.....	101
18. Salmonellose der Rinder - Salmonellosis in cattle .....	105
19. Tollwut - Rabies .....	115
20. Toxoplasmose - Toxoplasmosis.....	117
21. Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (TSE).....	120
22. Trichomonadenseuche des Rindes - Trichomoniasis in cattle .....	124
23. Tuberkulose der Rinder - Bovine Tuberculosis.....	126
24. Usutu-Virus-Infektion (USUV) - Usutu virus infection .....	133
25. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN) - Viral Hemorrhagic Septicemia and Infectious Hematopoietic Necrosis .....	137
26. West-Nil-Virus-Infektion (WNV)- West Nile virus infection .....	148

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

<b>Anlagen</b> .....	<b>152</b>
Anlage 1: Adressen der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner .....	152
Anlage 2: Adressen der für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden in .....	164
den Bundesländern.....	164
Anlage 3: Abkürzungsverzeichnis .....	168



## Einleitung

Bundesministerium für Ernährung und 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 im Tiergesundheitsgesetz verankerten Aufgabe zur Erstellung eines Jahresberichtes zur Situation der Tiergesundheit in der Bundesrepublik Deutschland (Tiergesundheitsjahresbericht) nach.

Der Tiergesundheitsjahresbericht wird zum 13. 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 2014 zu Grunde.

Die Reihenfolge der Berichte zu bestimmten anzeigepflichtigen 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 bzw. auftretende Tierseuchenausbrüche rasch zu tilgen. Dabei darf nicht darüber hinwegtäuschen, dass insbesondere bei Vektor übertragenen Tierseuchen, die staatlichen Eingriffsmöglichkeiten begrenzt sind.

## Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Referat 323

Tierseuchen - EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum

### Die Tierärzteschaft insgesamt

In der Bundesrepublik Deutschland waren gemäß der „Statistik 2014: Tierärzteschaft in der Bundesrepublik Deutschland“ zum 31.12.2014 insgesamt 39.447 Tierärztinnen und Tierärzte bei den Kammern gemeldet.

Davon waren 27.925 in Deutschland und 544 im Ausland tierärztlich tätig. Von den 27.925 im Inland tierärztlich Tätigen waren 19.445 in der tierärztlichen Praxis (einschließlich Assistentinnen und Assistenten sowie Vertreterinnen und Vertretern) und 5.922 im Beamten- (1.595) und Angestelltenverhältnis (4.327) 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

Tel. 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

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 Tiergesundheitschutz**

Außerhalb der staatlichen Tierseuchenbekämpfung werden Aufgaben zur Sicherung und Verbesserung der Tiergesundheit (allgemeiner Tiergesundheitschutz) 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 - Schlachttier- 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-

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

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@bmel.bund.de](mailto:poststelle@bmel.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.

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: [bmygfueskii7@bmv.g.bund.de](mailto:bmygfueskii7@bmv.g.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 als Bestandteil des Referates 323 Tierseuchen - EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum angesiedelt. Der Leiter des Referates 323 ist 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. Als Geschäftsstelle der Task Force fungiert ein Arbeitsstab, der personell aus Länderbediensteten besteht und räumlich beim Nationalen Krisenzentrum im BMEL angesiedelt ist. Ein zusätzlicher Länderbediensteter des Arbeitsstabes ist für die technische Betreuung von Informatiksystemen als Schnittstelle zwischen Bund und Ländern im FLI tätig.

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

Heuser, R.

Die durch Artikel 44 Absatz 1 der Verordnung (EU) Nr. 652/2014 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 15. Mai 2014 mit Bestimmungen für die Verwaltung der Ausgaben in den Bereichen Lebensmittelkette, Tiergesundheit und Tierschutz sowie Pflanzengesundheit und Pflanzenvermehrungsmaterial, zur Änderung der Richtlinien des Rates 989/56/EG, 2000/29/EG und 2008/90/EG, der Verordnungen (EG) Nr. 178/2002, (EG) Nr. 882/2004 und (EG) Nr. 396/2005 des Europäischen Parlaments und des Rates, der Richtlinie 2009/128/EG des Europäischen Parlaments und des Rates sowie der Verordnung (EG) Nr. 1107/2009 des Europäischen Parlaments und des Rates und zur Aufhebung der Entscheidungen des Rates 66/399/EWG, 76/894/EWG und 2009/470/EG (ABl. L 189 vom 27. Juni 2014, S.1) Mitte des Jahres 2014 aufgehobene Entscheidung 2009/470/EG stellt gleichwohl für das Jahr 2014 noch 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 2014 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 2014 wurde für die durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen, bedingt durch das Auftreten der niedrig- und hochpathogenen Aviären Influenza, 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.

Für das Jahr 2014 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 2013/722/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 Mitgliedstaaten 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 2013/722/EU ursprünglich zugewiesenen Höchstbeträge für die Pläne der Mitgliedstaaten ausreichten bzw. gekürzt oder erhöht werden mussten.

Mit dem Durchführungsbeschluss 2014/925/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 5 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2013/722/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 2 Buchstabe c der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 70.000 Euro festgesetzt.

Durch den Durchführungsbeschluss 2014/925/EU wurde dieser Höchstbetrag erhöht und auf 72.000 Euro neu festgesetzt. Die finanzielle Beteiligung beträgt 50 % der Einheitskosten, die bei der Durchführung der virologischen und serologischen Laboruntersuchungen und der Probenahme entstehen.

Im Jahr 2014 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrags 4.415 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 4.811 virologische Tests mittels PCR und Pool-PCR sowie 5.490 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 6 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2013/722/EU wurde der von der Bundesrepublik Deutschland eingereichte Plan genehmigt und gemäß Absatz 8 Buchstabe c der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 1.335.000 Euro festgesetzt.

Durch den Durchführungsbeschluss 2014/925/EU wurde dieser Höchstbetrag verringert und auf 980.000 Euro neu festgesetzt.

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

Im Jahr 2014 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrages insgesamt 10.563 bakteriologische Tests, 249 Serotypisierungen, 4.314 Probenahmen, über 20,3 Mio Impfstoffdosen und Entschädigungszahlungen für 31.206 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 7 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2013/722/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 2 Buchstabe c der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 670.000 Euro festgesetzt. Durch den Durchführungsbeschluss 2014/925/EU wurde dieser Höchstbetrag erhöht und auf 710.000 Euro neu festgesetzt.

Die finanzielle Beteiligung der Union umfasst 50 % der Einheitskosten, die bei der Durchführung der virologischen und serologischen Untersuchung von Haus- und Wildschweinen sowie der Probenahme von Hausschweinen entstehen. Des Weiteren gewährt die Union eine Finanzhilfe in Höhe von 50% der Kosten für die Probenahme von Wildschweinen sowie der Beschaffung von Impfstoffen.

Im Jahr 2014 wurden bei Haus- und Wildschweinen insgesamt rund 118.011 Untersuchungen durchgeführt, davon 83.482 serologische und 34.489 virologische Untersuchungen.

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

Gemäß Artikel 9 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2013/722/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 4 Buchstabe c der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 55.000 Euro festgesetzt.

Durch den Durchführungsbeschluss 2014/925/EU wurde dieser Höchstbetrag erhöht und auf 65.000 Euro neu festgesetzt

Die finanzielle Beteiligung der Union beinhaltet 50 % der Einheitskosten für die Kosten der Probenahme bei Hausgeflügel sowie die Kosten der durchgeführten Labortests. Daneben gewährt die



Union 50 % der entstandenen Kosten für Lieferung von Wildvögeln im Rahmen der passiven Überwachung. Im Rahmen des der Kommission für das Jahr 2014 vorgelegten Erstattungsantrages wurden insgesamt 692 Probenahmen bei Wildvögeln, 10.885 bei Hausgeflügel, 6.352 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 3.184 Hämagglutinations-hemmungstests für Serotyp H5H7, 70 Virusisolationstests und 5.197 virologische Tests mittels PCR geltend gemacht.

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

Gemäß Artikel 10 Absatz 1 des Durchführungsbeschlusses 2013/722/EU wurde der genannte Plan genehmigt und gemäß Absatz 4 Buchstabe e der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 2,390 Mio Euro festgesetzt.

Die finanzielle Beteiligung der Union umfasst für die Durchführung von Tests bei nicht für den menschlichen Verzehr getöteten bzw. verendeten Rindern, Schafen und Ziegen und für molekulare differentialdiagnostische Ersttests

100% der Einheitskosten, die in Abhängigkeit der Tierart eine unterschiedliche Höhe ausweist.

Für die Tests an gesundgeschlachteten Rindern gewährt die Kommission 75 % der Einheitskosten.

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 356.660 Tests bei Rindern, 18.064 Tests bei Schafen und 2.073 Tests bei Ziegen gemeldet; ein molekular differentialdiagnostischer Ersttest wurde nicht geltend gemacht.

Im Jahr 2014 wurden zwei atypische BSE-Fälle amtlich festgestellt. Im Rahmen des der Kommission zugeleiteten Erstattungsantrages wurden für 40 Rinder (Kohortentiere) Entschädigungszahlungen an die Tierbesitzer geltend gemacht.

Im Jahr 2014 wurden 11 Scrapieausbrüche in sechs Bundesländern amtlich festgestellt.

Die Anzahl der gegenüber der Kommission geltend gemachten Genotypisierungen betrug 2.516 Untersuchungen.

## Kapitel 3 Der Viehbestand

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

Homeier, T., 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 repräsentati-

ve 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 Geflügel-schlachtereien durchgeführt.

Die letzten Erhebungsdaten für Rinder, Schweine und Schafe basieren auf dem Zensus vom 03. November 2014. Die letzte repräsentative Zählung der Pferde- und Geflügelbestände erfolgte im Rahmen der Landwirtschaftszählung im März 2010.



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 aktuellsten ASE Daten 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. Die nächste ASE ist für das Jahr 2016 vorgesehen. 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 Mitgliedstaaten. 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 2014, entnommen (Erscheinungsfolge: jährlich, erschienen am 20. Juli 2015, Artikelnummer: 2030410125324 Herausgeber: Statistisches Bundesamt, Wiesbaden 2014).

Die seit dem Jahr 1990 zu beobachtende kontinuierliche Abnahme des Rinderbestandes (Abb. 1a) 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 ein halbes Prozent (0,44 %) oder um 56.197 Tiere gegenüber dem Vorjahr zugenommen. Der Bestand stieg leicht von 12.685.993 Tieren auf 12.742.190 an. Ein Vergleich mit dem 2001ergibt trotz der leichten Zunahmen seit 2012 immer noch einen deutlichen Rückgang der Rinderzahlen um ca. 12,74 Prozent oder 1.860.810 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 (Halterbestände) bezieht.

Beim Schweinebestand (Abb. 1a) ist eine leicht ansteigende Tendenz bis zur Konsolidierung feststell-

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

bar, darauf deuten die Bestandszahlen der Novemberzählung des Jahres 2014 hin, diese betragen 28,339 Mio. (ohne Stadtstaaten), im Vergleich zum Vorjahr (28,133 Mio. Schweine) ist eine Zunahme um 0,7 Prozent feststellbar (Abb. 1a), 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 2014 macht sich diese Entwicklung bemerkbar, hier ist sogar eine Zunahme von 9,91 Prozent feststellbar (25,784 Mio. Schweine im Jahr 2001).

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

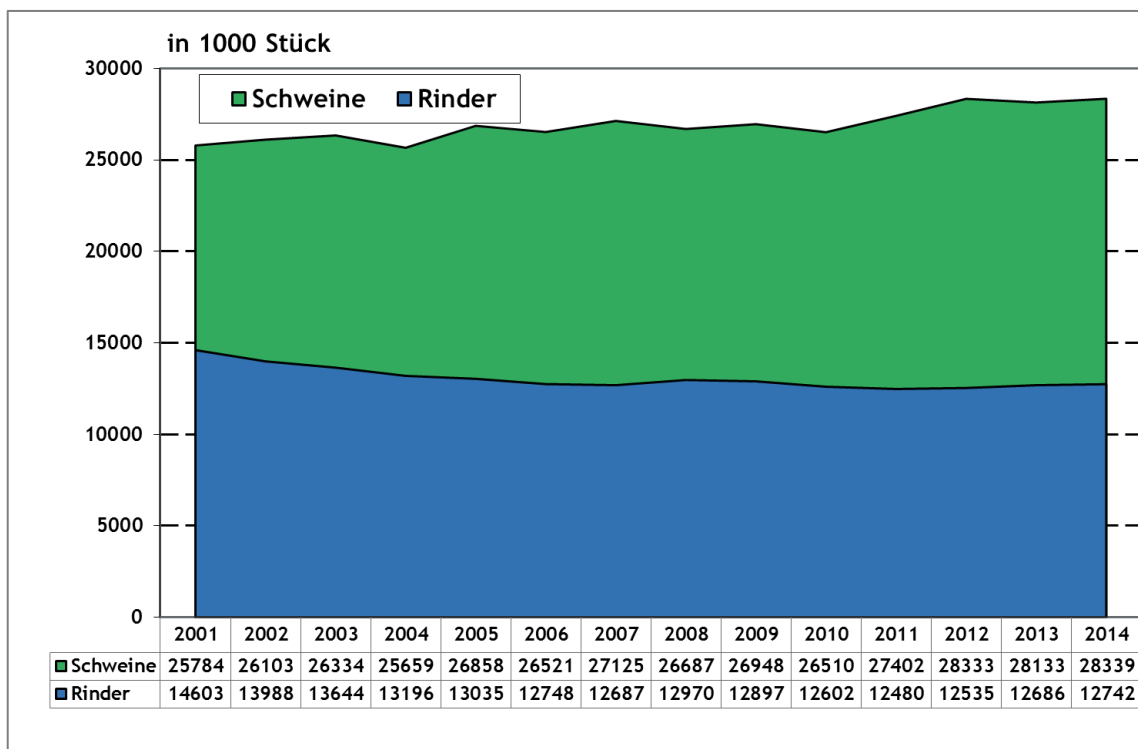


Abb. 1a: Langzeitentwicklung im Viehbestand Deutschlands für Rinder und Schweine

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

Für Pferde (Abb. 1b) sind im Berichtszeitraum keine Daten erhoben worden. 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. Bestandsschätzungen für die Pferdepopulation Deutschlands liegen seit dem Jahr 2007 bei ca. 1 Million Pferde.

Bei der Schafpopulation (Abb. 1b) wurden im Jahr 2014 bei der Novemberzählung 1,6 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 23,44 (15,47 % / 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 (34,35 %) und hat den niedrigsten Stand seit dem Jahr 1990 erreicht. Verglichen mit dem Vorjahr ergibt sich eine leichte Zunahme der Tierzahlen um 1,9 % bzw. 30.800 Tiere. Genauere Angaben zur Schafpopulation der Bundesländer sind in der Tabelle 4 wiedergegeben.

Für den Ziegenbestand (Abb. 1 b) gilt Ähnliches wie für Pferde es liegen Zahlen aus der LZ 2010 (Stand März 2010) vor und aktuellere aus der ASE 2013 (Stand 01. März 2013). Im Jahr 2014 wurden keine Daten erhoben. 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.

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). Wie bei den Ziegen und Pferden erfolgte im Jahr 2014 auch beim Geflügel keine Erfassung, daher werden im Folgenden 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.

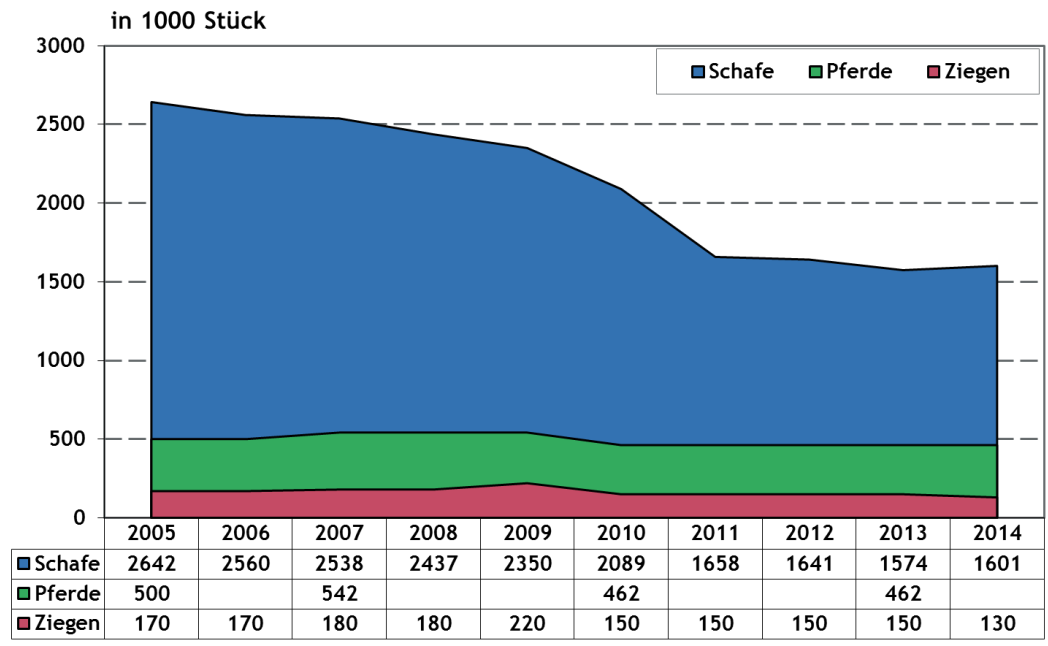


Abbildung 1b: Langzeitentwicklung des Pferde-, Schaf- und Ziegenbestands in Deutschland

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

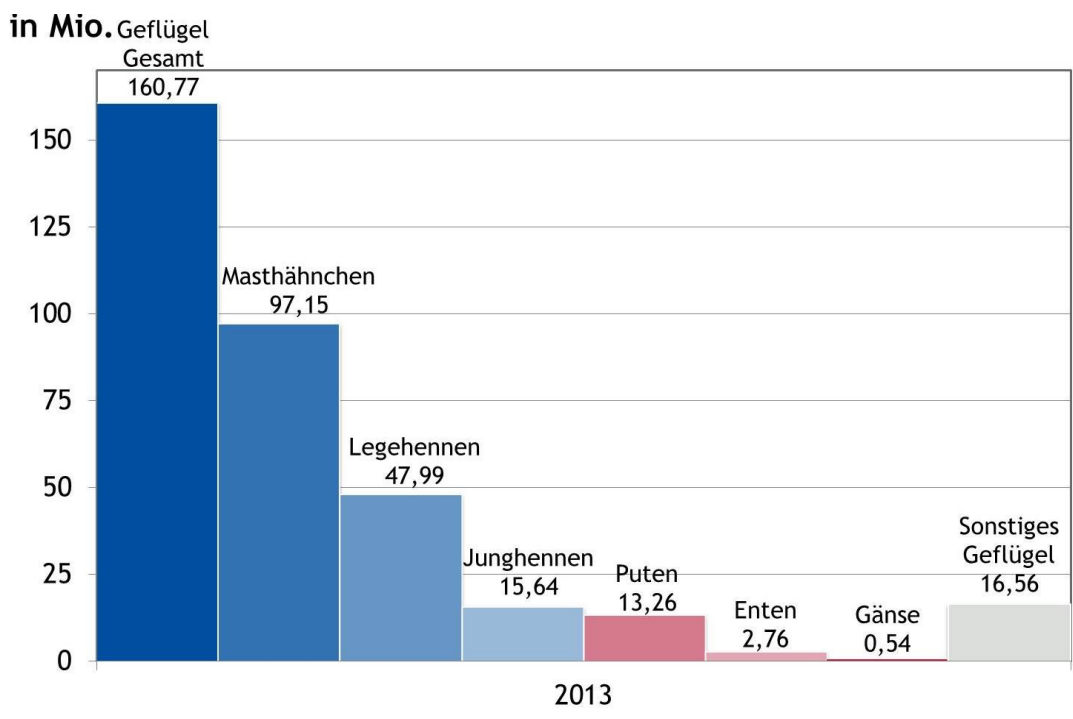


Abbildung 2: Geflügelbestand nach Nutzungsrichtung

Tabelle 1: Anzahl Rinderhalter Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen am 3. November 2014

Bundesland	Anzahl Rinderhalter in genannten Größenklassen							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥ 500
Baden-Württemberg	18 040	4 298	2 927	4 325	3 135	2 470	850	35
Bayern	50 471	6 671	5 892	13 616	13 794	8 696	1 761	41
Berlin	29	15	1	8	4	1	-	-
Brandenburg	4 489	2 067	462	507	323	342	436	352
Bremen	98	18	12	12	11	32	12	1
Hamburg	110	25	27	22	18	9	9	-
Hessen	9 062	2 436	1 602	2 326	1 284	953	439	22
Mecklenburg-Vorpommern	3 262	1 318	319	393	218	272	403	339
Niedersachsen	22 158	4 037	2 138	3 368	3 332	4 656	4 124	503
Nordrhein-Westfalen	18 313	4 401	2 402	3 542	2 917	3 061	1 802	188
Rheinland-Pfalz	5 449	1 285	755	1 181	942	876	386	24
Saarland	738	226	79	131	121	118	61	2
Sachsen	7 271	4 214	937	756	357	388	348	271
Sachsen-Anhalt	3 122	1 569	314	302	224	205	294	214
Schleswig-Holstein	8 037	1 412	741	1 013	899	1 729	2 008	235
Thüringen	4 229	2 498	525	362	182	206	248	208
<b>Deutschland</b>	<b>154 878</b>	<b>36 490</b>	<b>19 133</b>	<b>31 864</b>	<b>27 761</b>	<b>24 014</b>	<b>13 181</b>	<b>2 435</b>

Quelle: Fachserie 3, Reihe 2.1.3 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehhaltung, Statistisches Bundesamt

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 2: Anzahl Rinder Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen in 1000 Tieren am 3. November 2014

Bundesland	Anzahl Rinder in genannten Größenklassen							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥ 500
Baden-Württemberg	1015,78	21,10	40,99	140,13	220,40	346,15	225,58	21,44
Bayern	3231,62	33,68	84,55	459,34	981,62	1187,1	456,96	28,36
Berlin	0,78			0,26	0,33			
Brandenburg	568,08	6,93	6,40	15,92	23,08	49,27	138,47	328,02
Bremen	10,09		0,18	0,39	0,87	4,69	3,35	
Hamburg	6,28	0,12		0,71	1,32		2,40	
Hessen	468,08	12,01	22,78	74,36	90,31	134,41	119,20	15,02
Mecklenburg-Vorpommern	565,61	4,63	4,44	12,69	15,46	39,93	132,39	356,08
Niedersachsen	2651,33	17,80	30,04	111,41	242,31	680,40	1198,5	370,84
Nordrhein-Westfalen	1463,44	19,79	33,86	115,43	209,56	433,98	517,71	133,12
Rheinland-Pfalz	368,23	5,98	10,53	38,61	67,15	124,71	106,12	15,13
Saarland	51,01	0,96		4,26	8,53	17,00	17,81	
Sachsen	510,65	14,89	12,66	23,38	25,26	54,12	110,09	270,24
Sachsen-Anhalt	352,73	5,28	4,39	9,56	15,75	30,55	97,90	189,29
Schleswig-Holstein	1130,68	6,45	10,26	33,09	66,07	256,36	601,12	157,32
Thüringen	347,80	8,66	7,09	11,07	12,98	28,95	82,10	196,95
<b>Deutschland</b>	<b>12742,19</b>	<b>158,42</b>	<b>269,68</b>	<b>1050,6</b>	<b>1981,0</b>	<b>3389,1</b>	<b>3809,7</b>	<b>2083,6</b>

Quelle: Fachserie 3, Reihe 2.1.3 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehhaltung, Statistisches Bundesamt



Tabelle 3: Anzahl Schweine insgesamt, Zuchtsauen, Ferkel und Mastschweine einschl. Jungschweine und Eber nach Bundesländern (in 1.000 Stück) am 3. November 2014

Bundesland	Schweine insgesamt	Zuchtsauen	Ferkel	Mastschweine inkl. Jungschweine und Eber
Baden-Württemberg	1 936,9	178,4	693,5	1 065,0
Bayern	3 401,6	259,2	918,8	2 223,6
Berlin	851,1	91,5	344,5	415,1
Brandenburg	609,1	42,8	168,1	398,3
Bremen	853,5	90,6	310,3	452,5
Hamburg	8 826,9	519,2	2 208,6	6 099,1
Hessen	7 357,7	436,1	1 883,5	5 038,1
Mecklenburg-	203,9	14,4	57,6	131,9
Niedersachsen	5,9	0,4	1,5	4,0
Nordrhein-Westfalen	679,1	71,8	242,7	364,6
Rheinland-Pfalz	1 247,4	152,1	548,0	547,3
Saarland	1 512,0	94,8	369,7	1 047,5
Sachsen	853,8	100,8	350,9	402,1
Sachsen-Anhalt	1 936,9	178,4	693,5	1 065,0
Schleswig-Holstein	3 401,6	259,2	918,8	2 223,6
Thüringen	851,1	91,5	344,5	415,1
<b>Deutschland</b>	<b>28 339,0</b>	<b>2 052,3</b>	<b>8 097,8</b>	<b>18 189,0</b>

Quelle: Fachserie 3, Reihe 4.1- Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehbestand, 3. November 2014 - Statistisches Bundesamt

Tabelle 4: Anzahl Schafe insgesamt, davon zur Zucht benutzte weibliche Schafe einschließlich gedeckte Jährlinge (in 1.000 Stück) (ohne Stadtstaaten) am 3. November 2014

Bundesland	Schafe insgesamt	davon: weibliche Zuchtschafe einschl. gedeckte	
		Milchschafe	andere Mutterschafe
Baden-Württemberg	216,1	2,2	154,2
Bayern	215,7	2,3	150,9
Brandenburg	276,6	2,5	187,8
Hessen	77,5	0,5	56,1
Mecklenburg-Vorpommern	115,6	0,5	81,4
Niedersachsen	68,8	0,4	43,8
Nordrhein-Westfalen	170,1	/	110,2
Rheinland-Pfalz	133,2	1,1	94,3
Saarland	62,9	0,3	43,9
Sachsen	6,7	0,0	4,9
Sachsen-Anhalt	69,4	0,7	49,7
Schleswig-Holstein	74,0	0,3	52,9
Thüringen	196,1	0,5	134,9
<b>Deutschland</b>	<b>1 600,8</b>	<b>11,0</b>	<b>1 115,5</b>

Quelle: Fachserie 3, Reihe 2.1.3 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehhaltung, Statistisches Bundesamt

**Handelsverkehr**

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

**Innergemeinschaftliches 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 2014 weiter fortgesetzt, auf einen Tiefpunkt seit dem Jahr 2005 mit 93.652 Stück

Vieh. Die absoluten Werte sind in Tabelle 5 dargestellt. Im Vergleich mit dem 2013 stagniert die Zahl der Importe.

Aus insgesamt 20 Mitgliedsstaaten wurden Rinder innergemeinschaftlich nach Deutschland verbracht, wobei im Vergleichszeitraum der Jahre 2005 bis 2014 erhebliche Verschiebungen bei den Herkunftsländern zu verzeichnen waren. Die Hauptlieferländer im Jahr 2014 waren die Tschechische Republik, Österreich, die Niederlande, Frankreich und Dänemark. Tierlieferungen aus Estland, Rumänien und Ungarn sind sehr stark zurückgegangen. Bei vielen Ländern ist ein Rückgang der Verbringungen zu verzeichnen.

Tabelle 5: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz 2008- 2014  
(Quelle: Eurostat)

Verbringungsländer	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Belgien	23.054	48.875	28.490	3.741	3.015	2.431	2.766
Bulgarien	0	3	0	0	0	0	3
Dänemark	467	961	598	5.184	3.056	1.305	10.160
Estland	6.675	2.032	2.705	203	2.758	29	1.004
Frankreich	7.752	19.481	12.508	18.812	8.253	8.016	8.173
Irland	2	0	0	6	128	1	3.976
Italien	330	429	1.473	1.921	3.227	1.665	259
Lettland	923	773	623	735	997	1.342	1.274
Litauen	13.869	10.386	15.029	0	4.351	4.317	2.005
Luxemburg	6.433	8.158	7.486	10.931	7.204	6.029	5.844
Niederlande	8.897	9.083	19.043	15.863	17.317	17.526	12.920
Österreich	5.777	14.820	20.546	23.041	24.330	20.354	17.621
Polen	6.243	2.248	716	270	594	1.993	2.559
Rumänien	4.643	2.211	1.443	1.946	2.451	725	148
Schweden	1	0	0	0	0	0	0
Schweiz	65	128	14	76	55	25	30
Slowakei	0	0	0	0	338	223	393
Slowenien	0	0	0	0	0	257	248
Spanien	1	35	0	0	1.901	0	1.591
Tschechische Republik	21.894	20.301	12.277	17.681	17.645	26.269	21.377
Ungarn	136	71	2.705	3.284	133	891	364
Vereinigtes Königreich	12	5	0	2	5	273	937
<b>Gesamtverbringung Rinder</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>	<b>93.652</b>

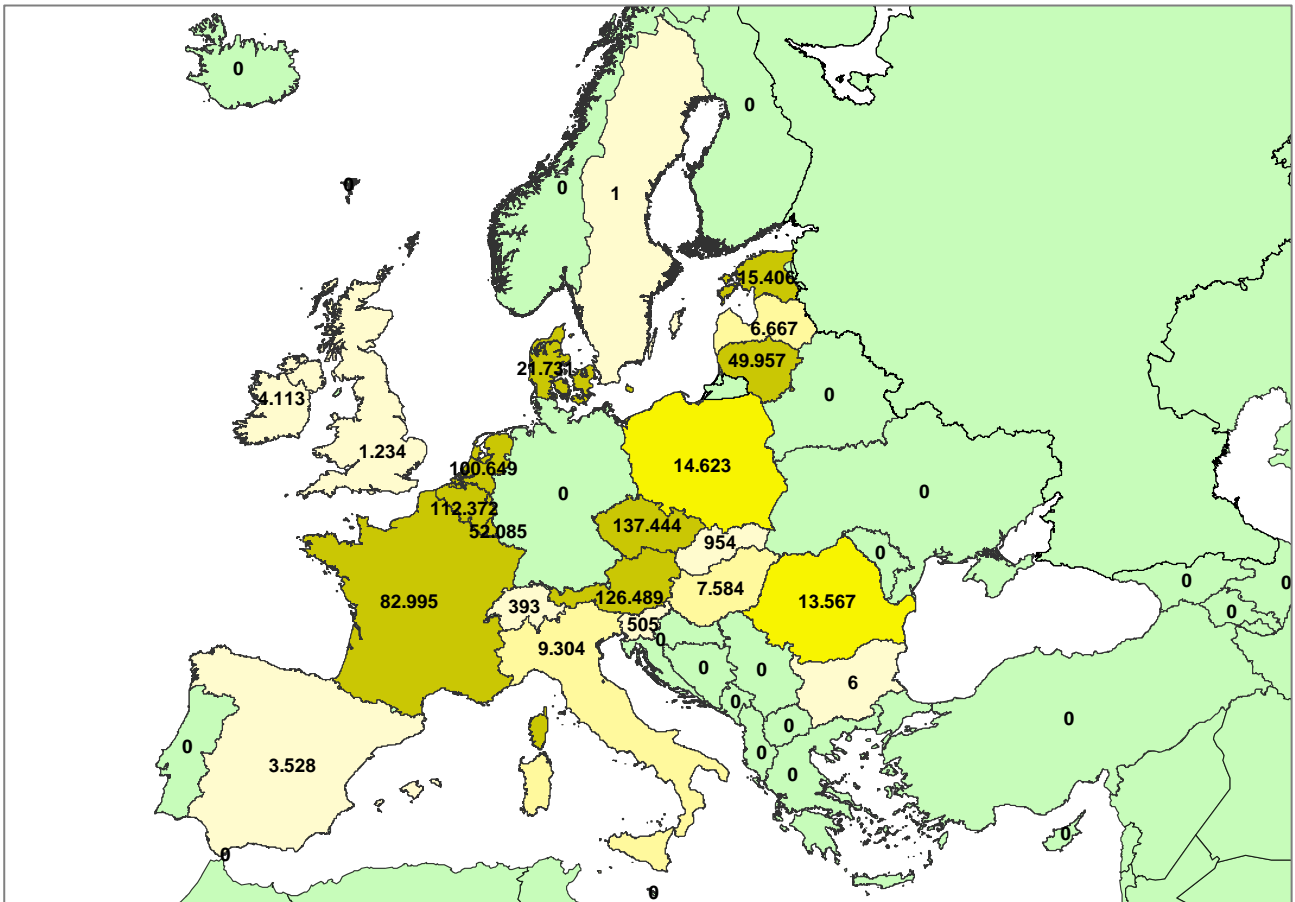


Abbildung 3: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz in Stück Vieh 2008 - 2014 (Quelle: Eurostat)

**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 (2008 - 2014) scheint im Jahr 2014 beendet worden zu sein. Der bisherige Höchststand aus dem Jahr 2015 mit 595.950 Rindern, die aus Deutschland innergemeinschaftlich verbracht wurden, wurde im vergangenen Jahr deutlich überschritten. Mit 723.946 wurden gegenüber dem Vorjahr 21,48 Prozent mehr Rinder aus

Deutschland verbracht. Die Zunahme beruht überwiegend auf der Zunahme des Handelsvolumens mit den Niederlanden, Belgien und Italien.

Deutschland verbrachte innergemeinschaftlich im Jahr 2014 Rinder in 21 EU-Mitgliedsländer, nur nach Finnland, Griechenland, Kroatien, Portugal, Malta und Zypern wurden keine Verbringungen durchgeführt. Die Verbringungen in das Nicht-EU-Land Schweiz stagnieren auf niedrigem Niveau. Die Niederlande sind der Hauptempfänger für deutsche Rinder, gefolgt mit großem Abstand bei Spanien, Belgien, Italien und Frankreich (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz 2008- 2014  
 (Quelle: Eurostat)

Verbringungsländer	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
BELGIEN	12.009	21.571	33.745	33.202	18.634	18.244	42.179
BULGARIEN	427	74	289	278	232	193	710
DÄNEMARK	3	8	22	7	37	69	16
ESTLAND	0	0	0	703	28	13	36
FRANKREICH	17.666	18.167	21.770	11.698	14.095	16.872	8.805
GRIECHENLAND	1.794	2.517	1.203	624	277	480	1.249
IRLAND	25	0	0	0	1.578	177	485
ITALIEN	20.144	44.567	41.548	47.970	27.037	17.011	26.706
KROATIEN*	-	-	-	-	-	663	42
LETTLAND	717	387	609	757	594	1.096	786
LITAUEN	2.567	335	1.254	433	213	203	75
LUXEMBURG	1.277	4.920	1.341	3.032	2.459	2.240	1.653
NIEDERLANDE	311.451	386.709	403.680	414.531	432.032	472.705	539.565
ÖSTERREICH	1.885	4.558	1.355	1.041	94	1.484	2.242
POLEN	2.979	1.922	5.982	6.143	4.421	6.008	11.659
PORTUGAL	258	1.224	929	291	115	0	372
RUMÄNIEN	470	422	1.010	761	489	1.631	2.586
SCHWEDEN	0	0	0	0	17	0	6
SCHWEIZ	0	205	481	255	142	321	154
SLOWAKEI	33	7	517	212	98	0	4
SLOWENIEN	0	0	0	2	67	2	215
SPANIEN	35.160	56.530	50.257	35.087	30.839	47.701	65.532
TSCHECHISCHE REPUBLIK	292	250	189	81	1.927	809	467
UNGARN	1.783	1.841	9.056	5.835	2.298	3.645	11.338
VEREINGTES KÖNIGREICH	325	1.278	1.929	1.577	3.188	4.383	7.064
ZYPERN	0	0	0	0	30	0	0
<b>Gesamtverbringung Rinder</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>	<b>723.946</b>

\*Kroatien ist seit Juli 2013 EU-Mitglied

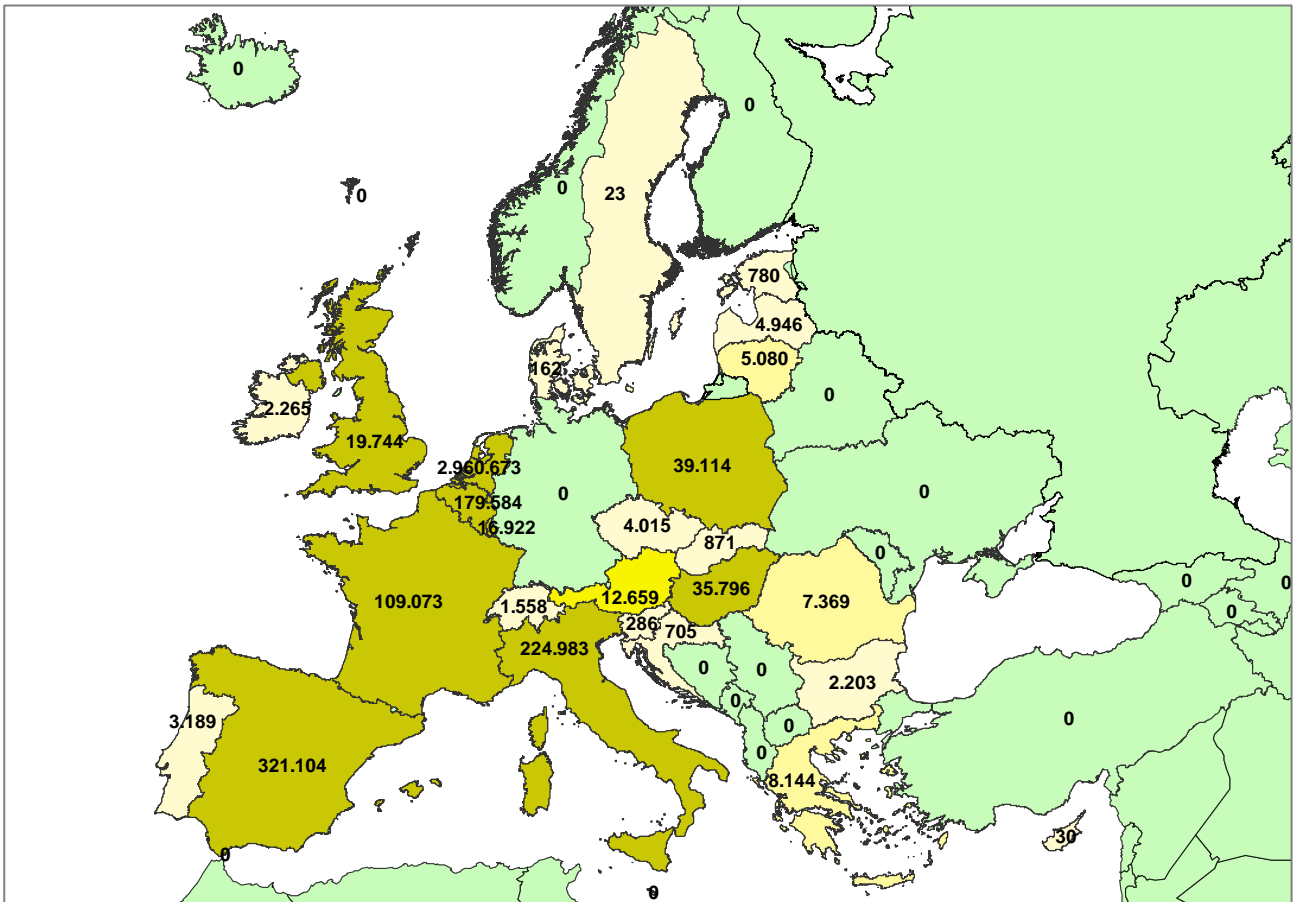


Abbildung 4: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz in Stück Vieh 2008 - 2014 (Quelle: Eurostat)

In den Jahren 2008 bis 2014 exportierte Deutschland Rinder in 30 Drittstaaten, wie die Daten von EUROSTAT belegen. Im Berichtsjahr 2014 war ein deutlicher Anstieg der Ausfuhrzahlen zu verzeichnen. Die Ausfuhr lag deutlich über denen der Vorjahre (siehe Tabelle 7). Die wichtigsten Empfängerländer waren die Algerien, Marokko, Liba

non, Türkei und Russland. Auffällig ist der sehr starke Anstieg von Rinderexporten in die Russische Föderation. Betrachtet man die Zahlen für die einzelnen Länder, so sind starke Schwankungen im Beobachtungszeitraum feststellbar.

Tabelle 7: Rindereporte aus Deutschland in Drittländer 2008 - 2014 (Quelle: Eurostat)

AUSFUHR DRITTLÄNDER	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
ÄGYPTEN	0	1.175	6.129	4.789	1.432	1.412	529
ALBANIEN	63	215	66	0	66	0	66
ALGERIEN	0	7.408	10.553	8.661	8.786	12.244	5.371
ARMENIEN	0	0	263	0	90	634	65
ASERBAIDSCHAN	0	613	214	1.398	2.923	559	929
BAHRAIN	33	0	0	0	0	0	0
BOSNIEN-HERZEGOWINA	1.516	196	1.141	301	332	450	150
BURUNDI	0	0	0	0	102	0	0
EH. REP. JUGOSL. MAZEDONIEN	0	0	0	136	0	192	615
GEORGIEN	177	0	0	64	0	65	91
INDONESIEN	0	0	0	0	0	0	2
IRAN	0	0	0	0	0	0	3
JORDANIEN	0	0	433	262	0	0	0
KASACHSTAN	0	0	7	3.546	0	0	0
KOSOVO	0	0	222	92	0	163	300
KUWAIT	0	0	0	2.544	2.886	2.259	1.944
LIBANON	4.479	7.291	10.767	4.322	2.359	3.550	8.931
LIBERIA	0	37	0	0	0	0	0
LIBYEN	0	276	0	0	1.852	293	248
MAROKKO	6.074	11.222	16.154	11.653	4.584	4.897	7.845
MONGOLEI	0	0	0	0	0	0	94
MAURETANIEN	0	0	0	0	0	33	0
MOLDAWIEN	0	0	0	0	0	93	475
MONTENEGRO	0	0	0	0	82	28	113
NIGERIA	0	0	0	0	0	0	155
NORWEGEN	0	0	0	0	0	0	20
SÜD-KOREA	5	0	0	0	0	0	0
RUANDA							
RUSSISCHE FÖDERATION	12.107	4.862	4.733	10.054	773	937	8.116
SAUDI-ARABIEN	32	0	0	0	0	0	0
SERBIEN	784	257	459	3.011	2.114	22	145
SUDAN	0	0	0	0	250	0	0
TUNESIEN	90	420	1.156	627	244	1.091	294
TÜRKEI	229	20	0	886	9.295	3.146	7.595
UKRAINE	2.051	1.930	930	1.793	255	38	61
USBEKISTAN	1.043	1.333	266	2.630	0	1.599	4.014
VEREINIGTE ARAB. EMIRATE	0	0	0	0	1.218	0	495
<b>GESAMT AUSFUHR</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>	<b>48.833</b>

### Kapitel 4 Fallstatistiken

#### Vorkommen von anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2014

Homeier T., Conraths F. J.

#### Anzeigepflichtige Tierseuchen

##### Einführung

Die Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen umfasste im Berichtszeitraum 2014 insgesamt 54 Tierseuchen (Verkündigungsstand 29. Dezember 2014), wovon 24 noch nie in Deutschland aufgetreten sind. Im Jahr 2014 wurden Neuausbrüche von 18 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. Wieder aufgetreten sind Ansteckende Anämie der Einhufer, Brucellose der Rinder, Schweine Schafe und Ziegen, Geflügelpest und Milzbrand.

##### Aviäre Influenza

Im Jahr 2014 wurden im Rahmen des routinemäßigen und EU-kofinanzierten Wildvogel- und Geflügelmonitorings 10.885 Stück Geflügel und 1.433 Wildvögel untersucht.

##### a) Hochpathogene aviäre Influenza (HPAI)

Sowohl in Geflügelhaltungen als auch bei Wildvögeln wurde 2014 hochpathogenes aviäres Influenzavirus nachgewiesen. In allen Fällen handelte es sich um Viren des Subtyps H5N8, die eine enge Verwandtschaft mit zuvor in Südkorea und Japan detektierten HPAIV H5N8 aufwiesen. Die Ausbrüche wurden ab November 2014 registriert. In Deutschland waren insgesamt drei Geflügelhaltungen betroffen.

In allen Fällen konnte das Virus im Ausbruchsbereich durch Maßnahmen der Bestandsräumung, Reinigung und Desinfektion der Ställe sowie eine

Wiederbesetzungssperre eradiziert werden; es kam zu keinen Sekundärausbrüchen

##### b) Niedrigpathogene aviäre Influenza (NPAI)

Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus (NPAIV) des Subtyps H5 wurde in zwei Geflügelbeständen festgestellt (Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen). Der Subtyp H7 wurde nicht nachgewiesen. In beiden Fällen führten Bestandsräumungen zum Erlöschen der Ausbrüche.

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

Nachdem Bayern bereits im Oktober 2011 als frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis anerkannt wurde, hat auch Thüringen diesen Status im Jahr 2014 erlangt. Die Länder Sachsen, Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Berlin und Mecklenburg-Vorpommern haben einen entsprechenden Antrag eingereicht und Niedersachsen bereitet einen Anerkennungsantrag nach Artikel 10 der Richtlinie 64/432/EWG vor. Die übrigen Länder haben inzwischen zur Spitzengruppe freier oder fast freier Bundesländer aufgeschlossen. Der Prozentsatz BHV 1-freier Betriebe hat sich bundesweit von 95,6% (2013) auf 97,5% in 2014 erhöht.

##### Blauzungkrankheit

Im Jahr 2014 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrags 5.490 Rinder, Schafe und Ziegen auf BTV geltend gemacht und untersucht. Dabei gab es keinen Hinweis auf ein Zirkulieren des Virus.

##### Klassische Schweinepest

Im Rahmen des Monitorings wurden bei Wild- und Hausschweinen 118.011 Untersuchungen mit negativem Ergebnis durchgeführt



### **Tollwut**

Zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status gemäß den OIE-Kriterien wurden im Jahr 2014 bundesweit insgesamt 4.997 Tiere (davon 3.387 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 2014 18.064 Schafe und 2.073 Ziegen getestet. In elf Schafherden wurde Scrapie amtlich festgestellt, wobei insgesamt elf Tiere betroffen waren.

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

Basierend auf der Untersuchung von 356.660 Rindern gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurden im Jahr 2014 lediglich zwei atypische BSE-Fälle diagnostiziert.

### **Tuberkulose der Rinder**

Im Vergleich zum Jahr 2013 mit 46 Ausbrüchen ging die Anzahl im Jahr 2014 auf 13 Ausbrüche, in den Bundesländern Bayern (9), Saarland (2) und Niedersachsen (2), zurück.

Ein Ausbruch wurde im Zuge eines lokalen Monitoring Programms festgestellt, drei bei Kontaktuntersuchungen, vier bei Bestandsuntersuchungen, weitere vier Fälle bei der amtlichen Fleisch- bzw. Schlachttieruntersuchung, ein Fall auf Grund klinischer Symptome und zwei bei angeordneten Bestandsuntersuchungen.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,008%. Dies liegt weit unterhalb des gegenwärtig festgelegten Grenzwertes von 0,1 %.

### **Ansteckende Blutarmut der Einhufer**

Im Dezember 2014 wurde im Freistaat Sachsen in zwei Beständen bei insgesamt fünf Reitpferden die ansteckende Blutarmut der Einhufer nachgewiesen. Insgesamt wurden seit Dezember 2014 160 Pferde in 16 Beständen mit negativem Ergebnis untersucht. Die Untersuchungen wurden über den Berichtszeitraum hinaus weitergeführt und wenigstens ein weiteres positives Tier identifiziert.

### **Rotz**

Bei einem Sportpferd wurde im Rahmen einer Exportuntersuchung im Dezember 2014 ein positives Ergebnis für Rotz in der Komplementbindungsreaktion (KBR) festgestellt. Der vorliegende Fall von Rotz stellt das erste (Wieder-)Auftreten der Erkrankung in der heimischen Equidenpopulation seit 1955 dar. Die epidemiologischen Untersuchungen sowie ein Risiko-basiertes Monitoring wurden erst im Jahr 2015 mit negativem Ergebnis abgeschlossen und der Ausbruch für erloschen erklärt.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 1: Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen in den Jahren 2005 bis 2014 gemäß TSN  
(Stand: 15.07.2015)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Affenpocken	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Amerikanische Faulbrut	309	174	257	150	164	193	206	268	229	271
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	-	7	2	10	5	27	5	12	-	2
Ansteckende Schweinelähmung (Teschener Krankheit)*	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Aujeszkysche Krankheit**	-	-	-	-	4	3	-	-	-	1
Blauzungenkrankheit	-	890	20812	5124	145	-	-	-	-	-
Bovine Herpesvirus Typ-1-Infektion (alle Formen)	51	31	32	25	42	40	31	26	14	19
Bovine Virus Diarrhoe	1018	1576	1342	1317	1584	5374	8568	4391	2163	1050
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	-	2	-	6	3	-	1	-	-	-
Enzootische Leukose der Rinder	15	12	9	7	4	1	2	3	2	-
Geflügelpest (HPAI)	-	336	332	33	7	-	-	-	-	3
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	12	12	6	6	6	5	9	6	5	16
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	-	49	230	173	109	111	76	73	70	49
Milzbrand	-	-	-	-	2	-	-	1	-	1
Newcastle Krankheit	-	-	-	1	-	2	-	-	-	-
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	-	-	-	-	-	3	23	3	10	2
Rauschbrand	15	48	23	34	14	22	13	10	6	6
Salmonellose der Rinder	107	122	101	123	84	98	111	102	77	70
Klassische Schweinepest	24	52	11	-	52	-	-	-	-	-
Tollwut	59	12	6	11	5	6	11	14	10	7
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)	59	39	20	9	14	13	19	8	7	13
Tuberkulose der Rinder ( <i>Mykobakterium bovis</i> und <i>Mykobakterium caprae</i> )	6	5	12	23	23	11	5	23	46	13
Vibrionenseuche der Rinder	4	6	7	9	6	-	1	3	3	2
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	36	33	28	32	36	24	22	12	12	19

\*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 2014 gemäß TSN  
 (Stand: 15.07.2015)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Ges
Amerikanische Faulbrut	0	4	15	31	30	40	49	35	26	21	16	4	271
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
Aujeszkysche Krankheit	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)	3	0	2	0	1	1	2	5	1	0	2	2	19
Bovine Virus Diarrhoe	120	135	86	79	84	78	108	100	71	74	76	39	1050
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Geflügelpest	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	3
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	0	2	1	0	2	1	1	1	1	4	1	2	16
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	0	0	0	0	1	1	19	13	12	3	0	0	49
Milzbrand	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2
Rauschbrand	0	0	0	1	0	1	1	0	2	0	0	1	6
Salmonellose der Rinder	4	4	3	1	1	3	7	10	11	11	5	10	70
Tollwut	0	0	0	0	1	1	2	1	1	1	0	0	7
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)	2	4	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	13
Tuberkulose der Rinder ( <i>Mykobakterium bovis</i> und <i>Mykobakterium caprae</i> )	1	3	1	0	3	1	1	0	0	2	1	0	13
Vibrionenseuche der Rinder ( <i>C. fetus</i> )	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	2
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	0	0	4	1	0	5	0	0	1	2	0	6	19

### Meldepflichtige Tierkrankheiten

#### Einführung

Gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (Verkündigungsstand 17. April 2014) unterlag im Jahr 2014 der diagnostische Nachweis von 23 Tierkrankheiten durch die untersuchenden Einrichtungen den jeweils zuständigen Behörden der Meldepflicht. Lediglich für die Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel wurden im Berichtszeitraum keine Fälle gemeldet.

#### Tularämie

Die Zahl der gemeldeten Tularämie-Fälle bei Tieren ist im Jahr 2014 gegenüber den Vorjahren in einigen Bundesländern sprunghaft angestiegen. Insbesondere in Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen und Bayern gab es deutlich höhere Fallzahlen als in den Vorjahren.

Es wird angenommen, dass sporadische humane Fälle von Tularämie sowie Ausbrüche in der Wildtierpopulation zu wesentlich mehr Untersuchungen auf Tularämie und in der Folge zur Meldung höherer Fallzahlen führte.

Tabelle 3: Zusammenfassende Darstellung der meldepflichtigen Tierkrankheiten seit dem Jahr 2009 gemäß TSN (Stand: 15.07.2015)

Meldepflichtige Tierkrankheit	2010	2011	2012	2013	2014
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	5	12	7	15	24
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	252	263	315	548	678
Chlamydiose*	160	182	243	290	289
Echinokokkose	676	853	379	370	168
Equine Virus-Arteritis	11	8	5	6	7
Gumboro Krankheit	4	1	5	9	1
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	11	12	25	14	16
Leptospirose	56	59	90	83	88
Listeriose ( <i>Listeria monocytogenes</i> )	200	148	198	165	141
Maedi/Visna**	39	49	40	23	32
Mareksche Krankheit (akute Form)	47	52	58	46	55
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	2	2	3	1	-
Paratuberkulose	431	482	468	499	515
Q-Fieber	138	176	246	205	291
Salmonellose ( <i>Salmonella</i> spp. außer Rind)	908	1004	1189	1132	1265
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	6	0	3	4	21
Schmallenberg-Virus-Infektion***		8	2052	436	51
Toxoplasmose	33	30	42	18	27
Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines	0	5	1	0	1
Tuberkulose ausgenommen <i>Mycobacterium bovis</i> und <i>Mycobacterium caprae</i> bei Rindern	93	101	88	81	126
Tularämie	25	11	20	30	70
Verotoxin (=Shiga-Toxin)-bildende <i>Escherichia coli</i>	4	26	21	44	33
Visna	1	-	-	-	-
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	11	10	2	12	1

\* 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)

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 4: Mitteilungen zu den meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2014 gemäß TSN  
(Stand: 15.07.2015)

Meldepflichtige Tierkrankheit	Einhufer	Rinder	Schweine	Schafe	Ziegen	Hunde	Katzen	Hasen	Puten	Gänse	Enten	Hühner	Tauben	Andere
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	24	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Campylobacteriose (thermophile <i>Campylobacter</i> )	0	45	0	5	2	436	104	0	2	3	4	52	0	25
Chlamydiose ( <i>Chlamydomphila</i> spp.)*	0	156	1	34	2	0	6	0	0	2	2	14	27	45
Echinokokkose	0	0	0	1	0	6	0	0	0	0	0	0	0	161
Equine Virus-Arteritis	7	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	1	0	0
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	0	0
Leptospirose	0	11	64	2	0	9	0	0	0	0	0	0	0	2
Listeriose ( <i>Listeria monocytogenes</i> )	0	61	1	35	13	0	0	0	0	0	0	11	0	20
Maedi/Visna**	0	0	0	29	3	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Mareksche Krankheit (akute Form)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	54	0	1
Paratuberkulose	0	502	0	8	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Q-Fieber	0	273	0	17	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Salmonellose ( <i>Salmonella</i> spp. außer Rind)	16	0	616	57	2	158	32	0	5	8	5	102	64	201
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	0	0	1	0	0	0	19	0	0	0	0	0	0	1
Schmallenberg-Virus-Infektion***	0	44	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Toxoplasmose	0	0	0	3	1	0	18	1	0	0	0	0	0	4
Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tuberkulose ausgenommen <i>M. bovis</i>	0	1	15	0	0	0	0	0	0	0	1	44	5	60
Tularämie	0	0	0	0	0	0	0	67	0	0	0	0	0	3
Verotoxin-bildende <i>Escherichia coli</i>	0	5	25	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1

\* 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 haemorrhagic fever with high mortality rates in pigs (domestic and feral), but persistently infects its natural hosts, warthogs, bushpigs, and soft ticks of the *Ornithodoros* genus, with no disease signs. The latter one likely acts as a vector for transmission between reservoir hosts.

Once introduced into domestic pigs (and 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 Wirte 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, d.h., in Tiergruppen kann sich die Infektion u. U. sehr langsam ausbreiten oder gar zum Erliegen kommen.

Die aktuellen ASPV-Isolate aus den Transkaukasischen Ländern, der Russischen Föderation, Polen und dem Baltikum sind ausnahmslos 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 %, wobei Einzeltiere die Infektion überleben können. Deren Rolle als mögliche Langzeitträger des Virus wird derzeit untersucht.



Das Kardinalsymptom der Erkrankung 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 gastrointestinale 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 und besitzen keine neutralisierenden Eigenschaften.

Zu den Befunden, die nach Infektionen mit den kaukasischen und auch dem sardischen ASPV-Isolaten erhoben wurden, gehörten insbesondere vergrößerte, hämorrhagische Lymphknoten im Leber-/Magenbereich (s. Abb. 1), Lungenödeme, Petechien in den Nieren (s. Abb. 2) und der Harnblase sowie hämorrhagische Gastritiden und Gallenblasenwand und -bettödeme. Eine ausgeprägte Splenomegalie, wie sie in Lehrbüchern beschrieben wird, ist nicht immer zu finden.

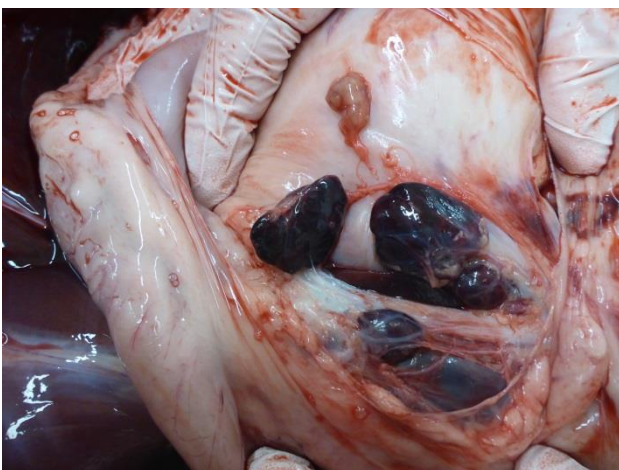


Abb. 1: vergrößerte, hämorrhagische Lymphknoten im Bereich des Magens bei einem ASPV-infizierten Tier



Abb. 2: Petechien in einer Niere bei einem experimentell mit ASPV infizierten Tier

### 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. Lagerungsstudien haben gezeigt, dass auch stark vergammelte Organproben eine verlässliche Genomdetektion zulassen, so dass auch in Verwesung befindliche Tierkörper untersucht werden können. 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 möglichen Schweinepestinfektion an die zuständigen Untersuchungseinrichtungen der Länder weitergeleitet werden sollten. Die Methodik steht in den entsprechenden Laboren zur Verfügung und wird regelmäßig durch Ringversuche überprüft. Inzwischen sind verschiedene serologische Verfahren und Genomdetektionsverfahren zugelassen.



### **Statistische Angaben**

Aufgrund der Entwicklung in den östlichen Nachbarländern der EU und der daraus resultierenden geänderten Bedrohungslage innerhalb der EU ist die ASP 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.

### 2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen - American foulbrood

Schäfer, M. O.

#### Summary

With 271 affected apiaries the number of outbreaks of American foulbrood (AFB) in Germany in 2014 was below the average over the last 19 years ( $\bar{x}$  = 292). 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 2014 mit 271 betroffenen Bienenständen unter dem Durchschnitt der letzten 19 Jahre ( $\bar{x}$  = 292; 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. 110.000 Imkern ca. 750.000 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 Inte-

resses an Bienen und deren Bestäubungsleistung Jahr für Jahr ein leichter Anstieg verzeichnet. Die meisten AFB-Ausbrüche wurden 2014 in Bayern festgestellt (102 Bienenstände), wo sich die Anzahl im Vergleich zum Vorjahr verdoppelt hat. Es folgen Nordrhein-Westfalen mit 42 und Niedersachsen mit 23 AFB-Ausbrüchen. In Hessen und Rheinland-Pfalz (jeweils 20 gemeldete AFB-Ausbrüche) stieg die Anzahl im Vergleich zu 2013 um mehr als 50%. Die Hintergründe hierfür bleiben offen.

#### Staatliche Maßnahmen

Die Amerikanische Faulbrut ist eine anzeigepflichtige Tierseuche nach der Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen vom 19. Juli 2011 (BGBl. I S. 1404), die zuletzt durch Artikel 6 der Verordnung vom 29. Dezember 2014 (BGBl. I S. 2481) geändert worden ist in der jeweils geltenden Fassung. Die AFB wird nach den Bestimmungen der Bienenseuchen-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 3.11.2004 (BGBl. I S. 2738), die zuletzt durch Artikel 7 der Verordnung vom 17. April 2014 (BGBl. I S. 388) geändert worden ist, in der jeweils geltenden Fassung 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 Verdeckelung der Brutzellen, wird in den Zellen in der Regel entweder eine breiige, mickkaffeebraun ver-

färbte, 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: 09.11.2015)

Jahr	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Bienenstände	264	290	483	480	419	445	287	399	268	260	309	174	257	150	164	193	207	268	229	269

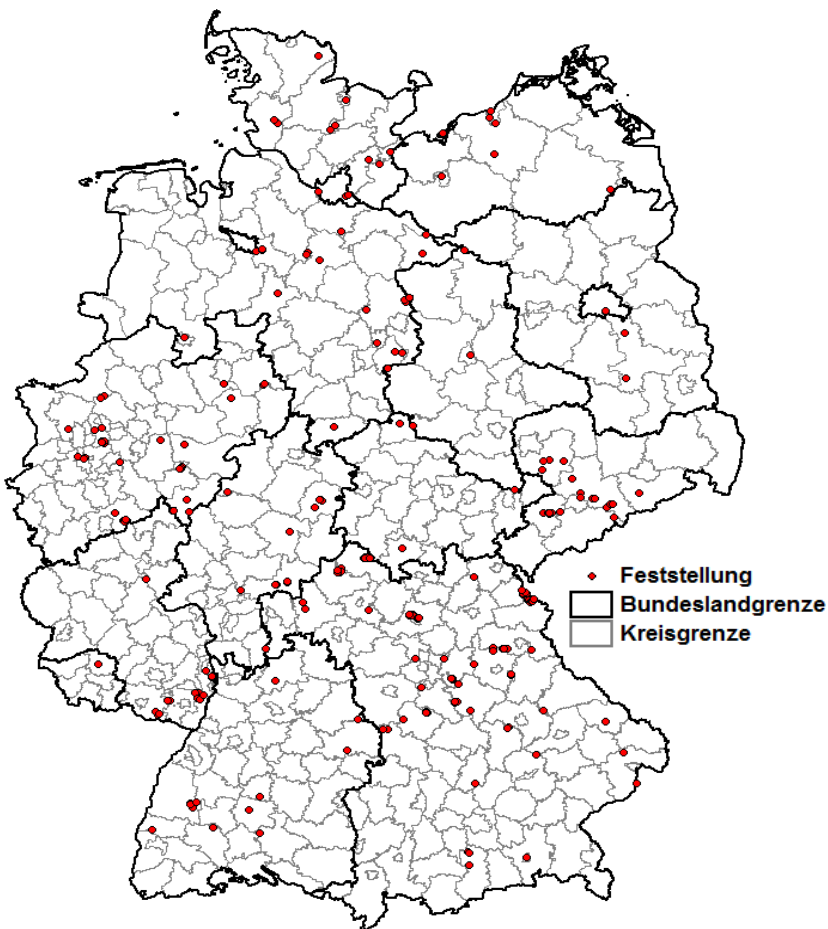


Abbildung 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2014 angezeigten Neuausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen (TSN; Stichtag: 18.08.2015)

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

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

#### Summary

In 2014 no case of Aujeszky's disease (AD, pseudorabies) was reported in domestic pigs in Germany. However, on 07 January 2014 laboratory diagnosis of pseudorabies was confirmed in a dog in the city of Freiburg, Baden-Württemberg. Epidemiological tracing back revealed that contact to wild boar had been the likely source of infection. Although Germany has been officially free from AD in the domestic pig population since 2003, like in many other European countries highly adapted PrV variants are circulating in the wild boar population. In the frame of the nationwide targeted serological monitoring on PrV in wild boar, in 2014 a total of 22,560 wild boar sera from eight federal states were tested for the presence of PrV specific antibodies using commercial ELISA tests, 3,478 of which tested positive. The data suggest that PrV infections in wild boar populations continue to spread.

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 preventive measures are implemented to prevent transmission of PRV from wild boar to domestic pigs. Measures as laid down in the German national directive on pig sanitary measures („Schweinehaltungshygieneverordnung“) and the national legislation on Aujeszky's disease are considered adequate to prevent spillover infections from wild boar to domestic pigs.

#### Zusammenfassung

In 2014 wurde kein Fall von Aujeszky'scher Krankheit (AK) bei Hausschweinen in Deutschland nachgewiesen. Am 07. Januar 2014 wurde jedoch AK bei einem Hund aus der Stadt Freiburg, Baden-Württemberg, labordiagnostisch bestätigt und amtlich festgestellt. Epidemiologische Nachfolgeuntersuchungen ergeben Kontakt zu Schwarzwild als die wahrscheinlichste Infektionsquelle. 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. Im Rahmen des bundesweiten serologischen Monitoring der Schwarzwildpopulationen auf AK-spezifische Antikörper wurde in 2014 insgesamt 22.560 Schwarzwildseren aus acht Bundesländern auf das Vorhandensein von spezifischen Antikörpern mit kommerziellen ELISA-Tests getestet, von denen 3.478 positive reagierten. Die Daten lassen eine weitere Ausbreitungstendenz vermuten. Das Vorkommen von PrV im Schwarzwildbestand gefährdet den AK-freien Status der Hausschweinebestände nach den Kriterien des Terrestrial Animal Codes der OIE nicht, sofern adäquate Sicherheitsmaßnahmen, wie in der Schweinehaltungshygieneverordnung oder AK-VO dargelegt, implementiert sind, die ein Übergreifen der Infektion auf Hausschweinebestände verhindern.

#### 4. Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen - Bovine, Porcine, Ovine and Caprine Brucellosis

Melzer, F.

##### Summary

Brucellosis outbreaks were notified in one outdoor pig farm in Mecklenburg-Western Pomerania. The outbreak was detected by serological and PCR methods and confirmed by isolation of the bacterium *Brucella suis* biovar 2.

##### Zusammenfassung

Im Jahr 2014 wurden je ein Brucelloseausbruch in einer Freilandhaltung in Mecklenburg-Vorpommern angezeigt. Der Ausbruchsverdacht wurde mittels serologischer und molekularbiologischer Methoden begründet und endgültig nach Erregeranzucht von *Brucella (B.) suis* Biovar 2 bestätigt.

##### Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Brucellose werden in den Untersuchungsämtern bzw. vergleichbaren Einrichtungen der Bundesländer durchgeführt. Das NRL wird in diesem Zusammenhang nur bei sog. nicht-negativen Befunden zur Abklärung einbezogen. Die hierbei verwendeten serologischen, mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ des OIE aufgeführt. Darauf wird in den verschiedenen geltenden Verordnungen und Richtlinien Bezug genommen.

Beim Ausbruchsgeschehen in Mecklenburg-Vorpommern (Anfang Oktober 2014) war bei der Untersuchung der Ursache für einen Spätabort bei einer Sau, die gleichzeitig serologisch positiv in Rose-Bengal-Test (RBT) und in der Serumlangsamagglutination (SLA), aber negativ in der Komplementbindungsreaktion (KBR) getestet worden war, im Abortmaterial *Brucella* spezifische DNA mittels Realtime PCR nachgewiesen werden. Ein verdächtiges

Isolat konnte am NRL als *B. suis* 2 identifiziert werden. In einer amtlich angeordnete Bestandsuntersuchung wurden im RBT 41% und in der KBR 26% der untersuchten Tiere positiv befundet.

##### Statistische Angaben

Deutschland ist offiziell frei von Brucellose der Rinder, Schafe und Ziegen. Die Brucellosefreiheit wird durch serologische Bestandsuntersuchungen bei diesen Tierarten und durch die vorgeschriebene Untersuchung von Aborten (Rinder) auf Brucellose überwacht. In Deutschland waren das im Jahr 2014 z.B. Serumproben von ca. 774000 Rinder aus ca. 22000 Beständen und ca. 90000 Sammelmilchproben aus ca. 40000 Beständen und ca. 3200 Aborte (Quelle: Brucellose - Rind - Berichtsbogen; Anhang II; Entscheidung 2003/886/EG der Kommission vom 10. Dezember 2003 zur Festlegung der Kriterien für die Übermittlung von Angaben gemäß der Richtlinie 64/432/EWG des Rates). Die Überwachungsuntersuchungen bei Schafen und Ziegen werden nach einem speziellen Probenschlüssel für jedes Bundesland stichprobenartig durchgeführt. Der Probenumfang betrug im Jahr 2014 51563 Tiere (1816 Haltungen) von insgesamt erfassten 2335472 Tieren (123302 Schaf- und Ziegenhaltungen). Es wurden im Jahr 2014 keine Ausbrüche von Brucellose bei Rindern, Schafen und Ziegen festgestellt. Schweinehaltungen unterliegen in Deutschland keiner generellen Untersuchungspflicht. Tiere werden im Rahmen von Exporten oder vor Einstellung in Besamungsstationen serologisch auf Brucellose untersucht. In Mecklenburg-Vorpommern existiert für Freilandhaltungen ein spezielles Überwachungsprogramm und diese Bestände werden turnusmäßig serologisch untersucht.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Alle durch Anzucht bestätigten Brucelloseausbrüche in den Jahren 2003 bis 2014 waren nicht in konventionellen Haltungen, sondern in Schweinefreilandhaltungsformen zu verzeichnen.

### Epidemiologische Untersuchungen

In einigen Bundesländern existiert ein Brucellosemonitoring für Wildschweine. Die dabei erzielten Ergebnisse bestätigen das Wildschwein als natürliches Reservoir für *Brucella suis* 2 in Deutschland. Am NRL wurden 2014 insgesamt 9 Isolate von Wildschweinen als *B. suis* 2 identifiziert. Hinzu kamen 4 *B. suis* 2 Isolate vom Feldhasen. Auch diese Tierart gilt als Erregerreservoir.

### Forschung

In Zusammenarbeit mit Kollegen aus Untersuchungseinrichtungen in Baden-Württemberg konnte der erstmalige Nachweis von *B. suis* 2 bei einem Reh publiziert werden (Sting et al., 2014).

In einem gemeinsamen Projekt mit ägyptischen Kooperationspartnern gelang durch die Anwendung hochsensitiver molekularbiologischer Untersuchungsmethoden der Nachweis von *Brucella meli-*

*tensis* spezifischer DNA in Milchproben von Rindern und Büffeln. Das beweist: Die ansonsten meist bei Schaf und Ziege vorkommende Spezies *B. melitensis* kann sich unter den gegebenen Bedingungen der gemeinsamen Haltung auch bei Rindern und Büffeln manifestieren. *B. melitensis* ist besonders virulent für den Menschen. Da von diesen Tieren Milch, auch in Rohform, für den menschlichen Konsum genutzt wird, ist hier ein wesentlicher Grund für die Verbreitung der Humanbrucellose in Ägypten zu sehen.

### Staatliche Maßnahmen

Die Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen ist eine anzeigepflichtige Tierseuche nach der Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen. Ein Ausbruch der Seuche liegt vor, wenn diese durch bakteriologische oder serologische Untersuchungsverfahren festgestellt ist. Die Brucellose wird nach den Bestimmungen der Brucelloseverordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 20.12.2005 (BGBl. I S. 3601) staatlich bekämpft und ist von der durch *Brucella ovis* hervorgerufenen Ovinen Epididymitis abzugrenzen.

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der Brucellose beim Schwein in Deutschland seit 2003 (TSN; Stichtag: 11.05.2015)

Jahr	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Brucellose beim Schwein	0	1	0	1	0	6	2	0	1	0	0	1

## 5. Geflügelpest - Avian Influenza

Harder, T.

### Summary

Infections with highly pathogenic avian influenza viruses (HPAIV) of subtype H5N8 occurred in three poultry holdings in Germany in November 2014. In addition, and at the same time, two wild birds (mallard and common teal) were found to be infected with an HPAIV of the same subtype. Notifiable infections with avian influenza viruses of low pathogenicity (LPAIV) of subtype H5 were reported from two poultry holdings. Restriction measures were sufficient to confine all notifiable AIV outbreaks at their index holdings prohibiting any secondary outbreaks. Similar to the situation in 2013, a high incidence of non-notifiable AIV infections of subtype H9N2 (at least 238 holdings affected) were observed in turkey holdings particularly in the Federal State of Lower Saxony. Incursions with other non-notifiable subtypes of AIV were detected at nine further poultry holdings.

A total of 83 out of 6216 samples (1.3%) obtained from wild birds tested positive for AIV. More than 90% of positive samples originated from active monitoring. The majority of AIV positive wild birds were detected during October-December. Low pathogenic viruses of subtype H5 were detected in six cases.

### Zusammenfassung

Infektionen mit hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV) des Subtyps H5N8 wurden in Deutschland im November 2014 erstmals in drei Geflügelbeständen sowie zeitgleich in zwei Wildvögeln (Stockente, Krickente) nachgewiesen; die Ausbrüche konnten in den Indexbeständen eradiziert werden. Anzeigepflichtige Infektionen mit aviären Influenzaviren niedriger Pathogenität des Subtyps H5 wurden in zwei Geflügelhaltungen detektiert und ebenfalls durch Bestandsräumungen

eradiziert. Infektionen mit H9N2 Viren, die weder anzeige- noch meldepflichtig sind, traten wie bereits 2013 verbreitet vor allem in Putenbeständen Niedersachsens auf (mindestens 238 Fälle). Weitere neun Geflügelbestände waren von nicht-anzeigepflichtigen Infektionen mit anderen Subtypen aviärer Influenzaviren betroffen.

Insgesamt 83 von 6216 getesteten von Wildvögeln stammenden Proben (1.3%) wurden positiv für AIV befundet. Mehr als 90% der Nachweise stammen aus der Untersuchung lebender Wildvögel (aktives Monitoring). Die Mehrzahl dieser Proben stammt aus den Monaten Oktober bis Dezember. In sechs Fällen wurde niedrigpathogenes Virus des Subtyps H5 nachgewiesen.

### Nachweis hochpathogener aviärer Influenza (HPAI) in Deutschland und Europa

Sowohl in Geflügelhaltungen als auch bei Wildvögeln in Deutschland und drei weiteren EU Mitgliedsstaaten wurde 2014 hochpathogenes aviäres Influenzavirus (HPAIV) nachgewiesen. In allen Fällen handelte es sich um Viren des Subtyps H5N8, die eine enge Verwandtschaft mit zuvor in Südkorea und Japan detektierten HPAIV H5N8 aufwiesen. Die Ausbrüche wurden ab November 2014 registriert. In Deutschland waren insgesamt drei Geflügelhaltungen betroffen (Tabelle 1; Harder et al., 2015, im Druck). In allen Fällen konnte das Virus im Ausbruchsbestand durch Maßnahmen der Bestandsräumung, Reinigung und Desinfektion der Ställe sowie eine Wiederbesetzungssperre eradiziert werden; es kam zu keinen Sekundärausbrüchen. Auch Geflügelbestände in den Niederlanden (5 Ausbrüche), dem Vereinigten Königreich und Italien (jeweils 1 Ausbruch) waren von HPAIV H5N8 betroffen. Eine direkte Eintragsquelle in keinem Fall identifiziert. Eintragsrouten über kontaminiertes



Futter, Wasser etc. konnten jedoch ausgeschlossen werden; auch bestand kein epidemiologischer Zusammenhang zwischen den Ausbrüchen innerhalb Deutschland sowie mit anderen betroffenen Mitgliedsstaaten. Verbindungen zwischen vormaligen Ursprungsgebieten dieser Viren in Südostasien und den europäischen Ausbruchsorten durch Handel mit Geflügel, Futter o.ä. Produkte konnten ebenfalls ausgeschlossen werden. Allerdings wurde das Virus auch in Wildvögeln in Deutschland (je eine Krick- und Stockente; Tabelle 6) sowie in den Niederlanden (2 Europäische Pfeifenten) gefunden, was den Verdacht einer indirekten Viruseinschleppung durch infizierte Wildvögel in die Ausbruchsbestände begründet. Subklinisch mit HPAIV H5N8 infizierte Wildvögel gelten bislang auch als wahrscheinlichste Quelle einer relaisartigen Übertragungskette dieser Viren aus dem südostasiatischen Raum bis nach Europa (Adlhoch et al., 2014; Verhagen et al., 2015).

### **LPAI Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland**

Infektionen mit niedrigpathogenen aviären Influenzaviren (low pathogenic avian influenza, LPAI) des Subtyps H5 wurden bei gehaltenen Vögeln in Deutschland 2014 in zwei Fällen nachgewiesen (Tabelle 1). Hiervon waren eine größere Freiland-gehennenanlage (H5N1 LP) sowie eine kleinere Freilandhaltung verschiedener Geflügelarten (H5N2 LP) betroffen. In beiden Fällen führten Bestandsräumungen zum Erlöschen der Ausbrüche. Die initialen Eintragsquellen dieser Infektionen, zwischen denen keinerlei epidemiologischer Zusammenhang bestand, konnte nicht ermittelt werden. Infektionen mit AIV des Subtyps H7 konnten 2014 nicht nachgewiesen werden. Neben diesen anzeigepflichtigen Infektionen wurden weitere Fälle von AI Infektionen bei gehaltenen Vögeln detektiert (Tabelle 2: Nicht-anzeigepflichtig). Infektionen mit diesen Subtypen

sind jedoch weder anzeige- noch meldepflichtig, sofern diese nicht aufgrund 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. Auffallend ist die hohe Inzidenz von H9N2 Infektionen in Putenbeständen, vor allem in Niedersachsen (n ≥ 238). Bereits 2013 wurden H9N2 Infektionen in dieser Region beobachtet; die Ausbrüche haben sich in 2014 fortgesetzt. Gesicherte epidemiologische Daten zu den H9N2 Ausbrüchen konnten nicht erhoben werden, da weder Anzeigepflicht noch Meldepflicht für diese Infektionen bestehen. Auf Antrag genehmigt das Land Niedersachsen Impfungen mit bestandseigenen (autogenen) H9N2 Impfstoffen. Im Antragsverfahren fällt dem NRL AI dabei die Aufgabe zu, H9N2 Isolate, die als autogener Impfstoff vorgesehen sind, auf Freiheit von Kontaminationen mit AIV der Subtypen H5 und H7 zu untersuchen und die Identität „H9N2“ zu bestätigen.

Die darüber hinaus nachgewiesenen AIV Infektionen mit weiteren Subtypen resultieren im Wesentlichen aus Zufallsbefunden im Rahmen von Umgebungsuntersuchungen in den Restriktionsgebieten, die im Zuge der HPAI H5N8 Ausbrüche errichtet wurden. Das serologische bundesweite Monitoring von 699 (Vorjahr: 456) Geflügelbeständen (Tabelle 3) ergab in wenigen Fällen (n=10) Hinweise auf bestehende bzw. abgelaufene anzeigepflichtige AI Infektionen. Der Wert des Seromonitoring von Geflügelbeständen ergibt sich insbesondere bei Freitestung von Beständen in HPAI und LPAI Restriktionsgebieten. Daneben bleibt das Geflügelseromonitoring essentieller Bestandteil einer aktiven Surveillance von Geflügelbeständen in Bezug auf aviäre Influenza.

### **Monitoring von Wildvögeln in Deutschland**

AIV werden in Deutschland regelmäßig in Wildvögeln, die am bzw. auf dem Wasser leben (Gänsevö-



gel, Regenpfeiferartige, Lappentaucherartige und Schreitvögel), nachgewiesen. Dies umfasst auch niedrigpathogene Viren der Subtypen H5 und H7. 2014 wurden in Deutschland 6.216 Wildvögel (Vorjahr: 3.697) auf AIV Infektionen untersucht (Tabelle 4). Gegenüber dem Vorjahr sind die Untersuchungszahlen um 68% gestiegen; dieser Anstieg, der sich insbesondere auf das aktive Monitoring (Tabelle 4A: lebend beprobte und erlegte Vögel) bezieht, ist vor allem auf erhöhte Surveillanceaktivität in der Folge der HPAIV H5N8 Ausbrüche in Geflügel ab November des Jahres zurückzuführen. Kofinanzierungsfähig durch die EU sind allerdings nur Untersuchungen im Rahmen der passiven Surveillance. Diese belaufen sich auf 1.433 Proben (Tabelle 4A; Anstieg um 18% gegenüber dem Vorjahr) und machen damit 23% des Gesamtuntersuchungsgutes aus (Vorjahr: 32,6%). Die Probennahmen erfolgten vor allem gegen Ende des Jahres (Tabelle 4B).

Aus Tabelle 5 wird deutlich, dass im aktiven Monitoring vor allem Proben von Wildgänsen und Wildenten 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 und dem aktiven Monitoring zuzuordnen sind, den größten Teil ein. In den Tabellen 4 und 5 sind auch 377 Proben von Sentinelenten der Station auf der Insel Koos (Greifswalder Bodden) enthalten, die im Rahmen eines FLI-Projektes entnommen wurden. AIV Nachweise (insgesamt 83, Vorjahr: 64; Tabelle 5) stammen aus Singschwänen (n=2), Grau- und Nonnengänsen (n=8), Watvögeln und Möwen (Teichhuhn n=2, Silbermöwe n=1) sowie von Stockenten (n=69) und Krickenten (n=1). Der Anteil AIV

positiv getesteter Wildvögel an der Gesamtzahl untersuchter Wildvogelproben beträgt 1,4% und liegt damit im Bereich der in den Vorjahren erzielten Werte. Diese Werte entsprechen den langjährigen Mitteln der Inzidenz von AIV Infektionen bei Wildvögeln in Mitteleuropa. Mehr als 90% der Nachweise sind auf Proben zurückzuführen, die dem aktiven Monitoring entstammen.

In der Sentinelanlage des FLI im Greifswalder Bodden konnten in sieben von 377 untersuchten Tupferproben AIV detektiert werden. In allen Fällen war die nachgewiesene Viruslast der Proben zu gering, um eine weitere Typisierung vornehmen zu können.

Das Spektrum subtypspezifisch charakterisierter positiver Proben weist für 2014 sechs Nachweise niedrigpathogener H5 Viren aus (Tabelle 6). Weiterhin konnten zeitgleich mit den HPAIV H5N8 Ausbrüchen in Geflügelbeständen auch in zwei Wildenten (Stockente, Krickente) HPAIV H5N8 gefunden werden. Ein epidemiologischer Zusammenhang zwischen dem Auftreten dieses Virus in Wildvögeln und Ausbrüchen in Geflügelbeständen erscheint wahrscheinlich.

Die Mehrzahl der AIV Nachweise in Wildvögeln 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, H5, 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 vereiteln.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 1: Anzeigepflichtige AI Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2014 (Quelle: TSN)

Bundesland	Subtyp	Pathotyp	Spezies	Bestandsgröße	Nutzung
Niedersachsen	H5N1	LP	Huhn	38323	Freilandlegehennen
Nordrhein-Westfalen	H5N2	LP	Pute	1500	Gemischter Freilandbestand
Mecklenburg-Vorpommern	H5N8	HP	Pute	31000	Mast
Niedersachsen	H5N8	HP	Pute	14400	Mast
Niedersachsen	H5N8	HP	Ente	11000	Mast

Tabelle 2: Nicht-anzeigepflichtige AI Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2014

Bundesland	Subtyp	Spezies	N
Niedersachsen	H6N2	Huhn	1
Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, etc.?	H9N2	Pute, etc.?	238
Nordrhein-Westfalen	SIV H1N2	Pute	1
Nordrhein-Westfalen	AIV	Ente	1
Mecklenburg-Vorpommern	AIV	Ente	1
Mecklenburg-Vorpommern	HxN1	Ente	1
Mecklenburg-Vorpommern	H11N9	Ente, Gans	1
Mecklenburg-Vorpommern	H1N1	Ente	1
Mecklenburg-Vorpommern	AIV	Gans	1
Schleswig-Holstein	AIV	Ente	1

Tabelle 3: Umfang des Seromonitoring in Hausgeflügelbeständen in Deutschland, 2014.

Bundesland	Geflügelkategorie								Gesamt	
	Wasser- geflügel		Huhn		Pute		Andere		Soll	Ist
	Soll	Ist	Soll	Ist	Soll	Ist	Soll	Ist		
Brandenburg	16	11	5	1	10	12	3	16	34	40
Berlin	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0
Baden-Württemberg	17	5	3	4	10	11	0	15	30	35
Bayern	42	12	15	4	12	10	3	41	72	67
Bremen	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hessen	7	2	3	2	2	2	2	5	14	11
Hamburg	0	0	0	0	0	0	4	4	4	4
Mecklenburg-Vorpommern	16	31	15	78	5	11	3	62	39	182
Niedersachsen	80	46	60	57	40	44	3	34	183	181
Nordrhein-Westfalen	36	9	18	18	20	15	3	17	77	59
Rheinland-Pfalz	4	4	3	3	1	1	2	0	10	8
Schleswig-Holstein	15	10	3	2	1	1	2	6	21	19
Saarland	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Sachsen	22	0	5	0	2	0	32	32	61	32
Sachsen-Anhalt	20	0	15	0	15	14	2	31	52	45
Thüringen	8	8	5	3	2	4	2	1	17	16
<b>Gesamt</b>	<b>283</b>	<b>138</b>	<b>150</b>	<b>172</b>	<b>120</b>	<b>125</b>	<b>63</b>	<b>264</b>	<b>616</b>	<b>699</b>

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 4: Untersuchungsumfang in Bezug auf aviäre Influenzaviren bei Wildvögeln in den Bundesländern Deutschlands, 2014 (Quelle: AI-DB, FLI, Institut f. Epidemiologie)

### A. Zustand des beprobten Vogels

Bundesland	Zustand des beprobten Vogels							Bilanz		
	frisch tot gefunden	länger tot gefunden	erlegt	krank erlegt	lebend	krank	tot, Tierfraß	Gesamt Passiv <sup>a</sup>	Gesamt Aktiv <sup>b</sup>	Gesamt total
Brandenburg	90	3	166	18	15	5	0	116	181	297
Berlin	28	0	0	0	0	0	0	28	0	28
Baden-Württemberg	120	35	164	9	594	1	0	165	758	923
Bayern	24	9	169	0	0	0	0	33	169	202
Bremen	0	0	32	1	0	0	0	1	32	33
Hessen	185	0	180	0	348	0	0	185	528	713
Hamburg	39	10	13	0	25	0	0	49	38	87
Mecklenburg-Vorpommern	58	6	184	1	1488	0	0	65	1672	1359
Niedersachsen	74	1	458	10	294	2	0	87	752	839
Nordrhein-Westfalen	18	89	56	0	0	0	0	107	56	163
Rheinland-Pfalz	13	2	0	1	58	0	0	16	58	74
Schleswig-Holstein	207	0	0	0	246	0	0	207	246	453
Saarland	4	0	0	0	7	2	0	6	7	13
Sachsen	255	0	0	0	0	0	0	255	0	255
Sachsen-Anhalt	20	11	161	2	3	0	1	34	164	198
Thüringen	77	0	109	0	13	0	2	79	122	201
<b>Gesamt</b>	<b>1212</b>	<b>166</b>	<b>1692</b>	<b>42</b>	<b>3091</b>	<b>10</b>	<b>3</b>	<b>1433</b>	<b>4783</b>	<b>6216</b>

<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	3	8	13	14	16	15	4	12	107	19	15	71	297
Berlin	7	2	1	3	3	4	1	3	3	0	1	0	28
Baden-Württemberg	43	2	71	61	88	73	65	71	54	67	80	248	923
Bayern	26	3	0	1	0	3	0	5	5	1	35	123	202
Bremen	17	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	1	33
Hessen	21	17	18	13	46	64	52	60	64	85	131	142	713
Hamburg	3	7	3	6	3	3	10	4	0	2	11	35	87
Mecklenburg-Vorpommern	44	125	34	35	185	182	28	46	75	304	229	450	1737
Niedersachsen	58	34	32	6	10	7	11	13	14	206	131	317	839
Nordrhein-Westfalen	8	6	7	12	7	9	19	5	4	5	13	68	163
Rheinland-Pfalz	2	0	0	1	0	0	0	3	0	0	2	66	74
Schleswig-Holstein	0	0	18	15	16	0	1	22	11	15	16	339	453
Saarland	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	10	13
Sachsen	10	10	22	8	13	17	25	16	19	13	19	83	255
Sachsen-Anhalt	0	0	1	3	0	0	3	1	3	1	7	179	198
Thüringen	14	3	1	5	6	1	7	0	11	5	30	118	201
<b>Gesamt</b>	<b>256</b>	<b>217</b>	<b>221</b>	<b>183</b>	<b>393</b>	<b>378</b>	<b>226</b>	<b>261</b>	<b>370</b>	<b>726</b>	<b>735</b>	<b>2250</b>	<b>6216</b>

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 5: Beprobungsstatus von Wildvögeln in Deutschland, 2014 (Quelle: AI-DB, FLI, Institut f. Epidemiologie)

Vogelgruppe	Zustand des beprobten Vogels							Bilanz		Gesamt total
	frisch tot gefunden	länger tot gefunden	erlegt	krank erlegt	lebend	krank	tot, Tierfraß	Gesamt Passiv <sup>a</sup>	Gesamt Aktiv <sup>b</sup>	
Schwäne	129	13	11	5	235	0	1	148	246	394
Wildgänse	56	5	169	3	1563	1	0	65	1732	1797
Wildente	395	14	1328	2	767	0	1	412	2095	2507
Greifvögel	95	19	0	8	10	2	0	124	10	134
Eulen	38	4	0	3	1	2	0	47	1	48
Watvögel	29	3	52	4	406	0	0	36	458	494
Seetaucher	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lappentaucher	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1
Andere	447	19	76	17	102	3	1	487	178	665
<b>Summe</b>	<b>1190</b>	<b>77</b>	<b>1636</b>	<b>42</b>	<b>3084</b>	<b>8</b>	<b>3</b>	<b>1320</b>	<b>4720</b>	<b>6040</b>

<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: AIV Subtypenspektrum bei Wildvögeln in Deutschland 2014

Typisierung			Vogelgruppe			Gesamt	
HA	NA	Pathotyp	Schwan	Wildgans	Wildente		Watvögel
H1	N1			1	3		4
H3	N2				1		1
	N4					1	1
	N8				1	1	2
	Ny				1		1
H4	N6				1		1
H5	N2	LP			1		1
	N3	LP			2		2
	N8	HP			2		2
	N9	LP			1		1
	Ny				2		2
H6	N1			1	1		2
	N2				3		3
	Ny			1			1
H8	N1				1		1
	Ny				2		2
H9	N2		2	2			4
H11	N9				2		2
H16	N3					1	1
Hx	Ny			3	45	1	49
<b>Summe</b>			<b>2</b>	<b>8</b>	<b>69</b>	<b>4</b>	<b>83</b>

x, y Subtyp konnte nicht bestimmt werden

LP „low pathogenicity“, niedrige Pathogenität

HP „high pathogenicity“, hohe Pathogenität

#### Abkürzungen

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

### 6. 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-Lysat von *T. equiperdum* besteht. Molekulare Untersuchungen zur der taxonomischen Einordnung und zur Identifizierung potenziell antigenen Strukturen von *T. equiperdum* und *T. evansi* werden derzeit am Referenzlabor durchgeführt.

#### Labordiagnostische Untersuchungen

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse und die Aktivitäten des NRL aufgelistet.

#### Statistische Angaben

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 vom BMBF geförderten Forschungsprojektes wurden Bedingungen für die Antigenherstellung mittels *in vitro* Kultivierung von *T. equiperdum* erarbeitet, um den derzeit notwendi-

gen Tierversuch verzichtbar zu machen. Dieses Vorhaben konnte erfolgreich abgeschlossen werden. Im Rahmen einer ersten Laborvergleichsuntersuchung mit einer Gruppe von nationalen und internationalen Teilnehmern konnten mit dem alternativen Antigen valide Ergebnisse erzielt werden. Ferner wurden Untersuchungen zur genetischen, immunologischen und biochemischen Charakterisierung der Erreger durchgeführt. Diese Arbeiten sollen fortgeführt werden.

#### 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.

Tabelle 1: Diagnostische Untersuchungen und weitere Aktivitäten zur Erfüllung der hoheitlichen Aufgaben.

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen		0
Erregernachweis		n. d.
Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Positiver Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Zulassungsuntersuchungen/ Chargenprüfungen	Antigenherstellung und -prüfung	0
Abgabe von Referenzmaterialien	22 x Antigen 10 x Kontrollserum	9
Ringtest	Laborvergleichsstudie national	1

n. d. - nicht durchgeführt

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

Homeier, T., 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-eight (97.5 %) percent of all holdings, except fattening units, in Germany are now classified as “BHV-1/BHV-1-gE free” (only 3.344 holdings remain infected), either by vaccination (4.1 %) or without vaccination (95.9 %). 96.4 percent of all respective cattle, except fattening stock, are free from BHV-1 either by vaccination (9.4 %) or without vaccination (90.6 %). Bavaria and Thuringia have already been officially recognized by the EU Commission as being free of BHV-1 in October 2011 and in October 2014, respectively. Additionally, some federal states applied for the status of “freedom from disease” for BHV-1, notably Mecklenburg-Western Pomerania, Saxony-Anhalt, Brandenburg, Saxony and Baden-Württemberg, as well as the city-state Berlin. In 2015, these states were officially recognized by the EU Commission as being free of BHV-1.

After intensifying the control and eradication efforts, the remaining federal states have now closed up and have also made considerable progress. Concerning the BHV-1 status, two types of federal states must be differentiated: regions where most cattle holdings are free without vaccination (“BHV-1-free”) or after finalizing the vaccination programmes, 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 31.12.2014 im Durchschnitt der Ländermeldungen einen Freiheitsgrad von 97,5 Prozent aller unter das Sanierungsprogramm fallender Betriebe erreicht (siehe Abb. 1), davon entweder mit Impfung (4,1 %) oder ohne Impfstoffeinsatz (95,9 %). 3.344 Haltungen sind Ende 2014 nicht BHV-1-freie Betriebe. Nicht erfasst sind hierbei die Mastbestände. Bei den Einzeltieren ohne Berücksichtigung der Masttiere liegt der Freiheitsgrad nun bei 96,4 Prozent, 9,4 % der Rinder davon sind mit Impfung und 90,6 % ungeimpft frei. Nach Bayern wurde auch Thüringen von der EU Kommission durch Durchführungsbeschluss der Kommission 2014/703/EU vom 08. Oktober 2014 zur Änderung der Entscheidung 2004/558/EG hinsichtlich des amtlich anerkannten Status bestimmter Verwaltungsregionen Deutschlands als frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis anerkannt (Bayern erlangte diesen Status bereits 2011). Mecklenburg-Vorpommern, , Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Sachsen, Berlin und Baden-Württemberg haben im Jahr 2014 Anerkennungsverfahren für eine „Artikel 10“-Anerkennung nach der Richtlinie 64/432/EWG eingeleitet (zu Beginn des Jahres

2015 wurde der Status durch die Kommission bestätigt), die Länder Hamburg, Niedersachsen und Hessen reichen im Jahr 2015 entsprechende Anerkennungsanträge ein

Die übrigen Länder inzwischen zur Spitzengruppe freier oder fast freier Bundesländer aufgeschlossen. Dies bedeutet, dass Deutschland dem Ziel der gesamtstaatlichen BHV-1-Freiheit sehr nah ist. 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 neugefassten BHV-1 Verordnung (Neugefasst durch Bek. v. 19.5.2015) 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 Rhinotracheitis (IBR) erlangt und durch entsprechende Änderung im „Annex II“ der Richtlinie **64/432/EWG** ist dies auch bekannt gemacht worden. Für Bayern und Thüringen (in 2015 folgen fünf weitere Länder) 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 und Thüringens nach der EU-Richtlinie **64/432/EWG** durch die EU Kommission im Oktober 2011 und Oktober 2014 wurden kontinuierlich Fortschritte in den übrigen Bundesländern erzielt. Die mitteldeutschen Bundesländer Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Sachsen haben ein gemeinsames Gesuch für ein Antragsverfahren zur „Artikel 10“ Anerkennung mit Impfung einzuleiten. Baden-Württemberg, Hessen und Bremen haben ebenfalls ein entsprechendes Verfahren eingeleitet. 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 2014 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 sind von etwa 3,30 Mio. Proben im Jahr 2013 auf etwa 3,2 Mio. im Jahr 2014 gesunken. Damit einhergehend nahm Anzahl der getesteten Bestände ab (65.305 in 2014 gegenüber 66.306 in 2013). Bei

den Sammelmilchproben ist der Rückgang des Probenaufkommens noch deutlicher. 2014 wurden nur 60.658 Milch- und Mutterkuhbestände getestet, 2.127 Bestände weniger als 2013 (62.785).

### Untersuchungen im OIE und Nationalen Referenzlabor

Dem OIE und Nationalen Referenzlabor (NRL) für BHV-1 ist im Berichtszeitraum 2014 eine umfangreiche Anzahl von Proben zur BHV-1-Abklärung zugeführt worden. 2.095 Serum-, Plasma- und Milchproben sowie 71 sonstige Proben (Organ- oder Zellkulturmaterial, Nukleinsäureextrakte) aus 130 Einsendungen wurden im Zuge hoheitlicher Amtshilfe oder zu Forschungszwecken an das NRL weitergeleitet. Die Schwerpunkte lagen im Jahr 2014 im Bereich von abklärenden serologischen Nachweisuntersuchungen auf dem Gebiet der gE-Markerdiagnostik und auf den Gebieten „Virusnachweis“ und „Differenzierung von ruminanten Herpesviren mittels BHV-1- und Pan-Herpes-PCR“ sowie „Kreuzneutralisationstesten“.

Mehr als 640 Ampullen von Referenzseren und ca. 100 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. 6). Insgesamt ist 2014 ein leichter Anstieg der offiziellen Seuchenfeststellungen zu verzeichnen. Während es 2013 nur 14 Meldungen in TSN kam, davon 4 Meldungen aus Mastbeständen, sind es im Jahre 2014 19 Meldungen, mit 5 Meldungen aus dem reinen Mastbereich. Allerdings sind die Mehrzahl der ge-

meldeten 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 2013)

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

Der positive Trend der letzten Jahre hat sich auch 2014 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 2014 für den Milch- und Mutterkuhbereich, deren Nachzucht und der speziellen weiblichen Jungrinderaufzucht folgender Stand der BHV-1 Bekämpfung für die Bundesrepublik:

97,46 % oder 128.195 Bestände sind „BHV-1 frei“ oder „BHV-1-gE-Antikörper-frei“, dies ist eine weitere Zunahme der freien Bestände um über 2 Prozentpunkte gegenüber dem Vorjahr, allerdings hat sich die Gesamtzahl aller Bestände im gleichen Zeitraum um 1.864 Betriebe weiter verringert.

1,45 oder 1.901 Bestände befinden sich in der Sanierung, dies ist ein Sanierungsfortschritt von etwa 1,0 % gegenüber 2013. Festzuhalten bleibt dabei, dass die in der Sanierung befindlichen Bestände um knapp 44 % abgenommen haben, von 3.374 auf jetzt 1.901 Betriebe.

1,1 % oder 1.443 Betriebe fallen nach wie vor unter die Kategorie „Sonstige nicht BHV-1-freie Bestän-

de“, immerhin ein Rückgang um 0,5 Prozentpunkte 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 erstmals nicht auf die Tierzahlen niedergeschlagen. Die Rinderbestandszahlen im Milch- und Mutterkuhbereich steigen im Vergleich zu 2013 um 220.548 Tiere abgenommen. Nach Auswertung der Ländermeldungen betrug der Rinderbestand im Milch- und Mutterkuhbereich unter Einschluss der Nachzucht und der speziellen Jungrinderaufzucht nun 11.06 Mio. Rinder (10,84 Mio. in 2013), diese verteilten sich auf 128.195 Betriebe (im Vorjahr 133.403).

96,4 % oder 10,66 Mio. Rinder standen 2014 in BHV-1-freien oder BHV-1-gE-Antikörper freien Beständen; ein Sanierungsfortschritt von 2,8 Prozentpunkten gegenüber 2013.

3,0 % oder nur noch 330.242 Rinder stehen in Sanierungsbeständen, dies ist eine Abnahme um 2,4 % verglichen mit dem Vorjahr.

0,6 % oder 67.620 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 38,7 % oder um 42.685 Tiere.

Tabelle 1: Festgestellte Neuausbrüche von BHV-1 Infektionen in Deutschland (Quelle: TSN)

Neue Ausbrüche	Jahr der Meldung														
	00	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14
	21	127	113	125	70	52	31	32	25	41	38	28	26	14	19

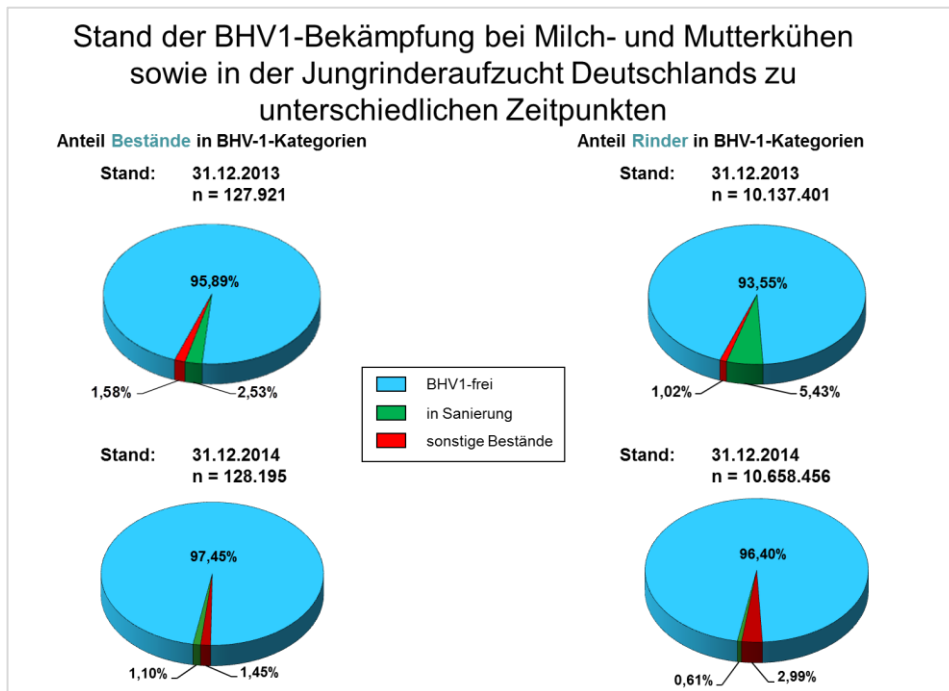


Abbildung 1: Stand der BHV-1-Bekämpfung bei Milch- und Mutterkühen sowie in der Jungrinderaufzucht Deutschlands im Vergleich der Jahre 2013 und 2014

### Länderebene

Auf Bundesländer Ebene hat sich der Trend der letzten Jahre fortgesetzt. Nachdem Bayern das Ziel der amtlich anerkannten Freiheit von BHV-1 bereits 2011 erreicht hatte, folgte im Jahr 2014 Thüringen. Die Flächenländer mit dem höchsten Anteil freier Bestände und freier Rinder nach Bayern (99,90 % freie Bestände/ 99,97 % freie Tiere) und Thüringen (99,82 %/ 99,96 %) sind Mecklenburg-Vorpommern (99,74 % / 99,44 %), Sachsen-Anhalt (99,53 % / 99,34 %), Brandenburg (99,50 % / 99,29 %), Sachsen (99,37 % / 96,73 %) und Baden-Württemberg (98,28 % / 98,08 %). Niedersachsen (96,11 / 95,59 %), Hessen (94,87 % / 96,87 %), Nordrhein-Westfalen (93,68 / 91,07 %), Rheinland-Pfalz (93,94 % / 92,71 %), das Saarland (94,77 % / 93,16 %) und Schleswig-Holstein (92,84 % / 89,19 %) haben bei den freien Beständen und freien Tieren erheblich aufgeholt. In diesen Ländern hat sich der Sanierungsfortschritt deutlich verbessert. Bei den Stadt-

staaten sind Berlin und Hamburg in beiden Kategorien zu 100,00 % frei. Bremen ist mit 98,86 % bzw. 99,48 % auf Vorjahresniveau.

Mecklenburg-Vorpommern, , Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Sachsen, Berlin und Baden-Württemberg haben im Jahr 2014 Anerkennungsverfahren für eine „Artikel 10“-Anerkennung nach der Richtlinie 64/432/EWG eingeleitet (zu Beginn des Jahres 2015 wurde der Status durch die Kommission bestätigt), die Länder Hamburg, Niedersachsen und Hessen reichen im Jahr 2015 entsprechende Anerkennungsanträge ein

Die übrigen Länder inzwischen zur Spitzengruppe freier oder fast freier Bundesländer aufgeschlossen. Dies bedeutet, dass Deutschland dem Ziel der gesamtstaatlichen BHV-1-Freiheit sehr nah ist.

Die aktuelle Situation der BHV-1 Sanierung auf Länderebene im Jahr 2014 ist in den beiden folgenden Abbildungen 2 und 3 wiedergegeben.

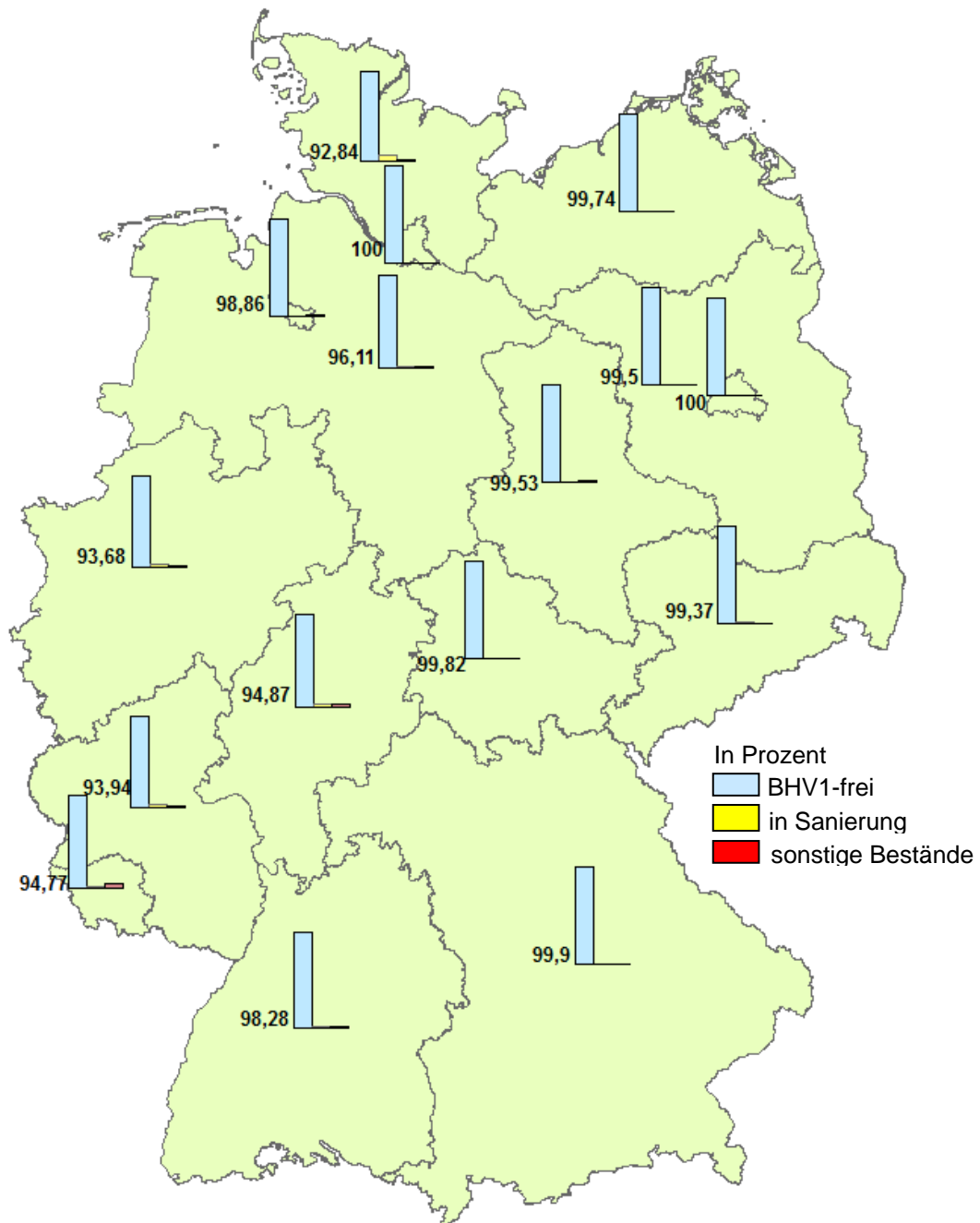


Abbildung 2: Stand der BHV-1-Bekämpfung in Milch- und Mutterkuhbeständen nach Bundesländern (per 31.12.2014)



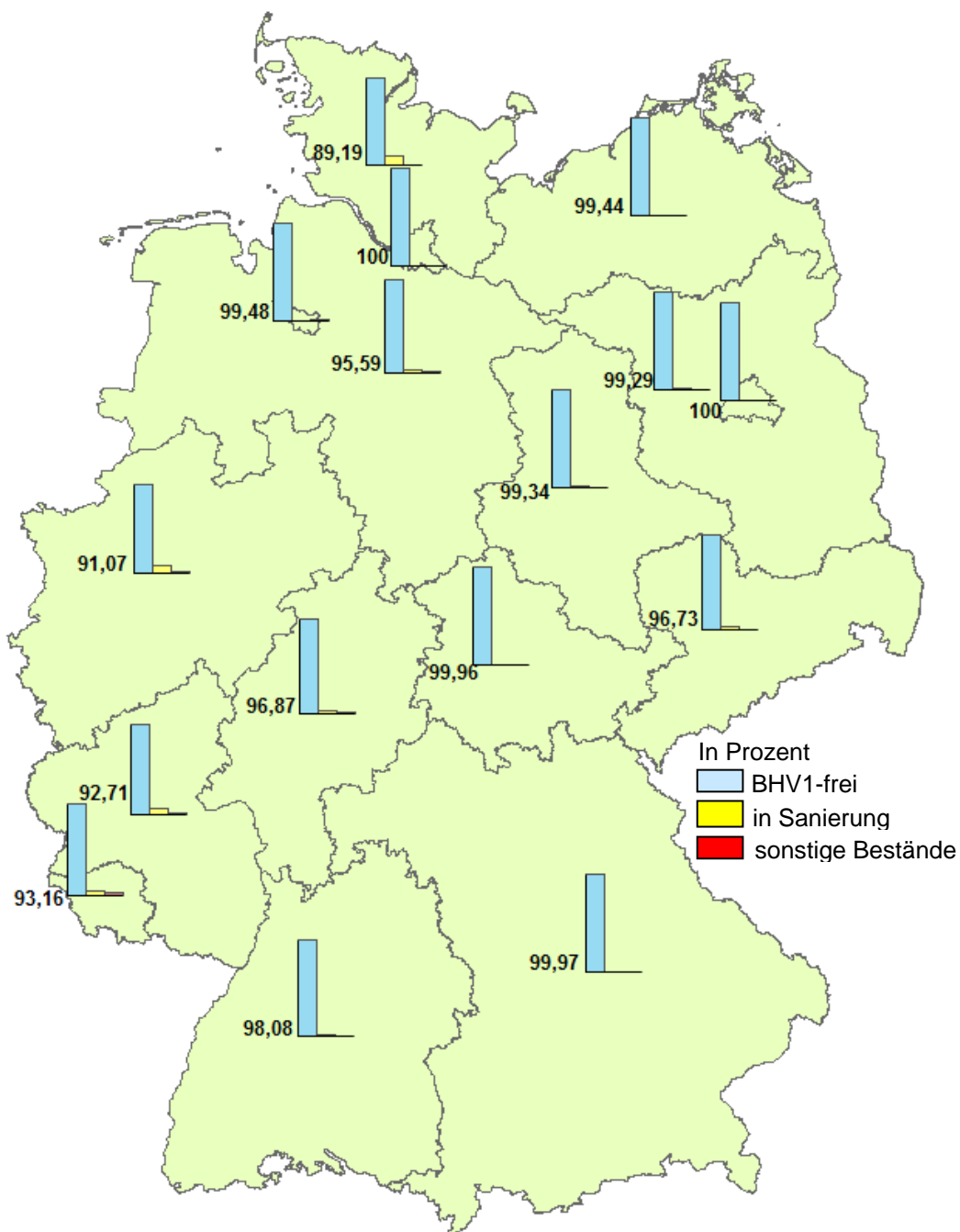


Abbildung 3: Stand der BHV-1-Bekämpfung bei den Rindern nach Bundesländern (per 31.12.2014)

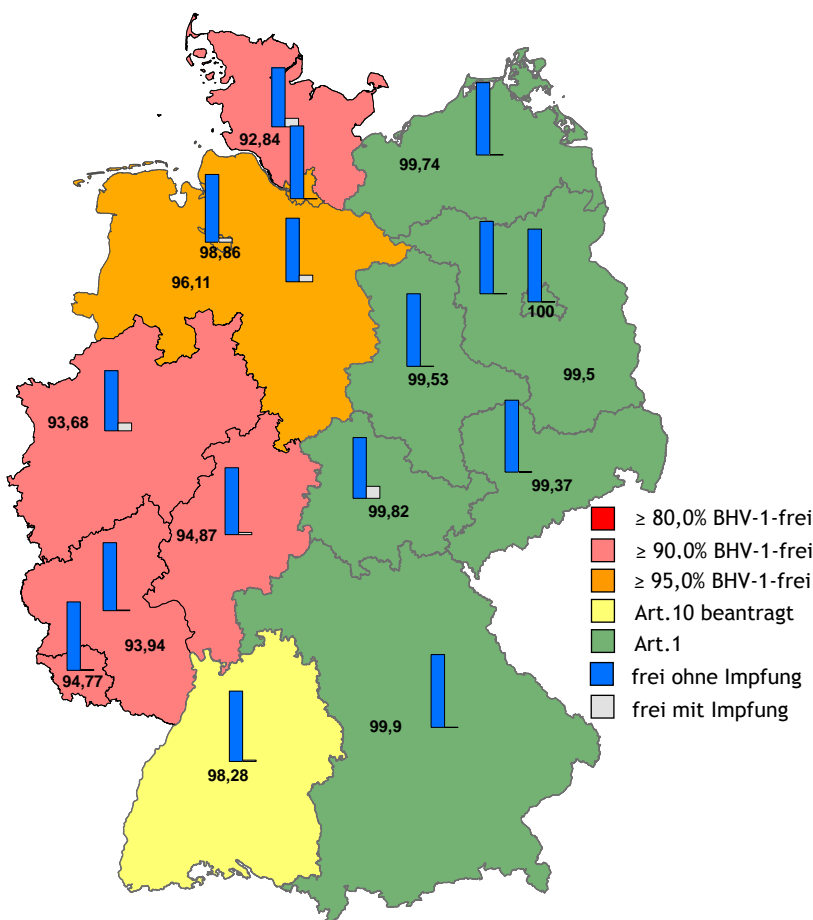


**Probleme der BHV-1 Bekämpfung**

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 und Thüringen nicht handelbar (Kommissionsentscheidung 2004/558/EG vom 15.06.2004, Artikel 3, Absatz 1c). Aus diesem Anlass wurden inzwischen BHV-1-Quarantäne Rege-

lungen beschlossen, die gewisse Mindeststandards für „Quarantänestationen“ festschreiben, um die Umsetzung der Zusatzgarantien für den Handel mit Rindern in die „Artikel 10“ Regionen Bayern und Thüringen sicherzustellen. Auch die bevorstehende 3. Änderung der BHV-1 Verordnung trägt dieser Tatsache Rechnung.

Insgesamt gilt es sich langsam auf ein Ausstiegsszenario aus der Sanierung durch Impfung einstellen und Konzepte ausarbeiten, wie mit den wenigen verbliebenen Sanierungsbeständen umzugehen ist. Dies gilt insbesondere auch für die Bundesländer, die bisher noch keinen „Artikel 10 Antrag“ gestellt haben (siehe Abbildungen 4 und 5).



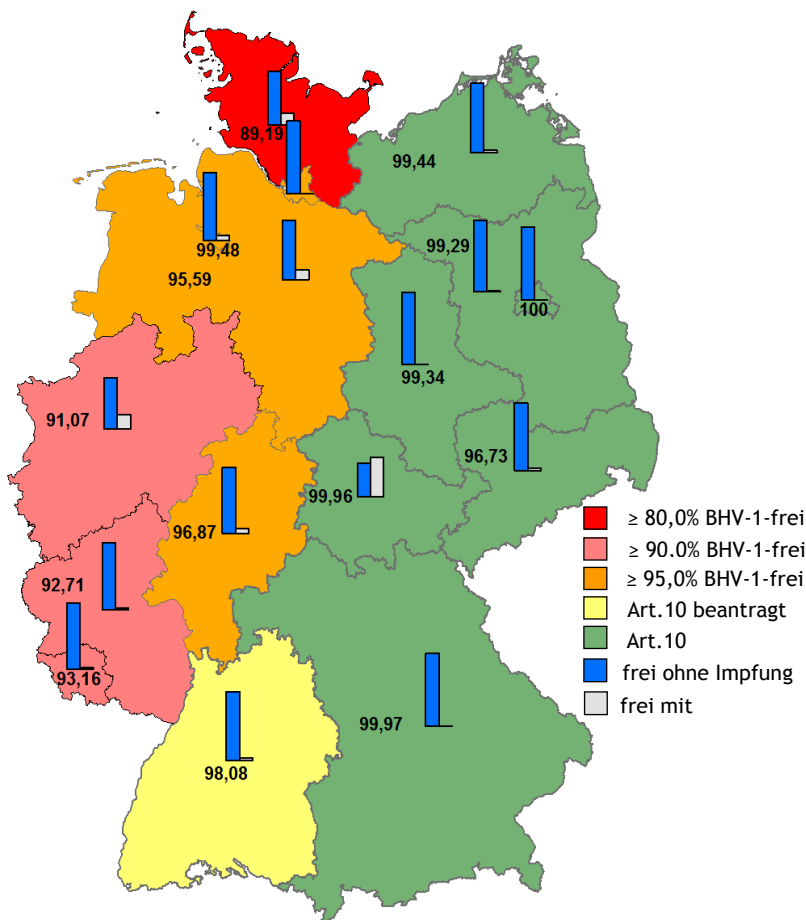


Abbildung 5: BHV-1-freie Rinder nach Bundesländern mit Anteilen geimpfter und ungeimpfter Tiere, bezogen auf Gesamtzahl am Sanierungsprogramm beteiligter Rinder (Stand 31.12.2014)

Unverändert bestehen folgende Problemfelder der BHV-1 Bekämpfung weiter:

- unzureichende zeitnahe Merzung von Reagenten nach positiver Befundung (in Betrieben und Gebieten mit niedriger BHV-1 Prävalenz) unzureichender und nicht konsequenter Impfstoffeinsatz in Betrieben und Gebieten mit hoher BHV-1 Prävalenz
- diagnostische Defizite (hoher Untersuchungsaufwand für Impftiere - Einzelblutproben zum Nachweis von gE-Antikörper, kein Bestätigungstest für den gE-AK Nach-

weis, Verfügbarkeit eines einzigen kommerziellen gE-Tests

- Häufigkeit falsch positiver Testergebnisse nimmt mit zunehmender BHV-1-Freiheit bei unveränderter Spezifität der Testsysteme zu. Besonders beim gE-Antikörper ELISA steht zur Absicherung der Ergebnisse kein Alternativtest 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.
- „Pseudoimpflinge“ z. B. durch unspezifische Reaktionen, Kreuzreaktionen mit

anderen Herpesviren oder durch kontaminiertes Impfbestock (Makoschey und Beer, 2004).

- Stuserhalt freier Betriebe in „nicht freien“ 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

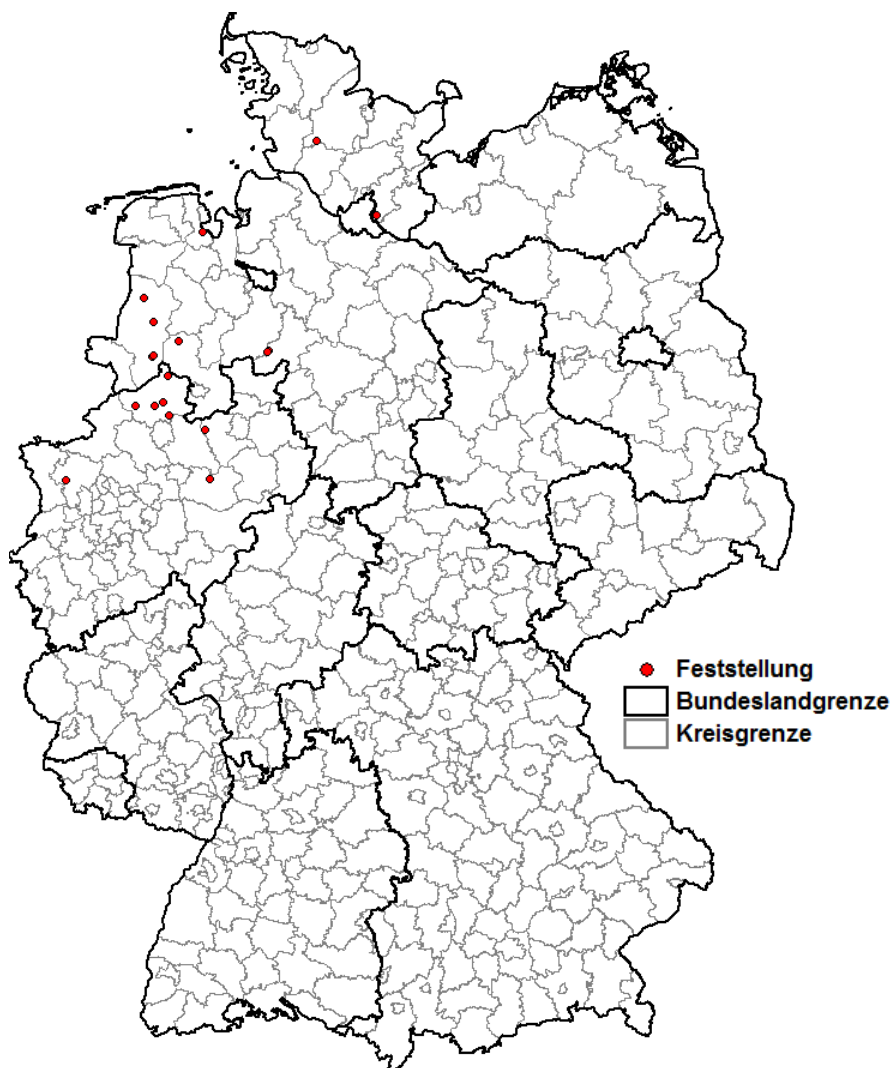


Abbildung 6: Geographische Verteilung der im Jahr 2014 an TSN gemeldeten, von BHV-1 Seuchenfeststellungen 19 betroffenen Betriebe (Stand: 09. Dezember 2015).

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

Gethmann J. M., Schirmer, H., Beer, M.

### Summary

Bovine viral diarrhoea causes high economic losses in the cattle population and has been a notifiable disease in Germany since 2004. In 2014, 1,050 BVD outbreaks were reported to the German animal disease notification system (TSN). On 11 December 2008, a regulation for a consistent eradication program was decreed by BMELV which came into force on 01 January 2011. In 2009, the Federal states prepared to implement the eradication program. In 2014, more than 4.9 million animals were classified, 2.9 thousand as “persistently infected” (PI). By considering only animals that had obtained a status by testing, a proportion of 0.06 % 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 Trächtigkeitstadium 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.

Berechnungen in mehreren europäischen Ländern haben ergeben, dass den Landwirten durch die Bovine Virusdiarrhoe (BVD) finanzielle Verluste zwischen 8 und über 100 € pro 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.“[1]

2) bei Feststellung von Mucosal Disease

### 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 Sanierungsschritt 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 „unverdächtig 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.

### Situation

Im TSN wurden im Jahr 2014 1.050 Fälle von BVD/MD gemeldet und damit ein Abfall um etwa 53% im Vergleich zu 2013 (siehe Tabelle 1). Die meisten Fälle wurden in Bayern gemeldet, gefolgt von Niedersachsen, Schleswig-Holstein und Nordrhein-Westfalen (Siehe Abbildung 1).

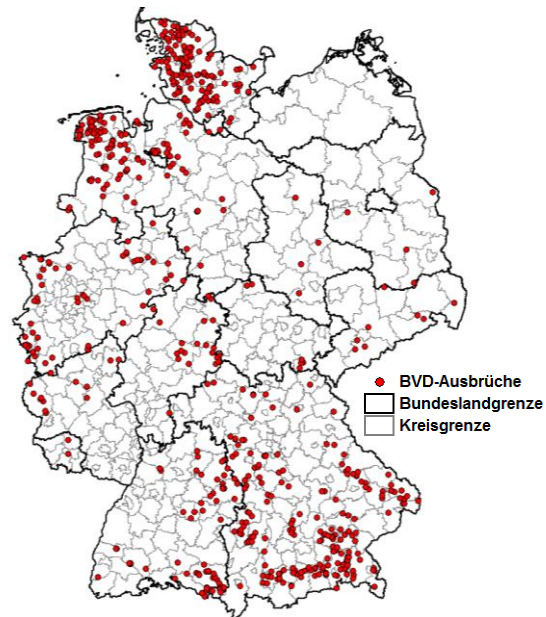


Abbildung 1: Übersicht der gemeldeten Ausbrüche 2014

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 (N), BVDV-infiziert (U) oder PI-Tier (P)). Auswertungen für das Jahr 2014 haben gezeigt, dass etwa 4,97 Millionen Rinder einen Status erhalten haben und davon ca. 3,0 tausend Rinder den Status „persistent infiziertes Rind“ (Tabelle 2). Es wurde negativer Status vergeben, wenn das Kalb einer Kuh negativ getestet wurde (N35, 35 Tsd.).

### 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 „Diagnosti-

sche Lücke“ variiert in Abhängigkeit vom Untersuchungssubstrat und der angewandten Methode (Tabelle 3).

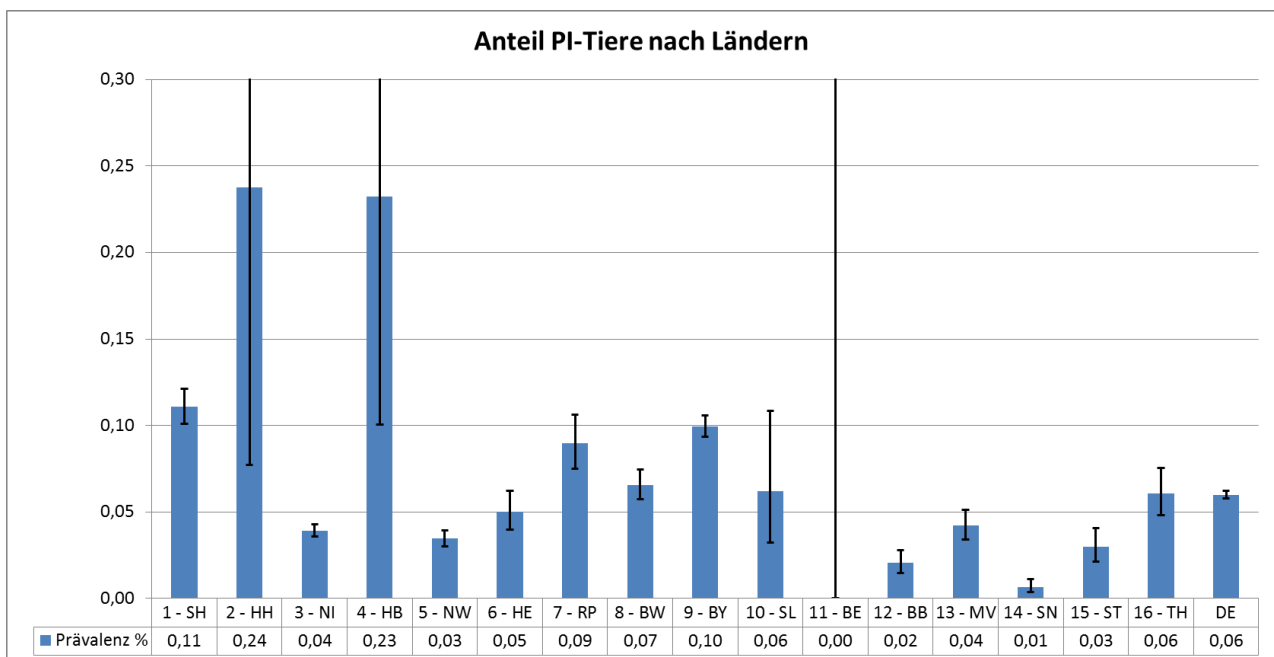


Abbildung 2: Anteil der PI Tiere im Vergleich zum vergebenen Status im Jahr 2014

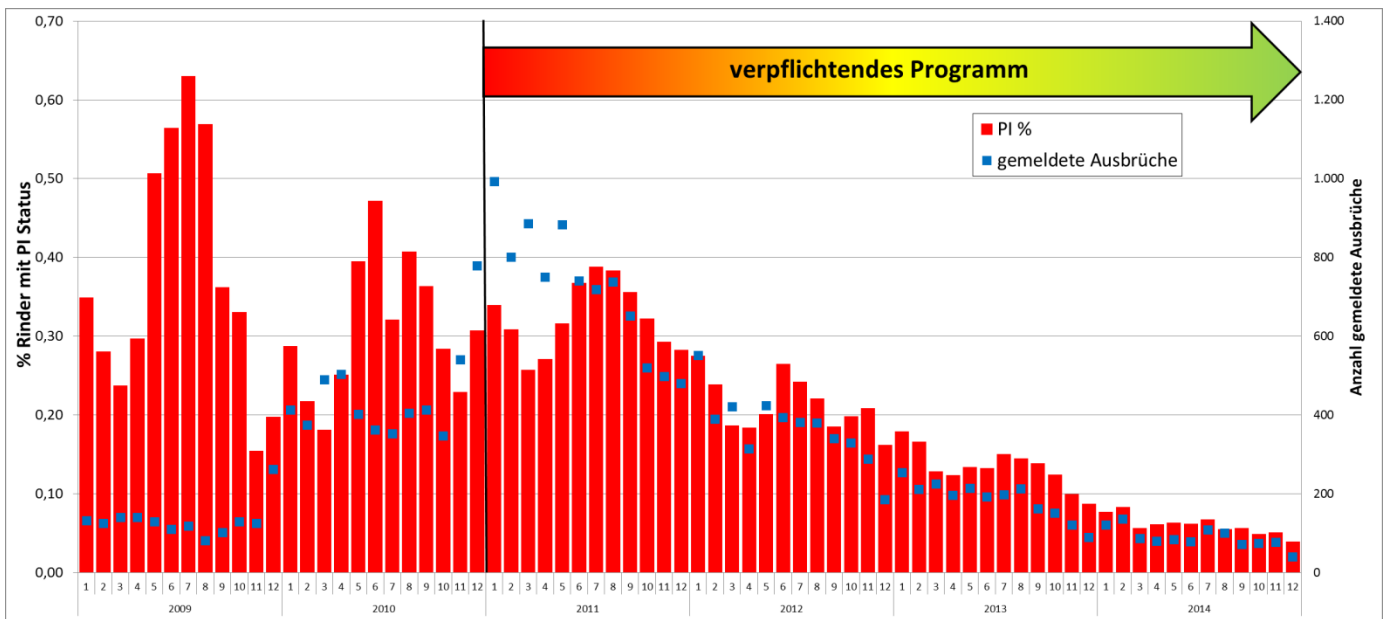


Abbildung 3: Anteil der als PI klassifizierten Tiere und Anzahl der Ausbrüche über die Zeit

Tabelle 1: In TSN gemeldete BVD-Fälle

Bundesland\Jahr	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Schleswig-Holstein	649	194	133	93	198	534	405	218	188
Hamburg						3	4		2
Niedersachsen	232	211	248	152	1419	2638	960	521	258
Bremen				1	11	1	1	2	
Nordrhein-Westfalen	53	59	71	220	1815	563	236	155	86
Hessen	17	18	14	27	221	183	44	40	23
Rheinland-Pfalz	16	38	60	52	44	195	76	33	28
Baden-Württemberg	38	98	98	135	292	724	425	123	78
Bayern	491	625	575	735	1169	3470	2019	962	332
Saarland	1		1	1	22	27	8	4	2
Berlin		1	1		1				
Brandenburg	25	23	18	22	34	81	25	13	12
Mecklenburg-Vorpommern	5	8	9	1	5	8	2		
Sachsen	9	14	19	25	38	29	33	17	10
Sachsen-Anhalt	32	47	47	39	22	27	11	6	9
Thüringen	5	3	7	31	87	162	115	54	22
<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>	<b>1.050</b>



Tabelle 2: Anzahl der in HI-Tier vergebenen BVD-Status 2014 (O: ohne Status, N: BVDV unverdächtiges Rind, U: BVDV infiziert, P: Persistent mit BVDV infiziert)

BL	N	N35	O	P	P%	U	Gesamt
Schleswig-Holstein	424.782	6.175	1047	473	0,11	99	426.401
Hamburg	2.069	18	28	5	0,24	1	2.103
Niedersachsen	1.188.286	5.151	636	467	0,04	52	1.189.441
Bremen	3.436	16		8	0,23		3.444
Nordrhein-Westfalen	688.337	659	261	238	0,03	2	688.838
Hessen	164.843	1.099	768	83	0,05	6	165.700
Rheinland-Pfalz	145.833	1.730	169	131	0,09	26	146.159
Baden-Württemberg	357.964	4.391	18	235	0,07	64	358.281
Bayern	1.060.853	12.206	141	1057	0,10	226	1.062.277
Saarland	19.213	204	76	12	0,06	3	19.304
Berlin	150	19	18		0,00		168
Brandenburg	203.723	764	177	42	0,02		203.942
Mecklenburg-Vorpommern	227.817	670	229	96	0,04	7	228.149
Sachsen	207.105	1.168	597	14	0,01		207.716
Sachsen-Anhalt	133.672	391	195	40	0,03	1	133.908
Thüringen	136.627	196	26	83	0,06	15	136.751
<b>Gesamt</b>	<b>4.964.710</b>	<b>34.857</b>	<b>4.386</b>	<b>2.984</b>	<b>0,06</b>	<b>502</b>	<b>4.972.582</b>

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

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

## 9. Chlamydiose - Chlamydiosis

Schnee, C.

### Summary

A total of 289 outbreaks (i.e. in psittacine birds, poultry, cattle, sheep, goats and others) were reported in 2014. The number of notified human cases remained low at 12. The National Reference Laboratory (NRL) for Chlamydiosis conducted four examinations of suspected cases of chlamydiosis in birds using real-time PCR and DNA microarray testing. Future investigations will have to take into account the recent discovery of two new avian chlamydiae, i.e. *Chlamydia avium* and *Chlamydia gallinacea*. A total of six suspected cases of ovine abortion have been elucidated. Furthermore, the NRL tested faeces and tissue samples from birds and ruminants for *Chlamydia* spp. and sera for specific antibodies.

### Zusammenfassung

Im Jahre 2014 wurden insgesamt 289 Ausbrüche von Chlamydiose gemeldet, u.a. in Psittaziden, Geflügel, Rindern, Schafen und Ziegen. Die Zahl der gemeldeten humanen Ornithosefälle verblieb mit 12 auf niedrigem Niveau. Das Nationale Referenzlabor (NRL) für Chlamydiose untersuchte vier Verdachtsfälle für aviäre Chlamydiose mittels Real-Time-PCR und DNA-Mikroarraytest. Bei künftigen Untersuchungen sind die kürzlich entdeckten neuen Chlamydienpezies, d.h. *Chlamydia avium* und *Chlamydia gallinacea*, zu berücksichtigen. Insgesamt 18 Schafabortfälle wurden abgeklärt. Des Weiteren testete das NRL Kot- und Gewebeproben von Vögeln und Wiederkäuern auf Chlamydien sowie Seren auf spezifische Antikörper.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Im Verdachtsfall werden Untersuchungen auf Chlamydiose von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern der Bundesländer durchgeführt.

Das NRL entwickelt, validiert und empfiehlt die verwendeten mikrobiologischen und molekulargenetischen Methoden, die u.a. in der amtlichen Methodensammlung aufgeführt sind. Zur Befundabsicherung und weiterführenden Speziesdifferenzierung bzw. Typisierung oder zur Abklärung von epidemiologischen Zusammenhängen (v.a. im Zoonosefall) wird das das NRL zu Rate gezogen und führt selbst labordiagnostische Untersuchungen durch.

Das NRL bearbeitete im Jahr 2014 15 Proben aus vier Verdachtsfällen von aviärer Chlamydiose, die alle mit entsprechender Erregerdifferenzierung bestätigt werden konnten. In einem Fall wurde die neubeschriebene Spezies *Chlamydia avium* als pathogenes Agens in einem Allfarblori-Bestand identifiziert.

Insgesamt 14 Verdachtsfälle von Chlamydiose in Wiederkäuern wurden anhand von 46 Proben untersucht, darunter sechs Fälle von Enzootischen Schafabort mit 25 Proben. Drei Fälle konnten bestätigt werden, u.a. in geimpften Beständen, wobei in keinem Fall der Impfstamm nachgewiesen wurde.

Im Rahmen von retrospektiven und prospektiven Feldstudien, bei denen besonderes Augenmerk auf der Prävalenz der neu beschriebenen Chlamydienpezies lag (Sachse et al., 2014), wurden 530 Vogelproben (Gewebeproben, Kottupfer) mit familien- und speziesspezifischen qPCRs und teilweise mit DNA-Mikroarray analysiert.

116 tierische und humane Seren wurden auf Antikörper gegen Chlamydien untersucht.

Referenzmaterial (DNA-Präparationen von 28 Chlamydienstämmen, sechs Kryokonserven von Chlamydienstämmen und zweimal Referenzserum) wurde national und international (Österreich, USA, Argentinien) an Forschungseinrichtungen und Un-

tersuchungslabore abgegeben. Gemäß §17 c Tierseuchengesetz nahm das NRL vier Chargenprüfungen kommerzieller Diagnostika vor.

### Statistische Angaben

Im Tierseuchen-Nachrichtensystem (TSN) sind für das Jahr 2014 insgesamt 289 Ausbrüche der Chlamydiose bei Tieren registriert (Tabelle 1). Die Fallzahlen in den einzelnen Tiergruppen haben sich gegenüber dem Vorjahr kaum verändert. Meldungen zur aviären Chlamydiose (in Psittaziden, Tauben und Geflügel) blieben auf dem relativ niedrigen Niveau der letzten drei Jahre, was insbesondere für die Psittaziden mit dem Wegfall der Anzeigepflicht für die Psittakose in Zusammenhang stehen könnte.

Nicht-aviäre Chlamydiosen wurden vorrangig in Rindern und Schafen gemeldet, wobei die nun schon über zwei Folgejahre zu beobachtenden hohen Fallzahlen in den Rinderbeständen bemerkenswert sind.

Aus der Sicht des NRL ist es schwierig, allgemeingültige Einschätzungen der epidemiologischen Situation anhand der Meldedaten vorzunehmen, da der Umfang der diagnostischen Untersuchungen zu Chlamydien in den Tierbeständen bundesweit immer noch niedrig zu sein scheint.

### Forschung

#### Peptid-Mikroarray

Bestehende serologische Nachweisverfahren für Chlamydieninfektionen in der Human- und Veterinärmedizin sind aufgrund mangelnder Spezies-Spezifität unzureichend. In Zusammenarbeit mit Wissenschaftlern von der Universität Auburn (USA) wurde deshalb der Prototyp eines auf B-Zellepitopen beruhender Peptid-Mikroarray entwickelt und mit murinen Hyperimmunseren sowie Rinder-, Schaf- und Schweine-Seren nach natürlichen Infektionen validiert. Der neue Test differenziert zuverlässig zwischen Antikörpern gegen acht

verschiedene Chlamydienarten und weist auf mögliche Mischinfektionen hin.

#### Zur Prävalenz und Bedeutung der neubeschriebenen aviären Chlamydienarten

Das NRL beteiligte sich an einer Feldstudie in zwei französischen Geflügelschlachtbetrieben, bei der die Prävalenz und das zoonotische Potential von zwei der drei aviären Chlamydioseerreger (*C. psittaci* und *C. gallinacea*) im Fokus standen (Hulin et al., 2015). Es wurden Kloakentupfer vom Geflügel und Pharynxkupfer sowie Serumproben von Schlachthofmitarbeitern untersucht. Im ersten Betrieb, der ausschließlich Enten verarbeitete, wurde in den Tieren aus 9/38 Beständen *C. psittaci* nachgewiesen. Im zweiten Betrieb, in dem Hühnergeflügel geschlachtet wurde, gab es nur *C. gallinacea*-Nachweise und zwar in 16/33 Beständen. Die diagnostischen Daten aus den Proben der Schlachthofmitarbeiter reflektieren die unterschiedliche Exposition zu den verschiedenen Erregern. Während im ersten Betrieb 6/9 Personen *C. psittaci*-seropositiv waren und eine Person Krankheitssymptome zeigte, gab es im zweiten Betrieb nur eine seropositive Person und keine Krankheitsfälle. Eine mögliche Immunreaktion gegen *C. gallinacea* konnte mangels spezifischer serologischer Nachweismethoden allerdings nicht untersucht werden.

In Zusammenarbeit mit Kollegen der Universität Ghent wurde *C. gallinacea* auch erstmals in belgischen Hühnerbeständen nachgewiesen (unveröffentlicht).

#### Zoonosepotential

Im Jahr 2014 wurden, wie im Vorjahr, 12 humane Ornithosefälle an das Robert-Koch-Institut gemeldet. Im Vergleich der letzten 10 Jahre scheinen sich die Fallzahlen auf niedrigem Niveau zu stabilisieren (Tabelle 2). Ein Ausbruchsgeschehen wurde nicht verzeichnet.

Tabelle 1: Zusammenfassung der gemeldeten Chlamydiose-Ausbrüche nach Tierarten (TSN-Abfrage 05.05.2015)

Tierart	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Psittaziden	157	76	17	44	38	36
Taube	103	23	17	21	15	27
Huhn	27	5	4	10	20	14
Ente	0	5	2	2	0	2
Gans	3	2	0	1	0	2
Andere Vögel	0	0	1	0	2	0
Rinder	65	87	92	98	158	156
Schafe	90	28	42	53	33	34
Ziegen	8	2	2	4	4	2
Andere Tiere*	35	6	7	10	20	16
<b>Gesamt</b>	<b>488</b>	<b>234</b>	<b>184</b>	<b>243</b>	<b>290</b>	<b>289</b>

\* u.a. Schweine, Zootiere, Wildtiere, Heimtiere

Tabelle 2: Gemeldete Ornithose-Erkrankungen beim Menschen (<https://survstat.rki.de>, Abfragedatum 05.05.2015)

2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
34	27	13	22	31	28	18	19	12	12

### Literatur

- Hulin V, Oger S, Vorimore F, Aaziz R, de Barbeyrac B, Berruchon J, Sachse K, Laroucau K. (2015)
- Host preference and zoonotic potential of *Chlamydia psittaci* and *C. gallinacea* in poultry. *Pathog Dis.* 73(1):1-11
- Sachse, K., Laroucau, K., Riege, K., Wehner, S., Dilcher, M., Huot Creasy, H., Weidmann, M., Myers, G., Vorimore, F., Vicari, N., Magnino, S., Liebler-Tenorio, E., Ruetzger, 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: 79-88

### 10. Echinokokkose - Echinococcosis

Maksimov, P., Conraths, F. J.

#### 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 9 November 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 also the raccoon dog [*Nyctereutes procyonoides*]), harbor the mature, 1-3 mm sized tapeworm, whose number can range from a few to several 100,000, in their small intestines and excrete tapeworm eggs, which are also infectious for humans, with their feces. The eggs remain infectious for months in the environment, e.g. on the 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 from infected intermediate hosts containing larval stages (metacestodes) with fertile protoscolices. In 2014, a total of 232 cases of echinococcosis were reported, which were recorded in nine German federal states. The National Reference Laboratory (NRL) for Echinococcosis examined three samples of suspected echinococcosis using PCR and immunoblot techniques. Infection with the parasite was confirmed in two of these (Table 1).

#### Zusammenfassung

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

Zoonosen Mitteleuropas. Infektionen bei Tieren mit *Echinococcus* spp. sind seit dem 9. November 2004 meldepflichtig (Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten). *E. multilocularis* hat einen obligaten Wirtswechselzyklus. Infizierte Endwirte (*Canidae*, auch bedingt *Felidae*; in Europa vor allem der Rotfuchs (*Vulpes vulpes*), aber auch der Marderhund (*Nyctereutes procyonoides*) beherbergen wenige bis zu mehreren 100.000 geschlechtsreife, 1-3 Millimeter kleine Bandwürmer im Dünndarm und scheiden die auch für den Menschen infektiösen Eier mit der Losung aus. Die Eier können über Monate in der Umwelt infektiös bleiben, zum Beispiel an der bodennah wachsenden Vegetation. Reguläre Zwischenwirte sind Nager, die sich durch eine orale Aufnahme der Bandwurmeier infizieren und das Larvenstadium in nahezu allen Fällen der Infektion in der Leber und gelegentlich in der Lunge beherbergen. Der Lebenszyklus schließt sich über die Räuber-Beute-Beziehung der End- und Zwischenwirte. Im Jahre 2014 wurden in Tierseuchennachrichtensystem (TSN) insgesamt 232 Fälle von Echinokokkose gemeldet, die in neun Bundesländern bei End- und Zwischenwirten diagnostiziert worden waren. Das Nationale Referenzlabor für Echinokokkose führte im Jahre 2014 insgesamt drei Laboruntersuchungen zur Bestätigung bzw. zum Ausschluss einer Echinokokkose mit Hilfe von PCR- und Immunoblot-Techniken durch. In zwei der drei untersuchten Proben konnte eine *E. multilocularis* Infektion nachgewiesen werden (Tabelle 1).

#### Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchungen auf Echinokokkose werden in den Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. von beauftragten Untersuchungsstellen durchgeführt.

An das Nationale Referenzlabor für Echinokokkose werden Gewebe-/Kotproben entweder für eine direkte Untersuchung, oder für die Bestätigung einer bereits befundeten Echinokokkose bei End-, bzw. Zwischenwirten gesandt. Der Nachweis einer Echinokokkose bei Endwirten wird *post mortem* mit Hilfe der Intestinal Scraping Technique (IST) durchgeführt. Diese Methodik ist in der Amtlichen Sammlung der Verfahren zur Probenahme und Untersuchung von Untersuchungsmaterial tierischen Ursprungs für meldepflichtige Tierseuchen (Methodensammlung) beschrieben, die über das Tierseuchen Nachrichten System (TSN) und die Homepage des FLI unter <http://www.fli.bund.de/de/startseite/publikationen/amtliche-methodensammlung.html> abgerufen werden kann. Desweiteren wird eine *Echinokokkus*-Infektion bei Endwirten *intra vitam* mit Hilfe von Sedimentations-/Flotationsverfahren und anschließender Mikroskopie auf Eier vom Taenientyp sowie molekularbiologischer Bestimmung der Parasitenspezies diagnostiziert.

#### Statistische Angaben

Im Jahre 2014 wurden in TSN insgesamt 232 Fälle von Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten gemeldet, die in neun Bundesländern diagnostiziert worden waren (Tabelle 2).

Die meisten Fälle wurden aus Thüringen (n=106), Sachsen-Anhalt (n=81) und Baden-Württemberg (n=17) gemeldet (Tabelle 2).

Die gemeldeten Echinokokkose-Fälle der oben genannten Bundesländern spiegeln jedoch die wahre Verteilung von *Echinococcus spp.* in Deutschland nicht wieder, sondern sind das Ergebnis einer aktiven Überwachung der Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten, die in verschiedenen Bundesländern in unterschiedlicher Intensität durchgeführt wird. Echinokokkose wurde bei Füchsen (n=210), Hunden (n=8), Schafe (n=2), einem Biber, einer Maus, bei Menschenaffen (n=2) und Wildschweine (n=2) gemeldet.

#### Staatliche Maßnahmen

Die Echinokokkose ist eine meldepflichtige Erkrankung bei Menschen (§ 7 Abs. 3 IfSG) und Tieren (§ 26 Absatz 3 TierGesG). Weitergehende staatliche Maßnahmen zur Bekämpfung sind nicht vorgesehen.

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

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen	Gewebematerial/Serum/Kot	3
Erregernachweis (DNA von <i>E. multilocularis</i> )	PCR	2
Antikörpernachweis gegen <i>E. multilocularis</i>	Immunoblot	2
Antikörpernachweis gegen <i>E. granulosus</i>	-	-
Zulassungsuntersuchungen/Chargenprüfungen	-	-
Abgabe von Referenzmaterialien	-	-
Ringtest	Laborvergleichsstudie	1

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 2. Zahl der in TSN gemeldeten Echinokokkose Fällen im Jahr 2014 pro Bundesland und pro Monat

Bundesland	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Gesamt
Schleswig-Holstein	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	2
Hamburg	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	2
Nordrhein-Westfalen	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2
Baden-Württemberg	0	1	0	0	0	0	5	2	1	0	4	4	17
Bayern	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	3
Brandenburg	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Sachsen-Anhalt	10	12	9	4	12	1	1	8	1	2	4	17	81
Thüringen	18	5	9	10	4	4	7	8	13	8	11	9	106
<b>Gesamt</b>	<b>31</b>	<b>22</b>	<b>21</b>	<b>17</b>	<b>16</b>	<b>5</b>	<b>17</b>	<b>20</b>	<b>15</b>	<b>10</b>	<b>25</b>	<b>33</b>	<b>232</b>



## 11. Hantaviren in Mitteleuropa - Hantaviruses in Central Europe

Ulrich, R. G.

### Summary

During the years 2001-2014 a total of 9,304 human hantavirus cases were registered by the Robert Koch-Institut (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, data as of 29.04.2015). The number of recorded cases shows strong oscillations between the years with major peaks in the years 2007, 2010 and 2012. Compared to 2013 the number of hantavirus disease cases in 2014 was higher. At least five different hantavirus species are present in Germany: The majority of human cases are caused by Puumala virus (PUUV) infections. Additional human infections by the 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 related vole species. So far only very little information is available about human infections with this virus. In addition, hantaviruses of unknown pathogenicity to humans (Seewis virus and Asikkala virus) were detected in different *Sorex* shrew species in Germany and neighboring countries. 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. The complete genome of a PUUV strain from an endemic area in Lower Saxony has been determined recently showing the typical hantavirus genome organization. Sequence comparisons of the entire genome of this strain to other PUUV strains from Europe indicated a heterogeneously distributed sequence variability. A pilot study in northern Poland revealed first molecular evidence for PUUV in its bank vole reservoir host.

### Zusammenfassung

In den Jahren 2001-2014 wurde durch das Robert Koch-Institut eine Gesamtzahl von 9.304 humanen Hantavirus-Erkrankungen erfasst (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 29.04.2015). Die Anzahl der gemeldeten Fälle zeigte starke Schwankungen mit den höchsten Fallzahlen in den Jahren 2007, 2010 und 2012. Im Vergleich zum Vorjahr, war die Zahl der Hantavirus-Erkrankungen im Jahr 2014 höher. In Deutschland kommen mindestens fünf verschiedene Hantavirus-Arten vor: Die Mehrheit der humanen Erkrankungen werden durch Puumalavirus (PUUV)-Infektionen verursacht. Humane Infektionen mit dem Brandmaus-assozierten Dobrava-Belgrad-Virus, Genotyp Kurkino, wurden in Nord-, Nordost- und Ostdeutschland gefunden. Tulavirus wurde bei molekularen Analysen im Reservoirwirt, der Feldmaus *Microtus arvalis*, aber auch in verwandten Nagetierarten nachgewiesen. Zu humanen Infektionen mit diesem Virus ist bisher wenig bekannt. Außerdem wurden Hantaviren mit noch unbekannter Humanpathogenität (Seewisvirus und Asikkalavirus) in verschiedenen Spitzmausarten der Gattung *Sorex* in Deutschland und Nachbarländern beschrieben. Molekularbiologische Untersuchungen im Reservoir des PUUV, der Rötelmaus *Myodes glareolus*, zeigten verschiedene genetische Linien des Virus mit typischer geografischer Clusterung. Das komplette Genom eines PUUV-Stammes aus einer Endemieregion in Niedersachsen wurde bestimmt und zeigte die Hantavirus-typische Genomorganisation. Sequenzvergleiche des kompletten Genoms dieses Stammes mit anderen PUUV-Stämmen aus Europa zeigte eine heterogen verteilte Sequenzvariabilität. Eine Pilotstudie in Nordpolen führte zum erstmaligen molekularen Nachweis von PUUV im Reservoirwirt Rötelmaus.

### 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. Das Virus scheint außerhalb des Wirtes über mehrere Wochen stabil zu sein. Entsprechend kann eine indirekte Übertragung durch aerogene Aufnahme von Virus-kontaminiertem Staub erfolgen. Bei humanen Infektionen kann es 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.

In den vergangenen Jahren wurden zunehmend neue Hantaviren bei Spitzmäusen, Maulwürfen und Fledermäusen gefunden (siehe Guo et al., 2013). Erste Untersuchungen in Deutschland und Nachbarländern belegten das Vorkommen von zwei Spitzmaus-assoziierten Hantaviren. Das Seewisvirus wurde in Waldspitzmäusen *Sorex araneus* und seltener in Zwergspitzmäusen *S. minutus* gefunden (Schlegel et al., 2012b). 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.

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 2001-2014 insgesamt 9.304 Hantavirus-Infektionen gemeldet (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfra-

gedatum: 29.04.2015). 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 Mehrzahl der gemeldeten Fälle ist auf autochthone Infektionen mit dem Puumalavirus (PUUV) zurückzuführen. Die meisten Fälle wurden in den vergangenen Jahren in Baden-Württemberg, Bayern, Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen registriert. 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. Im Vergleich zum Vorjahr war die Zahl der gemeldeten Fälle im Jahr 2014 erhöht. Die geografische Verteilung der gemeldeten Fälle zeigt Landkreise mit sehr hohen Inzidenzen, während in einigen Landkreisen bisher keine Hantavirus-Infektionen gemeldet wurden.

### Forschung

Im Rahmen einer langjährigen Zusammenarbeit mit dem Niedersächsischen Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES) werden seit dem Jahr 2005 im Landkreis Osnabrück, einem Hantavirus-Endemiegebiet in Niedersachsen, an mehreren Fangorten Nagetiere gefangen. Durch eine kombinierte Primer-walking- und RNA-Ligations-basierte Strategie gelang die Bestimmung der kompletten Sequenz eines PUUV-Stammes aus einer Gewebeprobe einer Rötelmaus, die während des Hantavirus-Ausbruchs 2007 gefangen worden war (Sheikh Ali et al., 2015). Die drei Genomsegmente haben eine Länge von 1.828, 3.680 und 6.550 Nukleotiden und zeigten die Hantavirus-typische Organisation mit hochkonservierten Sequenzen an den 5'- und 3'-Enden und den kodierenden Sequenzen für Nukleokapsid, Glykoproteinvorläufer und RNA-abhängige RNA-Polymerase. Im S-Segment wurde der für PUUV be-

schriebene überlappende NSs-Leserahmen identifiziert, der möglicherweise eine Funktion als Interferonantagonist besitzt. Eine Sliding-window-Analyse der Nukleotidsequenzen aller verfügbaren kompletten PUUV-Genome zeigte eine inhomogene Verteilung der Sequenzvariabilität mit hypervariablen Regionen an den 3'-Enden der S- und M-Segmente. Die unterschiedliche Sequenzvariabilität eröffnet die Möglichkeit der gezielten Auswahl von bestimmten Regionen des Genoms für zukünftige Untersuchungen zur Virus-Evolution. Die S- und M-Segmentsequenzen zeigten die größte Ähnlichkeit zu Sequenzen von PUUV-Stämmen von geografisch nahe gelegenen Orten im Osnabrücker Hügelland. In einer Pilotstudie gelang in Zusammenarbeit mit polnischen Kollegen erstmalig der molekulare Nachweis von PUUV in Rötelmäusen aus Polen. Bei dieser Untersuchung wurde in drei von 45 im Jahr 2009 gefangenen Rötelmäusen PUUV-spezifische RNA nachgewiesen. Die erhaltenen partiellen S- und M-Segment-Sequenzen zeigten die größte Ähnlichkeit zu PUUV-Sequenzen, die in Rötelmäusen aus Lettland gefunden worden sind. Untersuchungen zur Aufklärung der Ursachen von Hantavirus-Ausbrüchen und zur Charakterisierung der Wirtsspezifität von Hantaviren wurden fortgesetzt. Im Rahmen der gemeinsamen Untersuchungen mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren an der Charité in Berlin wurde das Kataster von PUUV-Sequenzen aus Patienten und aus dem Reservoirwirt (Rötelmaus *Myodes glareolus*) weitergeführt (Krüger, 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; Faber et al., 2013; unveröffentlichte Daten). Das Dobrava-Belgrad-Virus (DOBV), Genotyp Kurki-no, 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 gezeigt 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., 2015). Um mögliche Zusammenhänge zwischen Populationsveränderungen bei Kleinsäufern und der Häufigkeit humaner Hantavirus-Infektionen zu belegen, wurde in Zusammenarbeit mit dem Julius Kühn-Institut das im Frühjahr 2010 begonnene Kleinsäugermonitoring bis Ende 2014 fortgesetzt (Jacob et al., 2014).

### Ausblick

Die molekularepidemiologischen Untersuchungen sollen in Zusammenarbeit mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren und vielen weiteren Kooperationspartnern des Netzwerkes „Nagetierübertragene Pathogene“ (Ulrich et al., 2009) fortgesetzt werden. Hier wird es insbesondere auch darum gehen, die Ursachen für die inhomogene Verteilung von humanen PUUV-Infektionen in Deutschland aufzuklären. Ein weiterer 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; Verner-Carlsson et al., 2015). Darüber hinaus sollten Untersuchungen in weiteren Wildtieren, wie Fledermäusen, sowie 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).

### 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.** 20, 0648-655.
- 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. **Infection, Genetics and Evolution** 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. (2015). Autochthonous Dobrava-Belgrade virus infection in eastern Germany. **Clin Nephrol.** 83, 111-116.
- 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., Bemmann, 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., Spletstoeser, W., Wenk, M., Heckel, G., Ulrich, R.G. (2010). Extensive host sharing of Central European Tula virus. **J. Virol.** 84, 459-474.
  - Sheikh Ali, H., Drewes, S., Weber de Melo, V., Schlegel, M., Freise, J., Groschup, M.H., Heckel, G., Ulrich, R.G. (2015). Complete genome of a *Puumala virus* strain from Central Europe. **Virus Genes** 50, 292-298.
  - Sheikh Ali, H., Drewes, S., Sadowska, E.T., Mikowska, M., Groschup, M.H., Heckel, G., Kotaja, P., Ulrich, R.G. (2014). First molecular evidence for Puumala hantavirus in Poland. **Viruses** 6, 340-353.
  - 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., John, 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.
  - Verner-Carlsson, J., Löhmus, M., Sundström, K., Strand, T.M., Verkerk, M., Reusken, C., Yoshimatsu, K., Arikawa, J., van de Goot, F., Lundkvist, Å. (2015). First evidence of Seoul hantavirus in the wild rat population in the Netherlands. **Infect. Ecol. Epidemiol.** 5, 27215.

### 12. Infektiöse Anämie der Einhufer - Equine infectious anaemia (EIA)

Bergmann, S. M., Schütze H.

#### Summary

Equine infectious anemia virus (EIAV) causes a persisting systemic infection accompanied by immunopathological processes. EIA is classified as notifiable disease. In Germany, culling of infected animals, surveillance in affected and in-contact premises is obligatory. EIAV, a member of the retrovirus family, is a worldwide distributed pathogen of equids. While only sporadic cases were reported in Germany between 1966 and 2005, the number of outbreaks has increased since 2006. 2 outbreaks with a total of 5 infected animals were recorded in 2014, 1 further related outbreak with 1 infected animal was detected at the beginning of the next year.

At the NRL a total of approximately 50 serological tests were conducted. More than 25 blood and organ samples were investigated for EIAV genome sequences.

#### Erreger

Die Ansteckende Blutarmut der Einhufer (ABE), auch bezeichnet als Infektiöse Anämie der Einhufer oder Equine infektiöse Anämie (EIA), ist eine systemische Viruserkrankung der Einhufer (Pferde, Esel, Zebras und deren Kreuzungen). Der Erreger, ein Lentivirus aus der Familie der Retroviren, verursacht eine lebenslang persistierende Infektion, begleitet von mehr oder weniger stark ausgeprägten immunpathologischen Prozessen.

#### Gesetzliche Grundlagen

Die Infektion mit dem Erreger der Ansteckenden Blutarmut der Einhufer ist anzeigepflichtig und wird in Deutschland durch die Einhufer-Blutarmut-Verordnung reglementiert, die eine Tötung positiver Tiere sowie die Sperrung und Untersuchung der betroffenen Bestände und der Kontaktbetriebe vorschreibt. Die Novellierung der o. g. Verordnung im Jahr 2010 betrifft im Wesentlichen die Verlängerung der Untersuchungsintervalle auf 3 Monate in einem infizierten Bestand oder bei Ansteckungsverdacht. Zudem wird die Einrichtung eines Sperrbezirkes um den Ausbruchbestand mit einem Radius von mindestens einem Kilometer vorgeschrieben. Eine Immunprophylaxe ist nicht verfügbar. Eine Gefährdung des Menschen durch EIA liegt nicht vor.

#### Situation in Deutschland

Zwischen den Jahren 1966 und 2005 wurden in Deutschland nur vereinzelte Ausbrüche der infektiösen Anämie angezeigt. Seit dem Jahr 2006 wird die Krankheit häufiger festgestellt. Im Jahr 2014 wurden 2 Ausbrüche im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) registriert (Stand 31. Dezember 2014, Abb. 1 und Abb. 2). Es wurden insgesamt 5 infizierte Einhufer ermittelt, bei denen das EIA-Virus nachgewiesen wurde. Ein weiterer Ausbruch mit 1 infiziertem Pferd, der mit dem Ausbruchsgeschehen im Jahr 2014 in Verbindung steht, wurde im Verlauf der epidemiologischen Ermittlungen Anfang 2015 entdeckt.



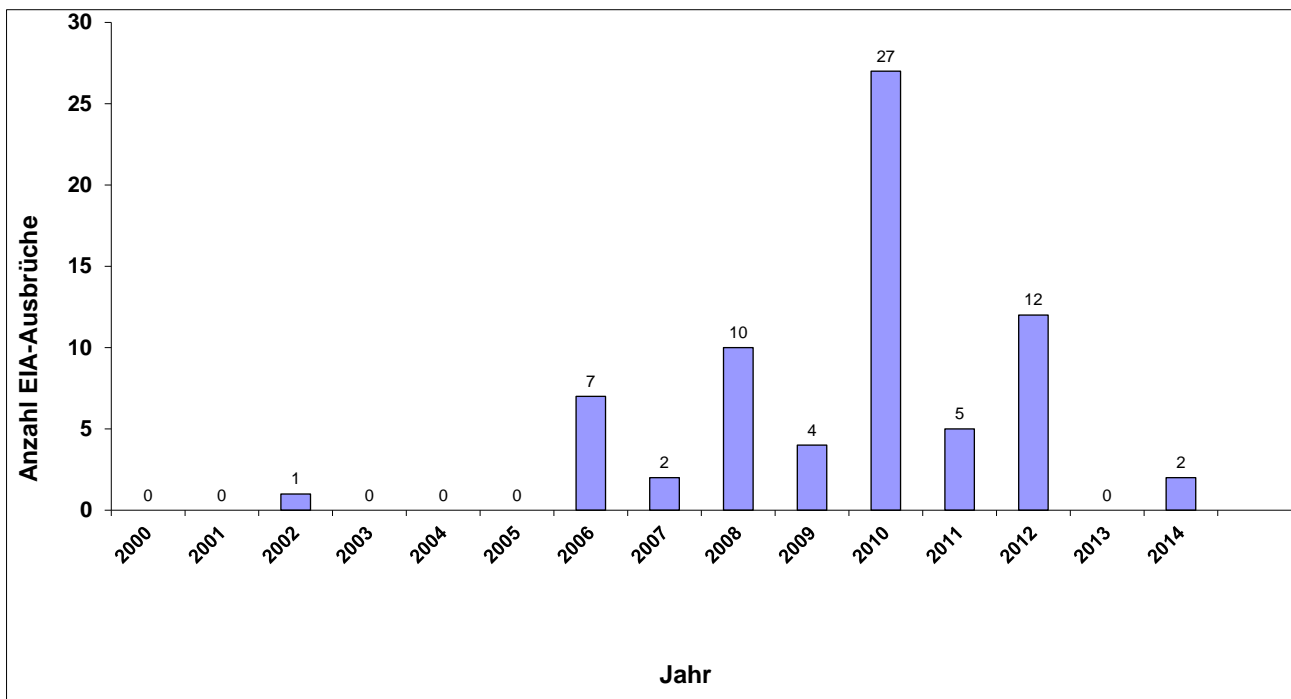


Abbildung 1: Ausbrüche der Ansteckenden Blutarmut der Einhufer in Deutschland in den Jahren 2001 bis 2014 (Quelle: TSN)

#### EIA Situation 2014 in Deutschland

Nach einem ausbruchsreichen Jahr 2013 wurde im Dezember 2014 in Sachsen ein Pferd mit milden klinischen Symptomen EIAV-Ak positiv getestet. Das Tier war stationär in eine universitäre Tierklinik aufgenommen worden, um ein Erkrankungsgeschehen mit Fieberschüben (Dauer zwischen 3 und 10 Tagen), Hinterhandschwäche und allgemeiner Abgeschlagenheit abzuklären. Die 2½-jährigen Stute zeigte seit acht Wochen rekurrendes therapiereistentes Fieber. Bei Vorstellung in der Leipziger Pferdeklunik hatte die Stute moderates Fieber (39,4°C) und gering gradig anämische Mundschleimhäute ohne sichtbare Punktblutungen auf den Schleimhäuten. Hämatologisch fielen mittelgradige Thrombozytopenie (68 G/l), milde Anämie (5,3 T/l) und gering gradig Leukopenie (5,8 G/l) auf. Fieber und Thrombozytopenie führten zur Veranlassung der sofortigen Isolation des Pferdes. Die Verdachtsdiagnose EIA wurde serologisch mittels ELISA und die Diagnose mittels Coggins-Test zwei Tage nach Aufnahme bestätigt.

Im Ausbruchsbestand fanden sich 2 weitere infizierte Pferde. Ferner wurden in einem Kontaktbetrieb 2 Pferde positiv auf EIA getestet. Als vermutlicher Virusüberträger wurde ein 5-jähriger Wallach identifiziert, der im Jahr 2014 mehrmals zwischen den beiden Beständen wechselte und dabei auch mit den anderen Pferden in Weidehaltung direkten Kontakt hatte. Dieses Pferd wurde in einem sächsischen Bestand geboren und nach dem Absetzen in den primären Ausbruchsbestand verbracht, wo es bis 2014 ununterbrochen verblieb. Die Mutterstute des potentiellen Virusüberträgers stammte ursprünglich aus Polen und war im Jahr 2013 plötzlich verstorben. Die fortgesetzten Untersuchungen möglicher Kontakte führten im Januar 2015 zur Feststellung eines weiteren infizierten Tieres, nämlich eines männlichen Fohlens der Mutterstute) in einem dritten Bestand. Zwei weitere weibliche Fohlen der Stute wurden mit negativem Ergebnis auf EIA untersucht.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Zusammenfassend hat EIA nach wie vor nichts an Aktualität und Brisanz eingebüßt. Es bleibt festzustellen:

- Die Infektion verläuft häufig asymptomatisch oder ist von untypischen Symptomen begleitet.
- Daher ist die sorgfältige epidemiologische Untersuchung bei Ausbrüchen von entscheidender Wichtigkeit (zeitlich sowie räumlich breitwürfige Testung; Untersuchung auch von Kontakten, die über Jahre zurückliegen können).
- Die Infektion verläuft unter den Vektor- und Klimabedingungen in Deutschland meist wenig kontagiös.
- Die serologische Testung / Quarantänisierung bei Neueinstellungen und von Pferden unbekannter Herkunft zeigt eine unverändert hohe Bedeutung.
- Umfangreiche serologische Untersuchungen (risikobasiertes Monitoring oder Testung bei Turnierteilnahmen) wäre notwendig, um die tatsächliche Situation in Deutschland zu erfassen, da die Teilnahme an freiwilligen Untersuchungsprogrammen lediglich unzureichende Aufschlüsse gibt.

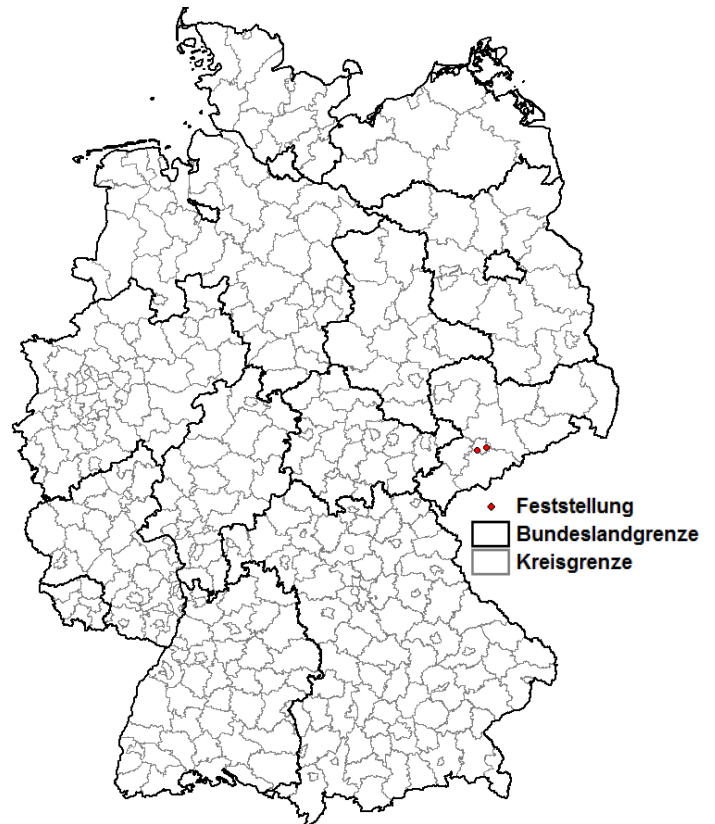


Abbildung 2: Geografische Verteilung der von EIA betroffenen Betriebe in Deutschland im Jahr 2014 (Quelle: TSN)

### Literatur:

- Ehlers K., Uhlig A., Arnold C., Graneß N., Recknagel S., Köller G., Walraph J., Simon H., Hörügel U., Schusser G. F. (2015) Ausbruch der Equinen Infektiösen Anämie in Sachsen - Fallbericht, Epidemiologie und mögliche neue Bekämpfungsstrategien. *Pferdeheilkunde* 31, 378-385
- Probst C., König P., Gethmann J., Höreth-Böntgen D., Staubach C., Conraths F.J., Kramer M. (2010) Ansteckende Blutarmut der Einhufer - Status quo: Eine Übersicht über die aktuelle Situation in Deutschland und Europa. *Dtsch. Tierärztebl* 58, 1598-1605



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

Bergmann, S. M., Schütze H.

#### 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 a risk to the carp and koi industry. In 2014, a total of 3 KHVD outbreaks in carp farms and 46 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 5,300 t of carp annually in more than 6,136 carp farms, the majority of which 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 real-time PCR (Gilad et al., 2004). Unfortunately, recent data suggest that some KHV varieties with clear clinical manifestations which induce KHVD with up to 100 % mortality were not detectable by routinely used PCRs according to Gilad et al., 2002 and 2004, and Bercovier et al., 2005. Alternatively a PCR recognizing the viral DNA polymerase gene is recommended to discriminate different cyprinid herpesviruses (Engelsma et al. 2013) with an additional 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 2014, 6.136 carp farms with carp and/or koi

were categorized according to 2006/88/EG. Worldwide, only the federal state Saxony implemented an eradication program for KHVD which was completed in 2014. With 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 2014 wurden in Deutschland 3 Ausbrüche der KHV-I bei Nutzkarpfen (und anderen Zypriniden) und 46 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-Neuaustrüche/Nachweise im Jahr 2014 in Deutschland (TSN)

Bundesland	Nutzkarpfen	Koi
Baden-Württemberg	1	5
Bayern	1	2
Berlin	0	0
Brandenburg	0	1
Bremen	0	0
Hamburg	0	2
Hessen	0	2
Mecklenburg-Vorpommern	0	2
Niedersachsen	0	9
Nordrhein-Westfalen	0	7
Rheinland-Pfalz	0	5
Saarland	0	3
Sachsen	1	3
Sachsen-Anhalt	0	1
Schleswig-Holstein	0	3
Thüringen	0	1
<b>Gesamt</b>	<b>3</b>	<b>46</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 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 posi-

tiven serologischen Befunden das Virus nicht nachgewiesen werden konnte. Vom OIE wird zusätzlich die Verwendung einer PAN-CyHV PCR empfohlen (Engelsma et al. 2013) deren Produkte nach einer Sequenzanalyse beurteilt werden. 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 Antisera gegen das KHV eingesetzt werden. Zusätzlich kann am paraffin-fixierten Gewebeschnitt die Immunfluoreszenz-Technik (IFT) oder 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 Probenahme von lebenden 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. virale 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. Innerhalb der beprobten Population werden aber auch dann nicht alle Fische als KHV-positiv erkannt, sondern i. d. R. nur 30-40 %.

Im Jahr 2014 wurden in den regionalen Untersuchungsämtern (90) und im NRL (94) für die KHV-I 184 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 obers-

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

ten Landesbehörden der Bundesländer (Daten aus den Untersuchungslaboren und von den Fischgesundheitsdiensten) zugearbeitet. Die Daten über die Produktionszahlen wurden den Angaben des Statistischen Bundesamtes entnommen.

### Allgemeine Angaben

2014 wurden in Deutschland in 6.136 Betrieben Karpfen produziert. Der Produktionsumfang war in den letzten Jahren insgesamt etwa 5.300 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	37
Bayern	4.723
Berlin/Brandenburg	31
Bremen	0
Hamburg	0
Hessen	0
Mecklenburg-Vorpommern	46
Niedersachsen	406
Nordrhein-Westfalen	keine Angaben
Rheinland-Pfalz	3
Saarland	164
Sachsen	526
Sachsen-Anhalt	25
Schleswig-Holstein	69
Thüringen	106
Gesamt	6.136

Nach der Erteilung einer Genehmigung sind Aquakulturbetriebe den Kategorien I bis V zuzuordnen. Bis 2014 wurden in Deutschland 5.682 von 6.136 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 der KHV-I 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), verbo-

ten. 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 keine 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. 2014 wurden keine 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 5.682 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 2014 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 27 Karpfenteichbetriebe 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 Koi 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 Probenahme 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 im Bestand erfolgen. Die Wassertemperatur ist dabei unerheblich, höhere Wassertemperaturen ( $>17\text{ °C}$ ) scheinen sich aber günstiger auf 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/Adspek-

tion 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 Gesetzmäßigkeiten 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 2014 erfolgreich beendet. Flächendeckend werden hierbei nahezu 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 verschiedenen Alters mit einer inaktivierten KHV-Antigen-Präparation immunisiert.

Ist eine Sanierung auf Grund der vorhandenen Strukturen in den Teichwirtschaftsgebieten nicht oder nur mit unverhältnismäßig 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.

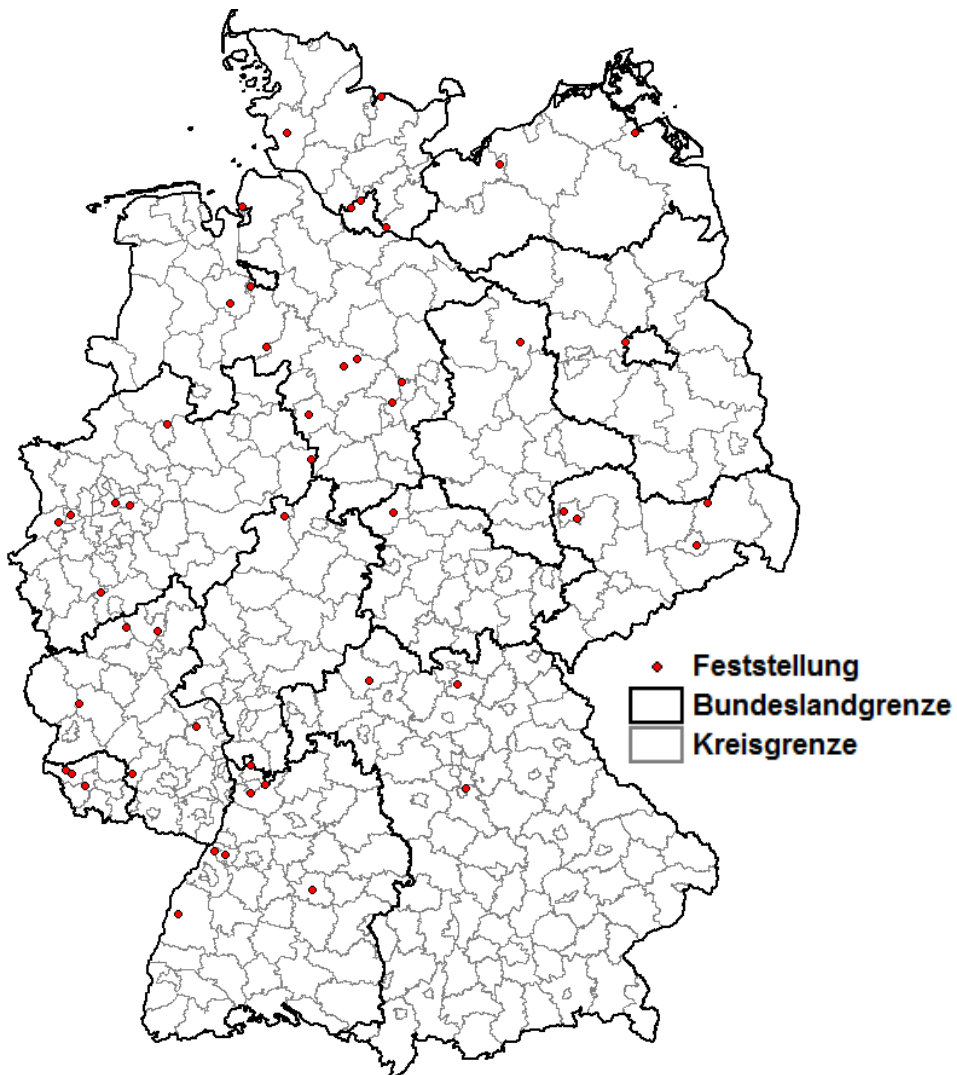


Abb. 1: Geografische Verteilung der im Jahr 2014 in Deutschland gemeldeten KHV-I-Ausbrüche (TSN; Stichtag: 31.12.2014)



### 14. Milzbrand

Elschner, M.

#### Summary

Anthrax is a bacterial disease caused by the spore forming *Bacillus anthracis*, an encapsulated, gram-positive, rod-shaped bacterium. Anthrax is primarily a disease of herbivorous animals, although all mammals including humans are susceptible. Humans are at risk, if they come into direct contact with an infected animal. The disease has been described in at least three different forms: peracute, acute and subacute to chronic form. Anthrax is a notifiable zoonotic disease, and only single animal cases were notified during the last 2 decades in Germany. In 2014, four anthrax cases in cattle were notified in one population in Sachsen-Anhalt. The diagnosis is based on pathological, microbiological and molecular biological positive results.

#### Zusammenfassung

Milzbrand ist eine durch sporenbildende *Bacillus* (*B.*) *anthracis* verursachte ansteckende und oft tödlich verlaufende anzeigepflichtige Tierseuche der Säugetiere mit zoonotischem Potential. Hochempfindlich sind insbesondere pflanzenfressende Haus- und Wildtiere. Für den Mensch besteht ein Ansteckungsrisiko bei unmittelbarem Kontakt zu infizierten Tieren oder verendeten Tierkörpern bzw. durch Kontamination von verendeten Tieren. Es werden 3 Verlaufsformen unterschieden, eine perakute Form, die akute Form und eine protrahierte Verlaufsform, die vom subakuten Stadium in die chronische Form übergeht. In den letzten zwei Jahrzehnten kam es in Deutschland zu einem sporadischen Auftreten des Milzbrandes bei Tieren. Bei dem im Jahr 2014 amtlich festgestellten Ausbruch in Sachsen-Anhalt waren 4 Rinder eines Mut-

terkuhbestandes verendet. Die Diagnose basierte auf den pathologischen, mikrobiologischen und molekularbiologischen Nachweismethoden.

#### Allgemeine Information

Milzbrand ist eine durch *Bacillus* (*B.*) *anthracis* verursachte ansteckende und oft tödlich verlaufende anzeigepflichtige Tierseuche mit zoonotischem Potential. Hochempfindlich sind insbesondere pflanzenfressende Haus- und Wildtiere. Hauptinfektionsquellen sind die Sporen von *B. anthracis*, die von Tieren über das Futter aufgenommen werden. Bei den klinischen Verlaufsformen bei Mensch und Tier unterscheidet man abhängig von dem jeweiligen Eintrittsort Hautmilzbrand, Lungenmilzbrand oder Darmmilzbrand. Die Erkrankung kommt bevorzugt in wärmeren Klimazonen (Südosteuropa, Südamerika, Afrika, Südostasien) vor, in Deutschland dagegen nur noch sporadisch. Risikogebiete sind Flussniederungen, die häufigen Überschwemmungen ausgesetzt sind. Weitere Infektionsquellen sind tierische Nebenprodukte wie trockene Häute oder Felle von Ziege, Schaf, Rind und Pferd, und die von diesen Tieren gewonnenen Haare, Wolle usw. mit Herkunft aus Endemiegebieten. Der Erregernachweis erfolgt durch Anzucht mit nachfolgender Identifizierung der Virulenzplasmide mittels molekularbiologischer Methoden.

#### Statistische Angaben

Milzbrand wurde in Deutschland während der vergangenen 3 Jahrzehnte beim Tier nur noch vereinzelt festgestellt (Abb.1).



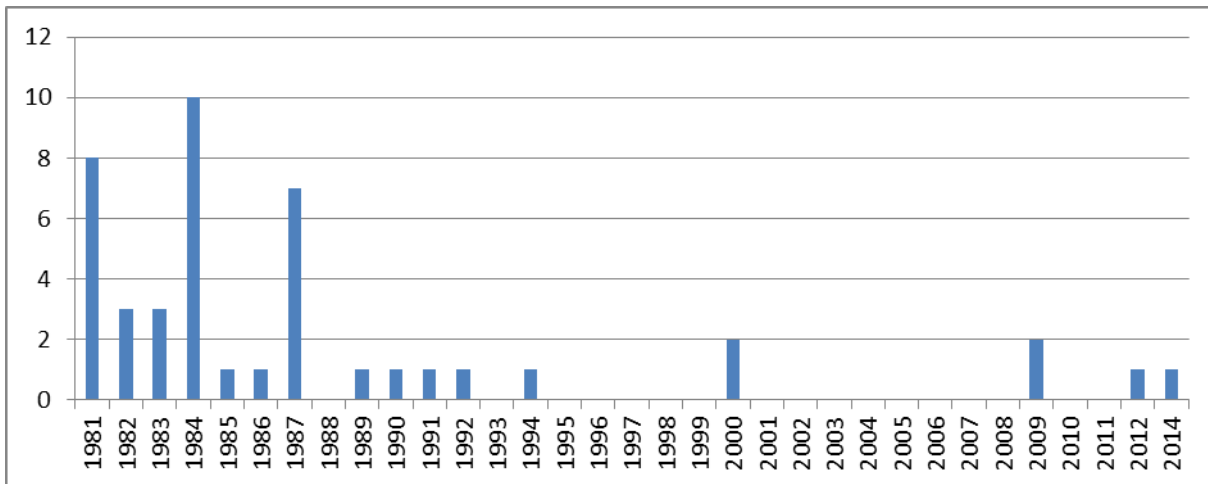


Abb. 1: Milzbrandausbrüche in den Jahren 1980 bis 2014 (einschl. Verdachtsmeldungen)

### Epidemiologische Untersuchungen

Die epidemiologischen Untersuchungen erfolgten mit der Task-Force Tierseuchenbekämpfung Sachsen-Anhalt im Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt durch. Zwischen dem 08.04.2014 und dem 14.04.2014 verendeten 4 Rinder aus einer Mutterkuhherde mit 96 Tieren im Burgenlandkreis. Die Rinder standen während des Ausbruchsgeschehens im Stall. Ein Weidegang erfolgte nicht sodass sich ausgehend von einer maximalen Inkubationszeit von 14 Tagen, die den Infektionszeitraum entsprechend einschränkt, die Ermittlungen des Infektionsursprungs auf das vor dem Milzbrandausbruch genutzte Futter konzentrierten. Vorwiegend erfolgte die Verfütterung von Heu und Maissilage. Das verwendete Heu und stammte von einer Wiese, welche vom Hochwasser betroffen war. Der These folgend, dass durch Überschwemmung (wie im Jahr 2012) *B. anthracis*-Sporen an die Oberfläche gelangen und so Weideland und damit Futtermittel kontaminiert werden, wurden Heu- aber auch Proben aus dem Mai-Silo mikrobiologisch analysiert.

### Labordiagnostische Untersuchungen

Die diagnostische Vorgehensweise zur Anzucht des Erregers und dessen Identifizierung mittels molekularbiologischer Methoden ist in der amtlichen Methodensammlung beschrieben und über TSN online verfügbar. Die Erst-Diagnose der Verdachtsproben im Jahr 2014 erfolgte durch das Untersuchungsamt Stendal mittels pathologisch-anatomischer Untersuchungen sowie Anzucht des Erregers.

Die mikrobiologische und molekularbiologische Bestätigungsdiagnostik erfolgte am Referenzlabor für Milzbrand am FLI, Standort Jena.

An Sektionsmaterial von verendeten Tieren erfolgte am Landesamt für Verbraucherschutz in Stendal die Isolierung von *B. anthracis*-verdächtigen Kulturen. Organproben und Verdachtsisolate wurden an das NRL am FLI zur Bestätigungsdiagnostik übermittelt. In Organ-Abklatschpräparaten waren Gram-positive Stäbchen massenweise vorhanden (Abbildung 2).

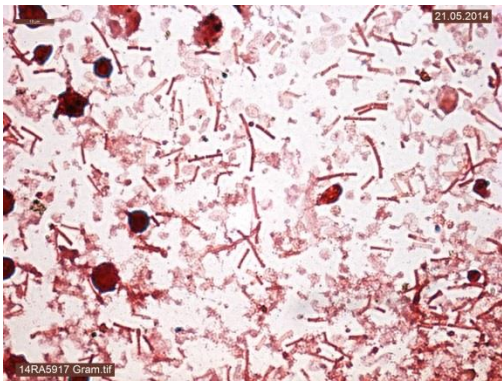


Abb. 2: Gram-Färbung - Abklatschpräparat von Milz

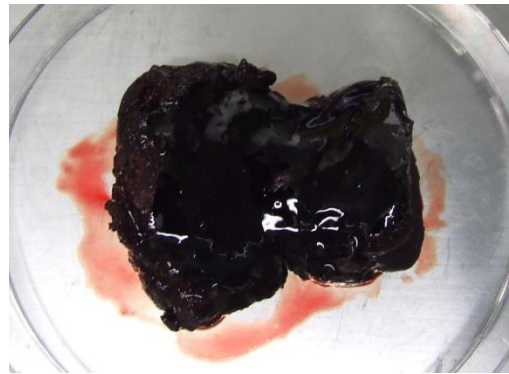


Abb. 3: Typische Veränderung der Milz

Aus der typisch veränderten Milz (Abbildung 3) konnte *B. anthracis* angezüchtet werden (Abbildung 4).

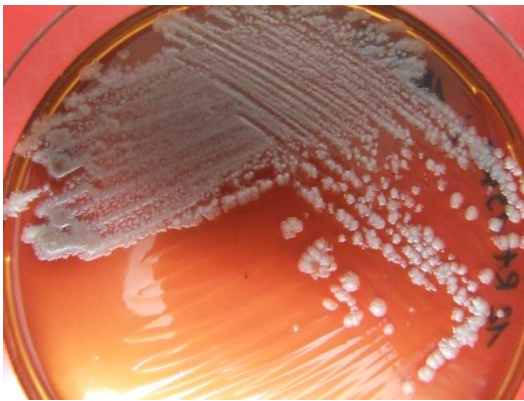


Abb. 4: *B. anthracis* auf Blutagar

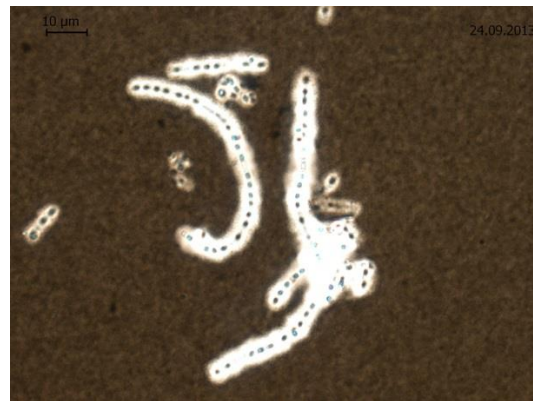


Abb. 5: Kapseldarstellung bei *B. anthracis* mit Tusche

Mittels Realtime PCR wurde durch den Nachweis der beiden Virulenzplasmide pX01 und pX02 das Vorhandensein eines virulenten *B. anthracis* Stammes bestätigt.

Die durch das Konsiliarlabor für *B. anthracis* (Universität Hohenheim) durchgeführte Typisierung ergab den Genotyp, der bereits bei dem Ausbruch 2012 in Sachsen-Anhalt nachgewiesen wurde (persönliche Mitteilung Dr. W. Beyer), dem auch andere Isolate aus den 60iger und 70iger Jahren angehören. Die Quellen dieser Isolate sind nicht bekannt. Da die Untersuchungen zur Kontamination der Heu und Maissilage durch das FLI und durch das

Konsiliarlabor für *B. anthracis* (Universität Hohenheim) negativ verliefen, bleibt die Ursache des Ausbruches spekulativ.

#### Staatliche Maßnahmen

Die tierseuchenrechtliche Grundlage zum Schutz gegen Milzbrand bildet die Milzbrand/Rauschbrand-Verordnung v. 23. Mai 1991. Ein Milzbrand-Ausbruch liegt demgemäß vor, wenn dieser durch den Erregernachweis festgestellt worden ist. Sofern das Ergebnis der klinischen, pathologisch-anatomischen oder anderen Untersuchungen den Ausbruch von Milzbrand befürchten lässt, besteht der Verdacht.

Im beschriebenen Ausbruchsgeschehen erfolgte mit der Betriebssperre die Sperre der betroffenen Weiden und der angrenzenden Weiden, wo die Tiere abgesondert und unter amtliche Beobachtung gestellt wurden.

Grundlage für durchzuführende Maßnahmen in betroffenen Beständen ist die Richtlinie des Bundesministeriums für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz über Mittel und Verfahren für die Durchführung der Desinfektion bei anzeigepflichtigen Tierseuchen (Stand November 2009).

### **Gefährdung des Menschen**

Nach Infektionsschutzgesetz (IfSG) ist der Verdacht auf Milzbrand sowie die Erkrankung oder Tod an Milzbrand meldepflichtig.

Der Mensch infiziert sich fast ausschließlich durch direkten oder indirekten Kontakt (Schmutz- und Schmierinfektion) mit infizierten Tieren. Ein berufsbedingtes Infektionsrisiko kann bei Personen bestehen, die sich mit der Be- und Verarbeitung tierischer Produkte (z.B. Tierhäute, Felle, Knochen) beschäftigen.

Im vorliegenden Fall wurden 9 Kontaktpersonen ermittelt, die einen unmittelbaren oder mittelbaren Kontakt zu den infizierten Tieren hatten. Diese Personen wurden vom Gesundheitsamt beraten.

### **Quellen**

Lagebericht 3 des Landesverwaltungsamtes Referat Verbraucherschutz, Veterinär-angelegenheiten, Halle v. 22.04.2014

### 15. Paratuberkulose - Paratuberculosis

Köhler, H., Möbius, P.

#### Summary

Paratuberculosis is distributed in cattle herds all over Germany. In 2014, 515 cases in ruminants were reported. Since 2000 the number of annually reported cases has been increasing steadily. A multi-locus genotyping approach with 14 targets is applied for molecular typing of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) isolates. Genotypes of MAP-Type II predominate among isolates from domestic and wild ruminants in Germany. Four MAP-Type II genotypes were found most frequently.

In 2014, the licensing process for two real-time PCRs for the detection of MAP in faecal and tissue samples was ongoing. Submissions for laboratory diagnosis focussed on faeces and tissue samples from small ruminants and from wild ruminants in zoological gardens.

Sequencing, assembly and annotation of a MAP Type I/III isolate from Germany was accomplished, the so far best assembled strain of this MAP-Type worldwide. Further research at FLI aims at the identification and characterization of early diagnostic biomarkers for paratuberculosis.

In 2014, the National Paratuberculosis Guidelines, which had been published by the former Federal Ministry of Consumer Protection, Nutrition and Agriculture in 2005 were replaced by National Recommendations for Hygienic Requirements in Ruminant Husbandry, which contain special recommendations for measures against paratuberculosis in cattle husbandry.

#### Zusammenfassung

Die Paratuberkulose ist in Rinderbeständen in ganz Deutschland verbreitet. Im Jahr 2014 wurden im TSN 515 Fälle bei Wiederkäuern erfasst. Seit dem Jahr 2000 steigt die Zahl der jährlichen Meldungen

kontinuierlich an. Für die molekulare Typisierung von MAP-Isolaten wird eine Multilokus-Typisierungsstrategie angewendet, die 14 Zielregionen umfasst. Mit dieser Methodik konnte gezeigt werden, dass unter den MAP-Isolaten aus Deutschland Genotypen des MAP-Typ II überwiegen. Vier MAP-Typ-II-Genotypen sind besonders weit verbreitet.

Im Jahr 2014 fanden experimentelle Untersuchungen im Rahmen der Zulassung von zwei Real-time PCRs zum MAP-Nachweis in Kot- und Gewebeproben statt. Die labordiagnostischen Untersuchungen konzentrierten sich auf Kot- und Organproben von kleinen Wiederkäuern sowie von Wildwiederkäuern aus zoologischen Gärten und Tierparks.

Die Sequenzierung, Assemblierung und Annotation eines MAP-Typ I/III-Isolates aus Deutschland ist abgeschlossen. Damit liegt der weltweit am besten assemblierte Typ I/III-Stamm vor. Weitere aktuelle Forschungsvorhaben des FLI zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung früher diagnostischer Biomarker für die Paratuberkulose ab.

Die Paratuberkulose-Leitlinien, die im Jahr 2005 durch das damalige BMVEL veröffentlicht worden waren, wurden 2014 durch „Empfehlungen für hygienische Anforderungen an das Halten von Wiederkäuern“ abgelöst, die „Maßnahmen zum Schutz gegen die Paratuberkulose in Rinderhaltungen“ enthalten.

#### 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 2014 fanden experimentelle Untersuchungen im Rahmen der Zulassung von zwei Real-time PCR Kits zum MAP-Nachweis in Kot- und Gewebeproben statt. Darüber hinaus wurde eine Untersuchung zu den Testcharakteristika (diagnostische Sensitivität und Spezifität für die Einzeltierdiagnostik) des Direktnachweises von MAP in Kotproben von Rindern mittels Real-time PCR im Vergleich zur kulturellen Anzucht und zum Antikörpernachweis im Serum durchgeführt. Dabei erwies sich der Direktnachweis mittels Real-time PCR bei der Einzeltierdiagnostik als sensitiver als der Antikörpernachweis.

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 2014 wurden beim Rind 502 Fälle erfasst (Tab. 1). Darunter befanden sich auch Nachweise bei zwei Kälbern, die jünger als 6 Monate waren. Beim Rind ist die Erkrankung in ganz Deutschland verbreitet (Abb. 1). Seit dem Jahr 2000 zeigen die jährlichen Meldungen einen ansteigenden Trend und es werden regelmäßig auch Fälle bei Schaf und Ziege mitgeteilt.

### Epidemiologische Untersuchungen

Die Paratuberkulose tritt in Rinderbeständen aller Bundesländer auf. Teilweise sind Schaf- und Ziegenbestände und Wildwiederkäuer betroffen. Auch in Zoologischen Gärten kommt es in seltenen Fällen zum Nachweis von Paratuberkulose bei unterschiedlichen Wiederkäuerspezies. Eine bundesweite Erhebung der Prävalenz der Paratuberkulose

wurde bisher nicht durchgeführt. Es gibt Regionen in Deutschland, in denen die Erkrankung schon seit Jahrzehnten endemisch vorkommt: Gebiete in Nordrhein-Westfalen, Rheinland-Pfalz und Niedersachsen. In den östlichen Bundesländern hat sich die Erkrankung seit 1989 kontinuierlich verbreitet und tritt inzwischen ebenfalls flächendeckend auf. Isolate von *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) gehören zwei großen Gruppen an: dem sogenannten Schaftyp (MAP Typ I/III) oder dem Rindertyp (MAP Typ II). Durch eine weitergehende Charakterisierung von MAP mit einer Kombination aus bis zu drei verschiedenen Genotypisierungsmethoden und 14 Zielstrukturen im Genom können verschiedene MAP-Stämme identifiziert und dadurch mögliche Übertragungswege verfolgt werden. Der Großteil der bisher genotypisierten Isolate aus Deutschland stammte von Rindern aus 147 Beständen in 12 Bundesländern (n=350), 45 von Schaf, Ziege, Esel sowie von Rot- und Damwild aus unterschiedlichen Habitaten - wild lebend, in privater Haltung oder aus Zoologischen Gärten. Zusätzlich wurde ein humanes Isolat untersucht.

Fast alle Isolate gehörten dem MAP-Typ II an, auch die Mehrzahl der Isolate von Ziegen, Rotwild, Damwild, Esel, Mensch und Schafen. Nur zehn Schafisolate und zwei Rinderisolate aus verschiedenen Bundesländern konnten dem MAP-Typ III zugeordnet werden. Der MAP Typ I (in Australien endemisch) wurde in Deutschland bisher nicht nachgewiesen. Isolate vom Schaftyp (Typ I + III) bevorzugen andere Nährmedien als Isolate vom Rindertyp und die kulturelle Isolierung benötigt bis zu einem Jahr. Damit werden erstgenannte möglicherweise bei Routineanzüchtungen übersehen.

Bei der Feintypisierung wurden bei den Rinderisolaten insgesamt 62 Genotypen gefunden sowie 22 verschiedene Genotypen für die Isolate von anderen Tierarten. Acht dieser Genotypen traten nur bei Schaf, Rotwild, Esel und Mensch auf, die Mehrzahl wurde ebenso bei Rindern nachgewiesen. Vier

Genotypen wurden besonders häufig detektiert, jedoch über 50% der Genotypen nur in jeweils einzelnen Isolaten. Inwiefern die weite Verbreitung von vier bestimmten Genotypen für eine höhere Virulenz dieser Isolate spricht, muss in weiterführenden Untersuchungen geklärt werden.

Einzelne Isolate aus Umgebungsproben sind nicht geeignet, Übertragungswege bestimmter Stämme zwischen Beständen mittels molekularer Typisierung nachzuweisen.

### Forschung

Im Jahr 2003 wurde der erste Stamm vom MAP-Typ III von einem Schaf in Deutschland isoliert und am Friedrich-Loeffler-Institut genotypisiert. Durch das sehr langsame Wachstum dieses *Mycobacterium*, den sehr hohen G/C Gehalt und viele repetitive Elemente im Genom, existiert bis heute weltweit keine geschlossene („finished“) Genomsequenz für einen derartigen MAP-Stamm vom Typ I/III.

In Zusammenarbeit mit Kollegen des HZI in Braunschweig, des Fritz-Lipmann-Instituts in Jena und der Mathematischen Fakultät der Friedrich-Schiller-Universität in Jena ist es uns gelungen, den Stamm JIII-386 zu sequenzieren, zu assemblieren, zu annotieren und mit anderen Genomsequenzen zu vergleichen. Dieser MAP-Stamm stellt derzeit weltweit den am besten assemblierten Schafstamm (Typ I/III) dar. Die Auswertung, welche den Vergleich zu einem ebenfalls durch das FLI neu sequenzierten („finished“) MAP-Stamm vom Typ II aus Deutschland und vier anderen MAP-Stämmen aus den USA und Australien umfasst, beschäftigt sich insbesondere mit den Unterschieden zwischen Typ I/III und Typ II und deren phylogenetischer Verwandtschaft zu *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis*.

Weitere Forschungsvorhaben des FLI zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung früher diagnostischer Biomarker für die Paratuberkulose ab.

### Staatliche Maßnahmen

Die Paratuberkulose ist nicht bekämpfungspflichtig. Die vom damaligen BMVEL im Jahr 2005 veröffentlichten Leitlinien für den Umgang mit der Paratuberkulose in Wiederkäuerbeständen (Paratuberkuloseleitlinien) wurden im Jahr 2014 durch die vom BMEL heraus gegebenen „Empfehlungen für hygienische Anforderungen an das Halten von Wiederkäuern“ abgelöst. Die deutschlandweite Bekämpfungsstrategie ist in den „Maßnahmen zum Schutz gegen die Paratuberkulose in Rinderhaltungen“ formuliert, die in den Empfehlungen enthalten sind. Sie stellen eine Weiterentwicklung der Paratuberkulose-Leitlinien dar und lösen diese ab. Folgende Ziele sollen erreicht werden:

- Senkung der Häufigkeit der MAP-Infektionen in den Beständen
- Verminderung der wirtschaftlichen Schäden in den Betrieben
- Eindämmung der Ausbreitung in andere Rinderbestände
- Schaffung und Schutz von Paratuberkulose-unverdächtigen Rinderbeständen.

### 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 2014

Jahr	Rind	Schaf	Ziege	Gesamt
2014	502	8	6	515

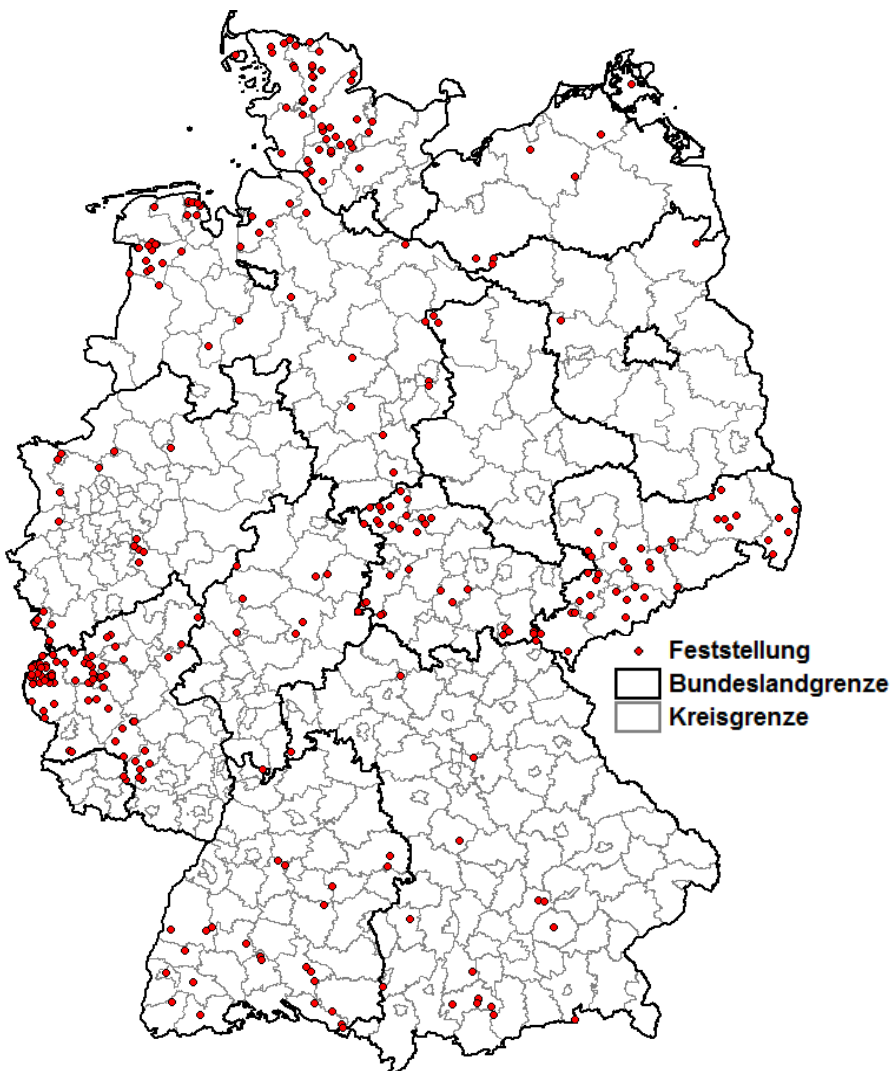


Abbildung 1: Geografische Verteilung der im Jahr 2014 in Deutschland gemeldeten Paratuberkulosefälle (TSN)

## 16. 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. Real-time PCR is a quick and sensitive method for detection of the Q fever agent (Klee et al., 2006). For some reasons the agent must be isolated by cell culture. Over the last decades 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 can be sent to the National Reference Laboratory for investigation. Please contact the laboratory in advance (Tel.: ++49(0)3641-804 2327; email: Klaus.Henning@fli.bund.de).

### Epidemiologie

Beim Q-Fieber handelt es sich um eine grippeähnliche 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

Zum 1. Oktober 2013 wurde das NRL für Q-Fieber zum FLI Jena, Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, verlegt. 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 abgeschlossen. Das Projekt hatte zum Ziel, die Mechanismen, die zu einem Q-Fieber-Ausbruch führen, besser zu verstehen. Die Kontakte zwischen den Verbundpartnern blieben weiterhin bestehen, u.a. mithilfe des jährlichen Q-Fieber-Workshops. Eine gewisse Weiterführung hat das Projekt in der Q-Fieber-Seroprävalenz-Studie für Schleswig-Holstein gefunden, die 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 durchgeführt wird. Die deutschlandweite Studie hatte für Schleswig-Holstein ergeben, dass dort die Seroprävalenz bei Schafen und Ziegen zwischen 0,4% und 7,2% liegt. Die Situation in den in Milchviehbeständen war dagegen unbekannt. Die milchserologische Studie auf Antikörper gegen Q-Fieber ergab für Schleswig-Holstein je nach Land-



kreis eine Seroprävalenz von 6.0% - 24.7%. Eine weitere serologische Studie soll die Situation bei Schafen und Ziegen noch einmal genauer erkunden.

Ein wichtiges Anliegen des NRL für Q-Fieber ist die Kommunikation unter den Wissenschaftlern. Aus diesem Grunde fand am 1. April 2014 im Konferenzraum des Standortes Jena der erste „Workshop on Q-Fieber“ statt, an dem dreiundvierzig Teilnehmer aus human- und veterinärmedizinischen Forschungs- und Untersuchungseinrichtungen des In- und Auslands sowie Vertreter von Ministerien, Tierseuchenkassen und Firmen ihre Erfahrungen auf dem Gebiet der Q-Fieber-Problematik austauschten. Insgesamt wurden 14 Vorträge und 7 Poster präsentiert, die alle auf ein großes Interesse stießen. Weitere Workshops sollen im jährlichen Abstand folgen.

Ebenfalls im Konferenzraum des Standortes Jena fand am 9. und 10. Oktober 2014 die „Gemeinsame

Arbeitstagung des Nationalen Referenzlabors für Chlamydiose, des Nationalen Referenzlabors für Q-Fieber und der DVG-Fachgruppe Bakteriologie und Mykologie“ statt, an der sechsfünfzig Kolleginnen und Kollegen teilnahmen.

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

**Literatur**

Klee, S.R., Tyczka, J., Ellerbrok, H., Franz, T., Linke, S., Baljer, G., and Appel, B.: Highly sensitive real-time PCR for specific detection and quantification of *Coxiella burnetii*. BMC Microbiology 2006, 6:2 doi: 10.1186/1471-2180-6

Tabelle 1: Diagnostischen Arbeiten am Referenzlabor für Q-Fieber im Jahre 2014

Untersuchungen 2014	Anzahl	davon positiv
Untersuchungen zum Erregernachweis	331	20
Untersuchungen zum Antikörpernachweis	1168	7
Zulassungs- und Chargenuntersuchungen im Rahmen von § 17c Tierseuchengesetz	5	
<b>Gesamt</b>	<b>1504</b>	

## 17. 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 has to 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 2014 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 2014 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 Clostridienpezies, 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 Rauschbrand-Ausbrüche 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 2014 wurden 6 Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

Tabelle 1: Rauschbrandausbrüche 1950 bis 2009

Rauschbrand	1950- 1959	1960- 1969	1970- 1979	1980- 1989	1990- 1999	2000- 2009
durchschnittliche Anzahl Neuausbrüche/Jahr	64,1	64,9	64,8	29,7	18,1	19,9

Tabelle 2: Rauschbrandausbrüche 2004 bis 2014

Rauschbrand	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Neuausbrüche	15	48	23	34	14	22	13	10	6	6

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 11.08.2015).

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.

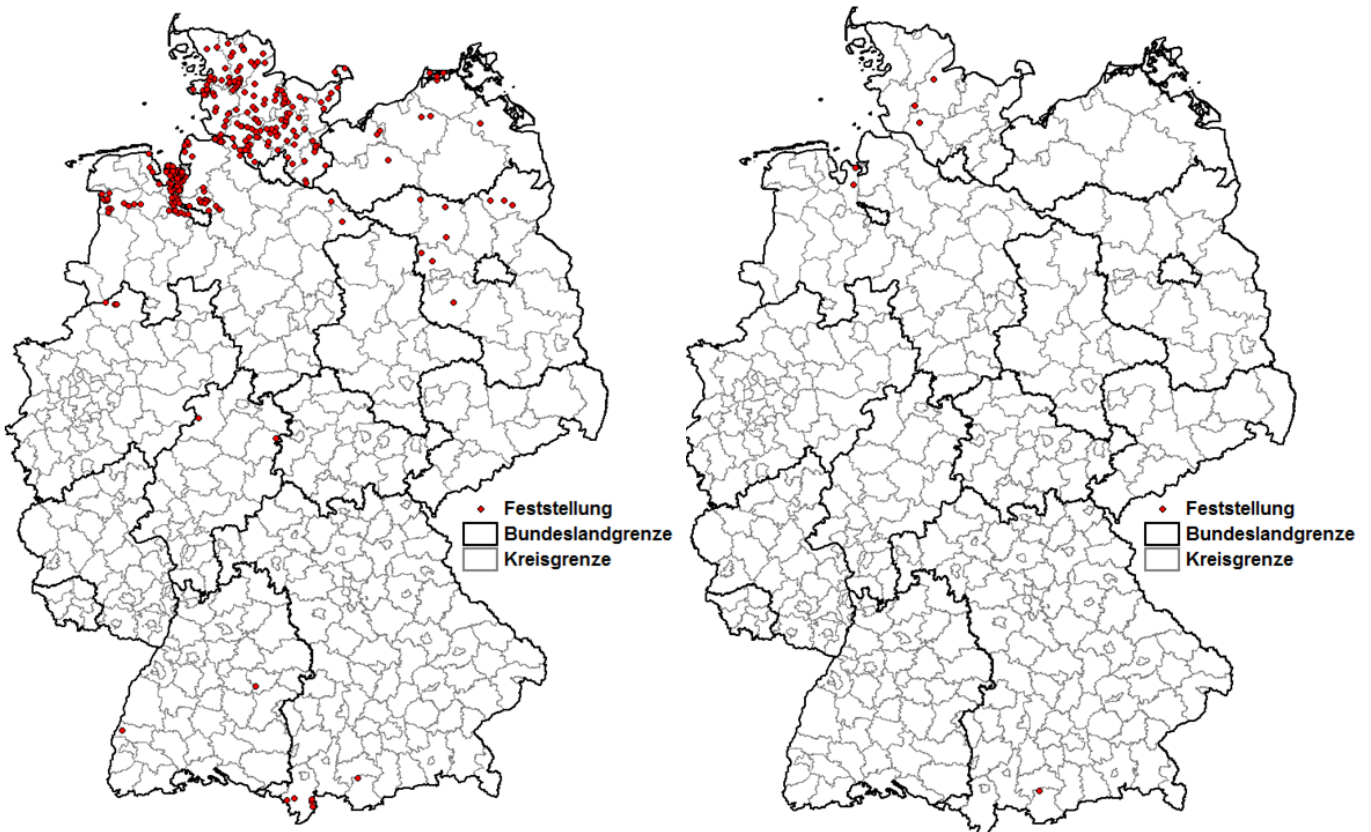


Abbildung 1: Räumliche Verteilung der Rauschbrandausbrüche ( $n = 334$ ) 01.01.1995 bis 31.12.2014 (linke Karte) und im Berichtszeitraum ( $n = 6$ ) 01.01.2014 bis 31.12.2014 (rechte Karte).

### 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.

### 18. 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 2014, 68 outbreaks of bovine salmonellosis were recorded (Table 1). The number of outbreaks in the federal states (Länder) between 2010 and 2014 is shown in Table 2. The regional distribution of salmonellosis outbreaks in cattle herds between 2011 and 2014 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 2014 a percentage of 32 % was reached (Table 3). The share of outbreaks caused by the host-adapted serovar S. Dublin amounted to ca. 46 % in 2014 and was, therefore, the dominating serovar. About 4 % of the reported outbreaks in 2014 were caused by the serovar S. Abony and ca. 7 % by S. Enteritidis. The summarised group of all other serovars was the reason for about ca. 10 % of all outbreaks of salmonellosis in cattle. 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 2014 insgesamt 68 Ausbrüche (Stand: 01.02.2015) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die Anzahl der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2010 bis 2014 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 2014 ca. 32 %. Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 46 % aller Salmonellose-Ausbrüche und war damit die dominierende Serovar. Der Anteil der durch S. Abony hervorgerufenen Ausbrüche betrug im Jahr 2014 ca. 4 %, der Anteil der S.-Enteritidis-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, im Jahr 2014 wurden jedoch wieder 5 Ausbrüche 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. Im Jahr 2014 kam es zu einem starken Rückgang des Anteils durch diese Gruppe auf ca. 10 %. 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 2013 als auch 2014 in fast allen Bundesländern mit Salmonellose-Ausbrüchen nachgewiesen wurde, bestehen bei den anderen Salmonella-Serovaren Unterschiede.

Die Tatsache, dass die an das Rind adaptierte Serovar Dublin in einigen Bundesländern nicht nachgewiesen wird, in einigen Bundesländern jedoch 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 2014 wurden insgesamt 232 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. Darüber hinaus erfolgen durch das NRL Salmonellose der Rinder umfangreiche Chargenprüfungen sowie Untersuchungen zur Zulassung von Diagnostika. In 2014 wurden insgesamt 25 Chargenprüfungen von ELISA-Tests zur serologischen Diagnostik von Salmonella-Infektionen beim

Geflügel und beim Schwein sowie Untersuchungen im Rahmen eines Zulassungsverfahrens durchgeführt.

### Statistische Angaben

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2014 insgesamt 68 Ausbrüche (Stand: 01.02.2015) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche von 2011 bis 2014 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 feststellbar. 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 2014 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 Oktober/November trat auch 2014 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 2014 verursachte die Serovar *S. Typhimurium* 32 % aller angezeigten Ausbrüche (Tab. 3). Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 46 % aller Salmonellose-Ausbrüche und war damit erstmals die dominierende Serovar. Der Anteil der durch die Serovar *S. Abony* hervorgerufenen Ausbrüche betrug im Jahr 2014 ca. 4 %. Die Anzahl der *S.-Enteritidis*-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, im Jahr 2013 wurde nur ein Salmonellose-Ausbruch beim Rind durch diese Serovar angezeigt, in 2014 jedoch wieder fünf Ausbrüche.

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, in 2014 kam es jedoch zu einem starken Rückgang auf nur noch 10 %. 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 2013 als auch 2014 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, Schleswig-Holstein und Bayern jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen endemisch ist. In Bayern wurden in 2014 insgesamt 12 Salmonella-Dublin-Ausbrüche angezeigt, in 2013 waren es lediglich 4. 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. In 2014 kam es insgesamt zu einem starken Rückgang auf insgesamt nur 7 Ausbrüche durch diese Gruppe. 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 her-



stellen 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), 2013 (7 Betriebe) wurde auch im Jahr 2014 (5 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 2014 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 kriti-

sche 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 2014 (ca. 16.065) 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 be-

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

stimmte Lebensmittel (insbesondere Rohmilch, Rohkäse) 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.

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

2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
232	153	107	120	99	120	81	95	109	102	77	68

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

Bundesland	2010	2011	2012	2013	2014
Berlin	-	-	-	1	-
Brandenburg	6	10	3	-	1
Baden-Württemberg	9	9	11	9	8
Bayern	28	15	18	14	20
Hessen	1	4	2	1	1
Mecklenburg-Vorpommern	1	5	3	3	1
Niedersachsen	11	19	26	18	13
Nordrhein-Westfalen	8	12	6	9	5
Rheinland Pfalz	-	3	6	-	4
Saarland	-	-	-	-	-
Schleswig-Holstein	16	14	13	11	9
Sachsen	9	7	4	1	2
Sachsen Anhalt	3	5	4	6	3
Thüringen	3	6	6	4	1
<b>Gesamt</b>	<b>95</b>	<b>109</b>	<b>102</b>	<b>77</b>	<b>68</b>

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

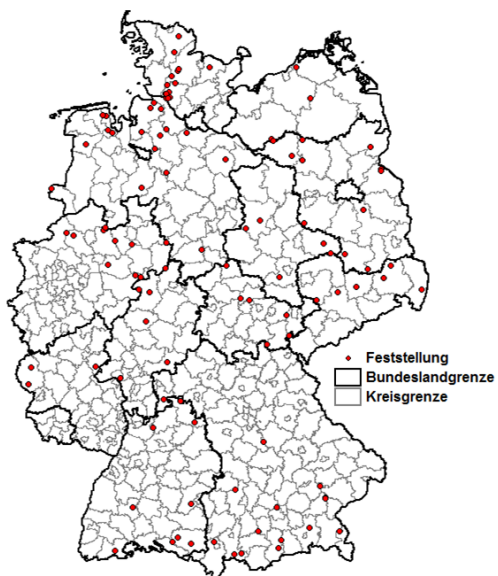
Tabelle 3: Nachgewiesene *Salmonella*-Serovaren bei Ausbrüchen in den Jahren 2012 bis 2014 in der Bundesrepublik Deutschland

Salmonella-Serovaren	2012		2013		2014	
	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%
Typhimurium	49	48,0	26	33,7	22	32,4
Dublin	18	17,6	22	28,6	31	45,6
Abony	10	9,8	5	7,8	3	4,4
Enteritidis	4	3,9	1	1,3	5	7,3
<i>Salmonella</i> ssp.	21	20,6	23	28,6	7	10,3

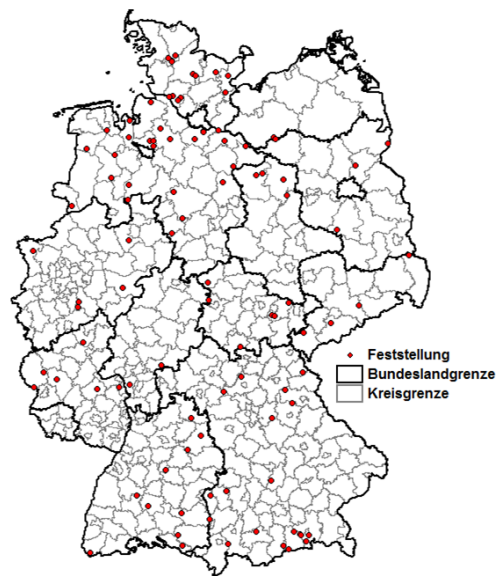
Tabelle 4: Anteil von *Salmonella*-Serovaren an gemeldeten Ausbrüchen in den Bundesländern in den Jahren 2013 und 2014

Bundes- land	Anzahl (n) Ausbrüche gesamt		<i>Salmonella</i> -Serovaren										
			Typhimurium		Dublin		Abony		Enteritidis		S. ssp.		
	2013	2014	2013	2014	2013	2014	2013	2014	2013	2014	2013	2014	
BE	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
BB	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BW	9	8	3	4	2	1	3	-	-	2	1	1	
BY	14	20	3	5	4	12	1	-	-	1	6	2	
HE	1	1	-	1	-	-	-	-	-	-	1	-	
MV	3	1	1	-	1	1	-	-	-	-	1	-	
NI	18	13	5	5	7	4	2	2	-	-	4	2	
NW	9	5	6	1	1	2	-	-	1	-	1	2	
RP	-	4	-	2	-	-	-	-	-	2	-	-	
SL	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
SH	11	9	5	-	6	8	-	1	-	-	-	-	
SN	1	2	-	1	-	1	-	-	-	-	1	-	
ST	6	3	3	2	-	1	-	-	-	-	3	-	
TH	4	1	-	-	1	1	-	-	-	-	3	-	
<b>Gesamt</b>	<b>77</b>	<b>68</b>	<b>26</b>	<b>22</b>	<b>22</b>	<b>31</b>	<b>6</b>	<b>3</b>	<b>1</b>	<b>5</b>	<b>22</b>	<b>7</b>	

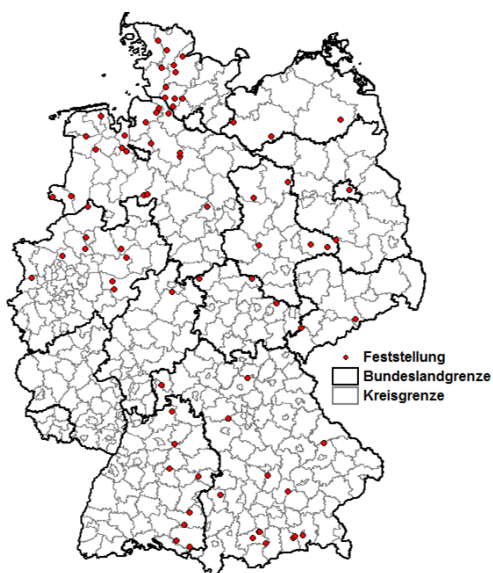
2011: 109 Ausbrüche



2012: 102 Ausbrüche



2013: 77 Ausbrüche



2014: 68 Ausbrüche

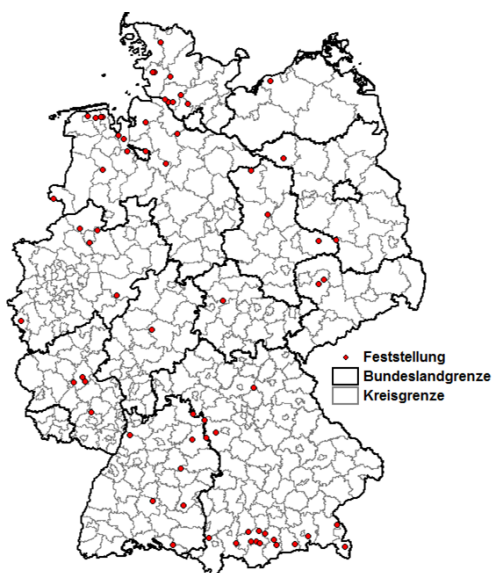


Abbildung 1: Regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in der Bundesrepublik Deutschland in den Jahren 2011 bis 2014

Anzahl Ausbrüche

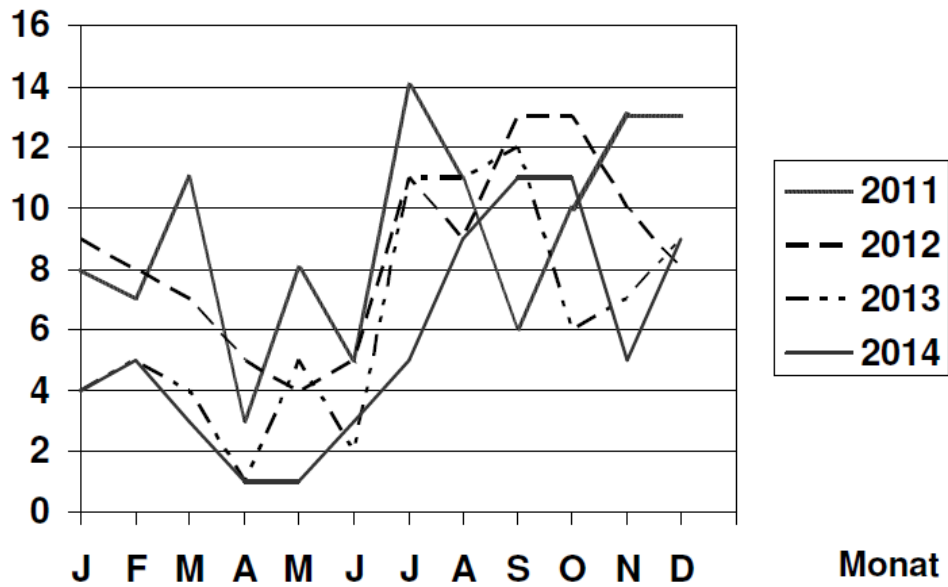


Abbildung 2: Zeitliche Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Jahren 2011 bis 2014

### 19. Tollwut - Rabies

Müller, T., Freuling, C.

#### Summary

Germany has been officially recognized as being free from terrestrial rabies since 2008. A requirement for maintenance of a rabies free status is an adequate surveillance. Based on available data in 2014, a total of 5,874 animals (thereof 3,742 foxes) were submitted nationwide for rabies routine diagnosis. 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 Rahmen der Tollwutüberwachung zur Aufrechterhaltung des freien Status wurden nach den dem FLI vorliegenden Daten in 2014 bundesweit insgesamt 5.874 Tie-

re (davon 3.742 Füchse) auf Tollwut getestet. Die Tollwutsurveillance basiert auf der TW-VO in der Fassung der Bekanntmachung vom 4. Oktober 2010 (BGBl. I S. 1313) und folgt internationalen Empfehlungen.

Im Jahr 2014 wurden insgesamt 7 Fledermaustollwutfälle aus den sieben Bundesländern Sachsen-Anhalt, Brandenburg, Nordrhein-Westfalen, Berlin, Saarland, Niedersachsen und Bayern gemeldet. Während bei allen anderen Fällen EBLV-1 isoliert wurde, handelt es sich bei dem Fledermaustollwutfall in Bayern um den ersten Nachweis von EBLV-2 in Bayern. Es ist somit das fünfte Mal überhaupt, das EBLV-2 in Deutschland nachgewiesen wurde. In allen Fällen wurde das Virus aus der Wasserfledermaus (*Myotis daubentonii*) isoliert.



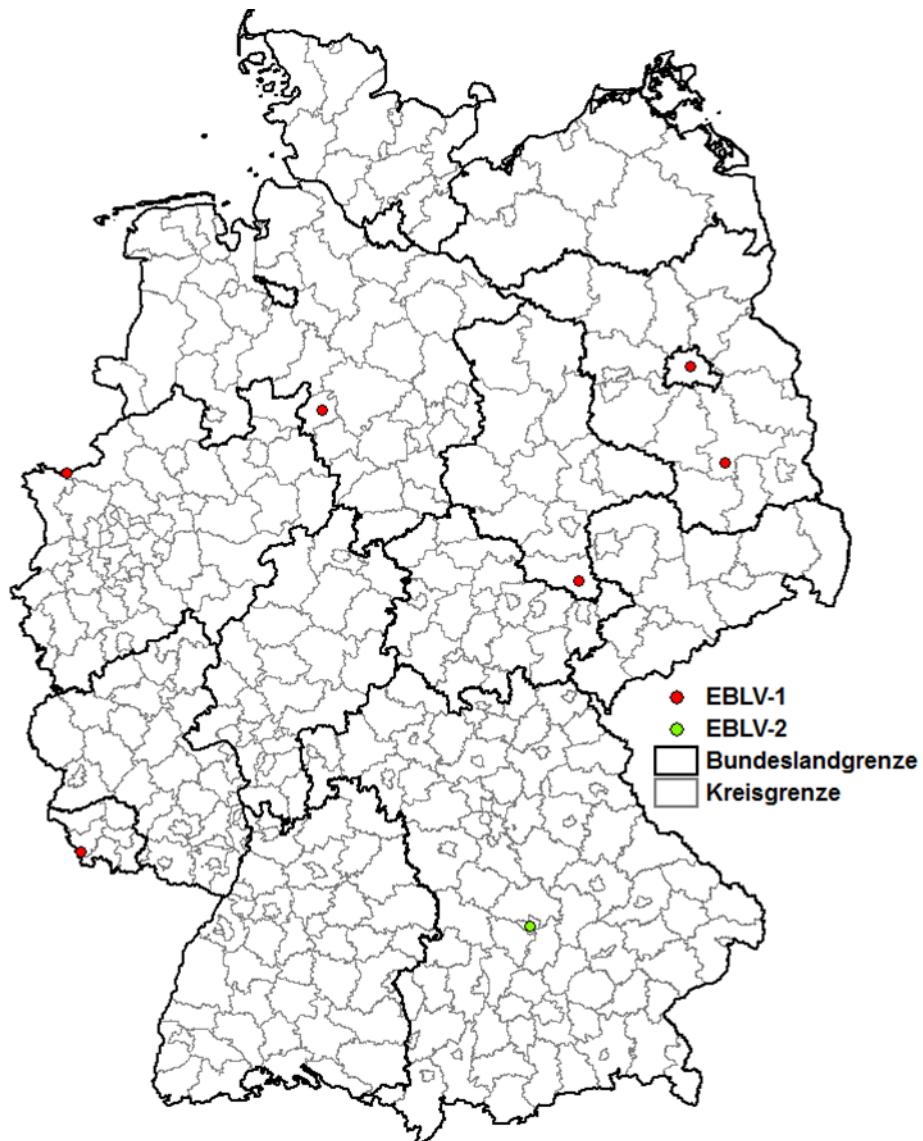


Abb. 1: Nachweise von Fledermaustollwut in Deutschland sowie des importierten Falles in Bayern (Quadrat) 01.01.2014 - 31.12.2014

## 20. Toxoplasmose - Toxoplasmosis

Schares, G., Conraths, F. J.

### Summary

Toxoplasmosis is a reportable animal disease in Germany. In 2014, a total of 26 cases were reported (18 in cats; 1 in goats; 3 in sheep; 1 in a fox; 1 in a hare; 1 in a monkey, 1 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 hierzu-lande 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 (PAR-DINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012; MORÉ et al., 2012).

### Labordiagnostische Untersuchungen

Infektionen lassen sich bei der histologischen oder koproscopischen Untersuchung oder durch Erregerisolierung 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 2014 sind in Tabelle 1 angegeben.

	Anzahl
Einsendungen	257
Erregernachweise	11 von 47
Antikörpernachweise	73 von 210

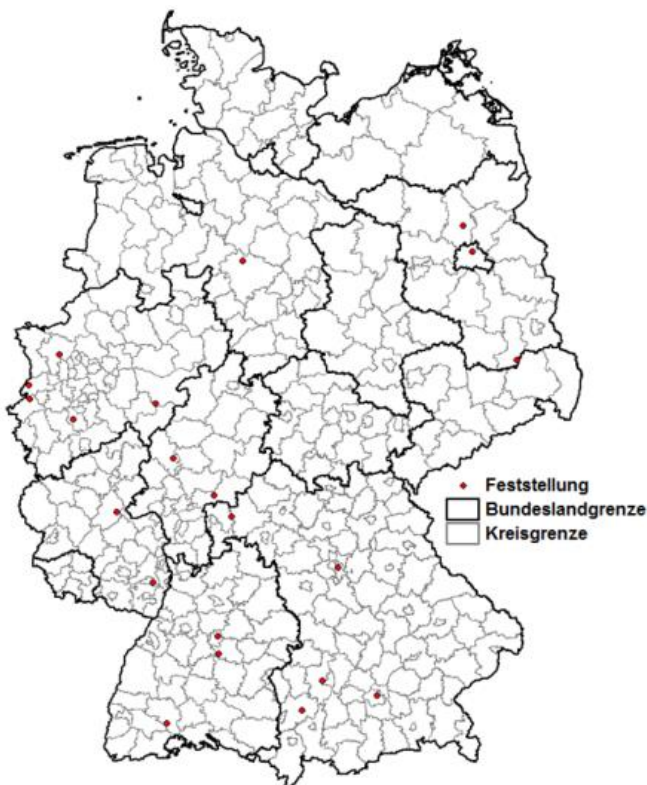


Abb.: Im Jahr 2014 über TSN mitgeteilte Toxoplasma-Fälle (n = 26; Stand 28.04.2015)

### Statistische Angaben

Laut der im Tierseuchennachrichtensystem hinterlegten Faldefinition gelten folgende Voraussetzungen für die Feststellung der Toxoplasrose: 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. koproscopischer Erregernachweis bei Endwirten (Feliden) mit Bestätigung der Erregeridentität oder 4. indirekter Nachweis der Infektion bei Tieren, die der Lebensmittelgewinnung dienen. Im Jahr 2013 wurden 26 Fälle gemeldet (18 bei Katzen; 1 bei Ziegen; 3 bei Schafen; 1 bei einem Fuchs; 1 bei einem Feldhasen, 1 bei einem Affen; 1 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 Toxoplasrose führt epidemiologische Untersuchungen zum Vorkommen der Toxoplasrose bei Tieren durch, deren Ergebnisse teilweise bereits veröffentlicht sind (MAKSIMOV et al. 2011; MORÈ et al., 2012; PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012). Serologische und direkte Nachweisverfahren werden weiterentwickelt (HERRMANN et al. 2011). Das NRL Toxoplasrose beschäftigt sich ferner mit der Typisierung von *T. gondii* und mit der Identifizierung und Validierung von Markern, die Aussagen über die Virulenz genetisch verschiedener *T. gondii*-Isolate zulassen (HERRMANN et al. 2010, 2012 a, b).

### Staatliche Maßnahmen

Die Toxoplasrose 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 Toxoplasrose. 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 Toxoplasmen des Menschen ist nach § 7 Abs. 3 Nr. 6 des Infektionsschutzgesetzes zu melden. In einigen Bundesländern sind auch postnatal erworbene Toxoplasmen 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.

## 21. 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 2014, a total of 415 BSE cases were confirmed in Germany. Since 2004, the number of BSE cases has decreased by 50 % each year (Tab. 1). In 2014, two cases of atypical BSE (one H-BSE and one L-BSE) were confirmed, after four years where no new BSE cases had been diagnosed. This situation shows that the BSE eradication measures, namely disposal of specified risk material (SRM), rapid testing of all slaughtered animals and risk animals above a certain age limit, and feed ban for mammalian meat and bone meal, mammalian fat and fishmeal to ruminants, which have been in place since January 2001, have been 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 eine proteinbiochemische Untersuchung mittels Westernblot 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 31.12.2014 wurde in der Bundesrepublik Deutschland bei 415 Rindern BSE diagnostiziert. Seit 2004 halbierte sich die Anzahl der Fälle jährlich (Tab. 1). Im Jahr 2014 wurden zwei atypische BSE-Fälle (ein H-Typ und ein L-Typ Fall) nachgewiesen, nachdem zuvor vier Jahre kein Fall von BSE in Deutschland amtlich festgestellt worden war.

Diese günstige Situation 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 2014

Tabelle 1: Anzahl der bestätigten BSE-Fälle 2002 bis 2014

	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
bestätigte BSE-Fälle	106	54	65	32	16	4	2	2	0	0	0	0	2*

\* *atypische BSE*

Tabelle 2: Untersuchungen auf BSE im Jahr 2014

Zielgruppe	Anzahl der untersuchten Rinder	Anzahl der Untersuchungen	nicht untersuchbar	positiv
verendete Tiere	137.791	137.697	1.836	0
Notgeschlachtete Tiere	7.717	7.717	0	0
krank geschlachtete Tiere	0	0	0	0
Tiere mit klinischen BSE-Erscheinungen	0	0	0	0
gesund geschlachtete Tiere	217.318	217.195	5	2*
Getötete Tiere im Rahmen der BSE-Ausmerzung – Bestandstötung	0	0	0	0
Getötete Tiere im Rahmen der BSE-Ausmerzung – Kohortentötung	8	8	0	0
Verdachtsfälle zur Bestätigung durch Laboruntersuchung	457	463	0	0
<b>Gesamt</b>	<b>363.291</b>	<b>363.203</b>	<b>1.841</b>	<b>2</b>

\*) *Bei den beiden positiven Fällen handelt es sich um Fälle von atypischer BSE.*

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

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

### Summary

In 2014, 11 scrapie outbreaks were confirmed; all were identified as atypical scrapie. 10 scrapie cases were diagnosed in sheep, one case was detected in a goat. 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, 237 scrapie cases were diagnosed until December 2014 (Tab. 1).

In accordance with regulation (EC) No. 56/2013, 10,000 healthy slaughtered and 10,000 fallen sheep and goats were analyzed 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 Westernblot als auch eine immunhistochemische Untersuchung. TSE-positive Fälle werden weitergehend auf das Vorliegen von BSE, klassischer oder atypischer Scrapie untersucht.

### Statistische Angaben

Im Jahr 2014 wurden 11 Scrapie-Ausbrüche amtlich festgestellt, wobei es sich ausschließlich um atypische Scrapie handelte. Zehn der Fälle wurden bei Schafen festgestellt, ein weiterer Fall wurde bei einer Ziege diagnostiziert. Seit Einführung der amtlichen TSE-Untersuchungen für kleine Wiederkäuer (2002) wurden im Rahmen der aktiven Überwachung bis zum Dezember 2014 insgesamt 237 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 Scrapie-positiver Tiere sowie aller Tiere in betroffenen 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 2014

Tabelle 1: Anzahl der bestätigten Scrapie-Fälle (betroffene Herden) in den Jahren 2002 bis 2014

	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Scrapie-Fälle (betroffene Herden)	16	23	43	27	25	26	7	12	13	19	8	7	11



## 22. 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, H., 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 bird deaths 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.: ++49(0)3641-804 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 (03641-804-2327/800) 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.

### 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.

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

Untersuchungen 2014	Anzahl	davon positiv für <i>T. foetus</i>	positiv für andere Trichomonaden
Untersuchungen zum Erregernachweis	35	0	7
<b>Gesamt</b>	<b>35</b>		

## 23. 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 must be applied to differentiate members of the MTC (DNA sequence analysis, spoligotyping). RFLP (restriction fragment length polymorphism) analysis based on IS6110 the formerly most frequently used method to differentiate *M. tuberculosis* has its limitations for differentiation of *M. bovis* due to the fact that normally less than five IS6110 copies are present in *M. bovis*. Spoligotyping and MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit / variable number of tandem repeat) typing are nowadays the most often 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 (psittacines). 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 in 99.7% (West), since 1990 (unified country) at least in 99.9% of the cattle holdings per year TB was not detected. In 1996, Germany was declared officially free of bovine tuberculosis and since then this status has been maintained.

In November 2014, 12,742,190 cattle were kept in 154,878 farms. In contrast to 2013 with 46 outbreaks, 13 outbreaks were notified in 2014 in the federal states of Bavaria (9), Lower Saxony (2) and Saarland (2). Four of these cases were detected on occasion of an ordered herd examination, one due to a local monitoring program (BY), five cases at official meat inspection, three by contact tracing and one animal due to clinical suspect. Diagnostic methods comprise tuberculin skin test (SIT, SICCT), gamma interferon release assay (IGRA), molecular (PCR) and bacteriological (culture) detection of MTC pathogens.

### 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). Da sie sich in ihrer 16S rDNA nicht unterscheiden, sind sie auf dieser Basis streng genommen als Mitglieder einer einzigen Spezies anzusehen. Aufgrund der Unterschiede in der Wirtsspezifität sowie biochemischer Marker wurde zunächst mit *M. bovis* (Karlson und Jessel 1970) neben *M. tuberculosis* (Zopf 1883; Lehmann and Neumann 1896) eine eigene Spezies geschaffen. Später wurde auch für die meisten anderen MTC-Erreger die Einstufung als selbstständige 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, tuberkulosepositiv. 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 die 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.

### 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 Ansiedlung 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 Hoch-Zeiten 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 Pasteurisierung 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. Dabei handelt es sich wohl häufig um Reaktivierungen alter Infektionen bei Personen in höhe-

rem Lebensalter oder Personen 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.

### Labordiagnostische Untersuchungen

*Erreger-Diagnostik und -Typisierung*  
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 *gyr B*-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 - oligonucleotide) basiert auf der Analyse der Direct-Repeat-Region (DR), einer einzigartigen 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. Für diese Untersuchungen steht heute ein Microarray zur Verfügung. Durch Hybridisierung von biotinylierten PCR-Produkten der DR-Region an Spacer-Oligonukleotide mit anschließender Entwicklung einer Farbreaktion-Reaktion 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. 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. 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. Da die Ergebnisse nicht in einen numerischen Code übersetzt werden können und die Methode für globale Vergleichsuntersuchungen daher wenig geeignet ist,

wird sie heute trotz hoher diskriminatorischer Potenz kaum mehr genutzt. Eine weitere, 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. Heute beginnt sich die Sequenzierung ganzer Genome bzw. der SNPs (single nucleotide polymorphisms) auf dem Gesamtgenom zur Beantwortung molekular-epidemiologischer Fragestellungen ihren Platz zu erobern.

Neben der Rindertuberkulose werden auch Tuberkuloseverdachtsfälle bei anderen Tierarten untersucht. Es handelt sich dabei um kleine Haustiere wie Hunde, Katzen, Nutzgeflügel, 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.

### **Immunologische Diagnostik**

Als immunologische Diagnostikmethode wurde mit dem Erlass der aktuellen Tuberkulose-Verordnung (2013) neben dem Tuberkulin-Hauttest auch der Gamma-Interferon-Freisetzungstest (IGRA) für die amtliche Diagnostik zugelassen. Der Test wird auf Anfrage im Referenzlabor durchgeführt.

### *Verfügbares Methodenspektrum*

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. die Durchführung des 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 oder DNA-Sequenzanalyse (16S rDNA, hsp65-Gen) eingesetzt. Als weitere Methode wird die MIRU-/VNTR-Typisierung durchgeführt. Nicht alle diese Methoden werden routinemäßig angewandt. Vor allem die letztgenannte Methode kommt nur gezielt bei Fragestellungen zum Einsatz, die auf anderen Wegen nicht zufriedenstellend beantwortet werden können.

**In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der Isolierung und Speziesbestimmungen aufgeführt.**

Tabelle 1: Tuberkulose-Ausbrüche in den Jahren 2004 bis 2014 (ohne Verdachtsmeldungen) (Quelle: TSN)

Eingesandte Proben	Anzahl (x Proben von n Tieren)	Erreger (Tiere)			
		MTC	<i>M. avium ssp. hominissuis</i>	<i>M. avium ssp. avium</i>	andere
Rind	167/29	6	0	0	0
Schwein	27/18	1	13	0	0
Geflügel / Vögel	30/18	0	2	11	2
Katze, Hund	15/8	1	1	0	1
Zootiere	74/42	2	1	2	0
Neuweltkameliden	12/12	0	0	0	0
Wild	5/23	1	1	0	0
Wechselwarme	6/5	0	0	0	1
Gesamt	357/176	11	18	13	2

#### Statistische Angaben

Im November des Jahres 2014 wurden in Deutschland 12.742.190 Rinder in 154.878 Betrieben gezählt (Statistisches Bundesamt). Im Vergleich zum Jahr 2013 mit 46 Ausbrüchen ging die Anzahl im Jahr 2014 auf 13 Ausbrüche, in den Bundesländern Bayern (9), Saarland (2) und Niedersachsen (2), zurück.

Ein Ausbruch wurden im Zuge eines lokalen Monitoring Programms (BY) festgestellt, drei bei Kontaktuntersuchungen, vier bei Bestandsuntersuchungen, weitere vier Fälle bei der amtlichen Fleisch- bzw. Schlacht tieruntersuchung, ein Fall auf Grund klini-

scher Symptome und zwei bei angeordneten Bestandsuntersuchungen.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,008%. 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 2 zeigt die Anzahl der Ausbrüche in Deutschland seit dem Jahr 2004.

(TSN-Abfrage 06. Februar 2015)



Tabelle 2: Tuberkulose-Ausbrüche in den Jahren 2004 bis 2014 (ohne Verdachtsmeldungen) (Quelle: TSN)

Bundesland	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
Brandenburg					2						
Bayern	5	3	2	7	8	18	5	2	20	35	9
Baden-Württemberg	2	2	2	2						7	
Hessen							1				
Niedersachsen	2			3	13	3	4	3	3	4	2
Nordrhein-Westfalen	1				1				1		
Saarland											2
Schleswig-Holstein					1		1				
Sachsen											
Sachsen-Anhalt											
Thüringen			1								
Gesamt	10	5	5	12	23	23	11	5	24	46	13

**Epidemiologische Untersuchungen**

Im Rahmen des Tuberkulose-Monitorings war das FLI an der Durchführung von Bestätigungsuntersuchungen nach diagnostischen Tötungen beteiligt.

**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.

Bisher stehen für kleine Haustiere, Kameliden und Wildwiederkäuer keine ausreichend validierten Testsysteme für die Tuberkulose-Diagnostik *in-vivo*

zur Verfügung. Für Hirsche und Alpakas wurden Labormethoden etabliert, die den Nachweis der zellvermittelten Immunreaktion anhand der Genexpression von Interferon- $\gamma$  nach spezifischer Antigenstimulation ermöglichen. Nunmehr ist zu prüfen, inwieweit diese Methodik eine sichere *in-vivo* Diagnostik der Tuberkulose bei diesen Tierarten erlaubt.

In einer Langzeitstudie an Rindern wurde untersucht, ob die Tuberkulinisierung einen Einfluss auf den Ausgang nachfolgender Testungen mittels IGRA ausübt. Es konnte gezeigt werden, dass selbst wiederholte vorangegangene Tuberkulinisierungen nicht zu einer Erhöhung falsch positiver Resultate beim IGRA führen. Wichtig ist die sachgerechte Ausführung der intrakutanen Injektion, denn nach subkutaner Injektion der Tuberkuline wurde ein Anstieg falsch positiver Resultate des IGRA beobachtet. Ein weiterer Schwerpunkt der Forschung der vergangenen Jahre, ein Projekt zur Situation der Rindertuberkulose in Ost- und Südostafrika,



insbesondere im Hinblick auf die diagnostischen Möglichkeiten und die Übertragung der Tuberkulose auf Wildtiere, wurde abgeschlossen.

### Staatliche Maßnahmen

Die Zunahme der Tuberkulose-Ausbrüche im Laufe der vergangenen sechs Jahre hatten zu einer lebhaften Diskussion über die Effizienz der amtlichen Tuberkulose-Diagnostik und zur erneuten Überarbeitung der Tuberkulose-Verordnung im Jahr 2013 und dem Erlass neuer Durchführungshinweise im Jahr 2014 geführt. 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. Darüber hinaus wurde ein einmaliges bundesweites Monitoring (Juli 2013 - Ende April 2014) mittels Tuberkulin-Hauttest und Gamma-Interferon-Freisetzungstest festgeschrieben, um den Status der amtlichen Tuberkulosefreiheit (OTF) zu bestätigen.

Durch das Monitoring, das je Bundesland 3350 Rinder im Alter > 24 Monate umfasste, konnte der OTF-Status bestätigt werden.

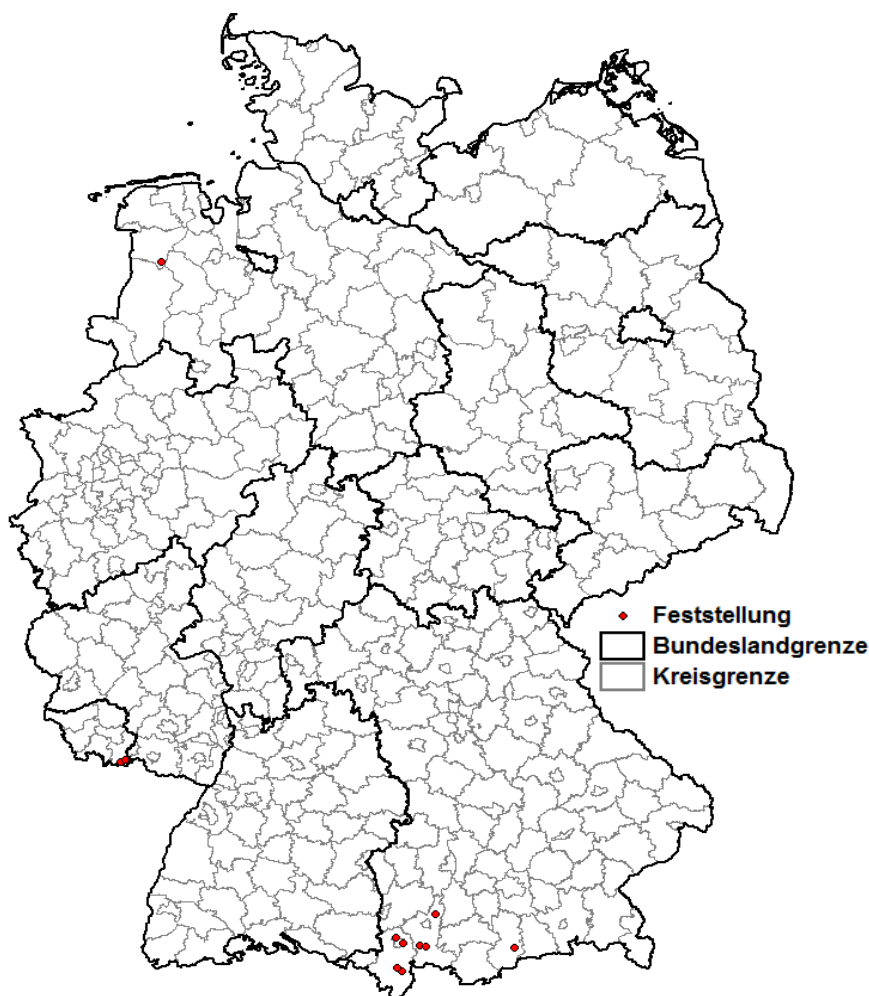


Abbildung 1: Räumliche Verteilung der Tuberkuloseausbrüche im Berichtszeitraum (n = 13) 01.01.2014 bis 31.12.2014

## 24. 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 spread in the last years and caused epizootics among wild and captive birds (mainly blackbirds) in Southwestern Germany. The phylogenetic analyses suggest that the epizootic USUV strain has most likely spread from Austria to Germany.

In the years 2011 and 2012 diseased wild birds were detected in nearly equal numbers followed by a strong decline within the same area in 2013 and 2014. Up to now the USUV infection events seem to be restricted to Southwestern Germany.

Although USUV is considered to harbour 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 aus der Japan-Enzephalitis-Virus-Serogruppe in der Familie der *Flaviviridae*. Nach dem Auftreten von USUV in einem Mückenpool in Weinheim im Sommer 2010 hat sich das Virus in den letzten Jahren besonders in Südwestdeutschland unter Wildvögeln, vorrangig Amseln, 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. Im Jahr 2013 und 2014 wird ein deutlicher Rückgang der Erkrankungszahlen bei gleichbleibendem Verbreitungsgebiet verzeichnet (Tab. 1).

Bisher scheint sich das USUV-Infektionsgeschehen auf Südwestdeutschland zu beschränken.

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*. Das 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.

### 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)

und das Virus kursiert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf.

Kürzlich konnte auch ein Viruseintrag in Belgien bzw. Tschechien bei Wildvögeln nachgewiesen werden (Garigliany et al., 2014; Hubálek et al., 2012). 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, vorrangig neurologisch, gefolgt von Todesfällen auf.

USUV wird nur ein marginales zoonotisches Potenzial zugeschrieben. In Deutschland wurden bisher keine USUV-Erkrankungen beim Menschen bekannt, auch nicht bei immunsupprimierten Patienten.

### 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 Säugtieren 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.

Im Rahmen eines alljährlichen Stechmücken-Screenings im Rheintal, hauptsächlich durch KABS und BNI durchgeführt, wurde USUV 2010 erstmals in Deutschland bei Stechmücken mittels qRT-PCR nachgewiesen wurde (Jöst et al. 2011).

Bereits ein Jahr später, 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 Neckar-

tales (Becker et al., 2012). Dieses Hauptverbreitungsgebiet wurde auch für die Jahre 2012 bis 2014 festgestellt (Ziegler et al., 2015).

Die Surveillance-Studien bei Wildvögeln sind bereits ausführlich in dem WNV-Kapitel beschrieben worden, 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 in den neuesten Studien derzeit einige vereinzelte Antikörperfunde in den einheimischen Standvögeln, aber eine Ausprägung einer Herdenimmunität, wie damals in Österreich verzeichnet, lässt sich derzeit in der einheimischen Standvogelpopulation nicht erkennen (Ziegler et al., 2015). Kürzlich wurde auch in 2 verendeten Fledermäusen (*Pipistrellus pipistrellus*) aus Südwestdeutschland das USUV nachgewiesen (Cadar et al., 2014).

### 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 (Vazquez et al., 2011).

Die seit dem Jahre 2011 aufgetretenen USUV-Infektionen unter Wildvögeln unterstreichen, dass sich in Deutschland neue Arboviren ausbreiten kön-

nen. Deshalb sind auch in Zukunft entsprechende Monitoring-Untersuchungen vom FLI und seinen Kooperationspartnern auf das Vorkommen dieser Arboviren unerlässlich.

### Literatur

- Becker, N., Jöst, H., Ziegler, U., Eiden, M., Höper, D., Emmerich, P., Fichet-Calvet, E., Ehichioya, D.U., Czajka, C., Gabriel, M., Hoffmann, B., Beer, M., Tenner-Racz, K., Racz, P., Günther, S., Wink, M., Bosch, S., Konrad, A., Pfeffer, M., Groschup, M.H., and J. Schmidt-Chanasit (2012). Epizootic emergence of Usutu virus in wild and captive birds in Germany. *PLoS One* 7(2):e32604.
- Cadar, D., Becker, N., de Mendonca Campos, R., Börstler, J., Jöst, H and J. Schmidt-Chanasit (2014).
- 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. (2012). 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.
- Vazquez, A., Jimenez-Clavero, M., Franco, L., Donoso-Mantke, O., Sambri, V., Niedrig, M. and H. Zeller (2011). Usutu virus - potential risk of human disease in Europe. *Euro Surveill.* 16:19935.
- 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.
- Ziegler, U., Jöst, H., Müller, K., Fischer, D., Rinder, M., Tietze, D.T., Danner K.-J., Becker, N., Skuballa, J., Haman, H.-P., Bosch, S., Fast, C., Eiden, M., Schmidt-Chanasit, J. and M.H. Groschup (2015). Epidemic spread of Usutu virus in southwest Germany in 2011 to 2013 and monitoring of wild birds for Usutu and West Nile viruses. *Vector Borne Zoonotic Dis.* accepted.

Tabelle 1: nachgewiesene USUV-Fälle bei Vögeln in Deutschland von 2011 bis 2014

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, <i>Inkaseschwalbe</i>	BW, RP, HE, NW
2013	25	Amsel, <i>Bartkauz</i> , <i>Sperbereule</i>	BW, RP, HE
2014	5	Amsel	BW, HE, NW
Gesamt	214	Amsel, Drossel, Waldohreule, Grünspecht, Star, Haussperling, Eisvogel, <i>Bartkauz</i> , <i>Kanarienvogel</i> , <i>Inkaseschwalbe</i> , <i>Sperbereule</i>	BW, RP, HE, NW

## 25. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämatopoetische 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 4,185 farms. In 2014, 19 new VHS and 16 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 RT-qPCR 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 Hämatopoetische 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) 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 produzierten 2014 5.947 Betriebe ca. 20.800 t Fisch im Süßwasser. Während ein Rückgang in der Produktion von Karpfen insbesondere in den Bundesländern Bayern und Sachsen beobachtet wurde, stieg die Produktion

von Regenbogen- und Lachsforellen auf insgesamt ca. 9.937 t (Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.6, 2014).

Führend in der Erzeugung von Salmoniden sind die Bundesländer Bayern mit ca. 3.786 t und Baden-Württemberg mit ca. 3.386 t (Abb.1).

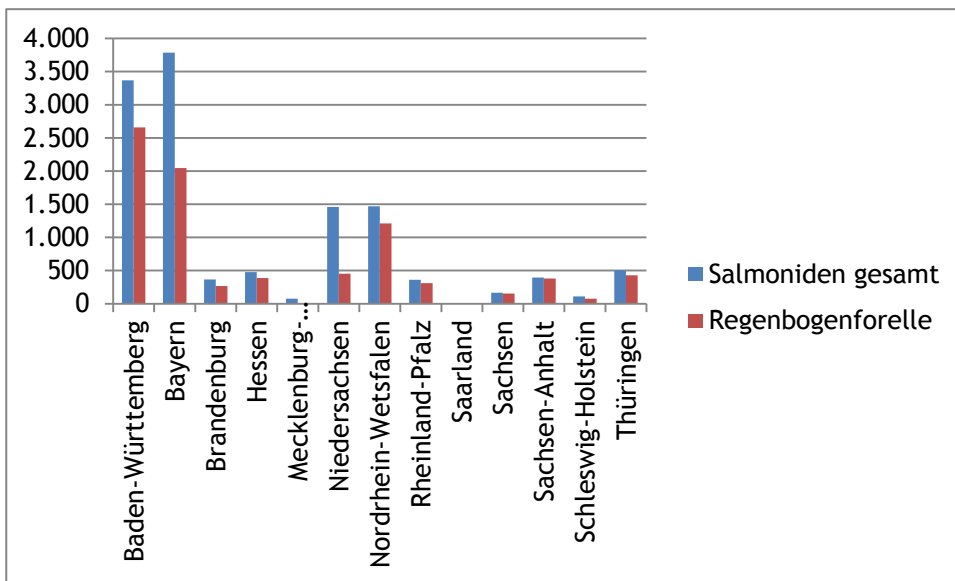


Abbildung 1: Erzeugte Menge in Tonnen (t) von Salmoniden (insgesamt) und Regenbogenforellen im Jahr 2014 in den Bundesländern ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.6, 2014)

Entsprechend den übermittelten Angaben zur EU Datenerfassung wurden im Jahr 2014 in Deutschland 5.485 Betriebe mit Salmoniden-Haltung gemeldet. Davon wurden in 4.185 Unternehmen Regenbogenforellen produziert (Tabelle 1). In 14 Anlagen wurden Lachse und in 1.286 Aquakulturbetrieben andere Salmoniden, meist Saiblinge, gehalten.

In Deutschland handelt es sich bei den Fischhaltungsbetrieben vorrangig um kleinere bis mittlere Betriebe, die meist im Nebenerwerb bewirtschaftet werden. Nur in 54 Anlagen wurden im Jahr 2014 mehr als 100 t Speisefische produziert. In 580 Betrieben lag der Produktionsumfang zwischen 5 und 100 t Fisch.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

Tabelle 1: Anzahl der Fischhaltungsbetriebe zur Produktion von Salmoniden im Jahr 2014 in den Bundesländern (EU-Datenerfassung 2014)

Bundesland	Fischhaltungsbetriebe zur Produktion von Salmoniden	davon Betriebe zur Produktion von Regenbogenforellen
Baden-Württemberg	267	148
Bayern	3.632	2.680
Brandenburg	27	16
Hessen	101	89
Mecklenburg-Vorpommern	68	46
Niedersachsen	529	423
Nordrhein-Westfalen	Keine Angabe	Keine Angabe
Rheinland-Pfalz	178	135
Saarland	164	164
Sachsen	289	279
Sachsen-Anhalt	45	31
Schleswig-Holstein	85	74
Thüringen	100	100
<b>Gesamt</b>	<b>5.485</b>	<b>4.185</b>

Virusbedingte Fischseuchen, wie die VHS und die IHN, verursachen große wirtschaftliche Schäden in der Aquakultur und sind deshalb in der EU-Richtlinie 2006/88/EG als melde- und bekämpfungspflichtige, nicht exotische Krankheiten gelistet.

### Angaben zur Epizootiologie

Im Berichtszeitraum wurden insgesamt 19 VHS und 16 IHN Neuausbrüche im TierSeuchenNachrichten-System (TSN) registriert (Tabelle 2).

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

Tabelle 2: VHS- und IHN-Neuausbrüche im Jahr 2014 in Deutschland (Quelle: TSN)

Bundesland	VHS	IHN
Baden-Württemberg	6	10
Bayern	3	2
Brandenburg	2	1
Hessen	2	0
Niedersachsen	0	2
Nordrhein-Westfalen	1	1
Rheinland-Pfalz	1	0
Sachsen	3	0
Sachsen-Anhalt	1	0
<b>Gesamt</b>	<b>19</b>	<b>16</b>



Im Vergleich zu den Vorjahren 2012 und 2013 ist ein Anstieg der VHS und IHN Ausbruchsgeschehen in Deutschland zu verzeichnen (Tabelle 3).

Tabelle 3: Anzahl der VHS- und IHN-Ausbrüche in Deutschland von 1992 bis 2014 (Quelle: TSN und Erfassung FLI)

Jahr	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
VHS	<sup>1)</sup>	<sup>1)</sup>	57 <sup>2)</sup>	48	58	44	48	71	28	38	59	45	22	36	35	28	32	36	24	22	12	12	19
IHN	2	6	4	13	13	11	6	9	6	11	13	11	7	12	12	6	6	5	5	9	6	5	16
Gesamt	<sup>1)</sup>	<sup>1)</sup>	61	61	71	55	54	80	34	49	62	56	29	48	47	34	38	41	29	31	18	17	35

<sup>1)</sup> keine Angaben

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

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 (Quelle: EU Datenerfassung). 2014 waren 197 VHS-freie bzw. 189 IHN-freie Fischhaltungsbetriebe mit empfänglichen Arten gemäß Teil 2 Anhang IV der EU-Richtlinie 2006/88/EG in der Kategorie I registriert. Zwei Betriebe wurden im Rahmen eines genehmigten Überwachungsprogramms zur Erreichung der VHS- und IHN-Freiheit untersucht (Kategorie II). 2014 wurden in Deutschland 8.356 Fischhaltungsbetriebe unter Berücksichtigung der VHS-Situation und 8.252 Betriebe bezüglich der IHN der Kategorie III zugeordnet. Programme zur Tilgung der IHN bzw. VHS (Kategorie IV) wurden 2014 nicht realisiert. In 12 Betrieben (Kategorie V) sind VHSV Infektionen bekannt. Festgelegte Mindestmaßnahmen zur Bekämpfung der IHN wurden in 13 Betrieben durchgeführt (Kategorie V).

Tabelle 4: Anzahl der Teichwirtschaften je Kategorie in Deutschland in den Jahren 2013 und 2014

Kategorie	VHS		IHN	
	2013	2014	2013	2014
I	149	197	145	189
II	13	2	12	2
III	8.465	8.356	4.982	8.252
IV	0	0	0	0
V	5	12	11	13

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 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 erfolgt gegebenenfalls zusätzlich eine verbindliche Probenentnahme bei Fischen einschließlich der Untersuchung dieser Proben auf spezifische Krankheitserreger nach vorgegebenen Methoden.

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 einem von dieser beauftragten qualifizierten Dienst überwacht.

In Deutschland ist eine gezielte Überwachung für Bestände der Kategorie I, d.h., für Betriebe mit dem Schutzgebietsstatus für IHN und/ oder VHSV 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 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. Verfahren zur Diagnose dieser beiden Fischseuchen und weiterer, gegebenenfalls differentialdiagnostisch 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 Entwurf zum diagnostischen Handbuchs "Draft COMMISSION DECISION of Diagnostic Manual for certain aquatic animal diseases (SANCO/6084/2009)" wurde von den Mitgliedsstaaten überarbeitet und tritt voraussichtlich im Frühjahr 2016 in Kraft. Alternativ zur Zellkultur ist dann der Genom-Nachweis mit molekularbiologischen Methoden (RT-qPCR und RT-PCR) zum Nachweis von VHS und IHN Erregern zulässig. Ausbrüche in zuvor freien Gebieten müssen durch ein weiteres diagnostisches Nachweisverfahren bestätigt werden.

Bei erhöhten Fischverlusten, die nicht eindeutig auf Haltungsbedingungen oder Transportbedingungen zurückzuführen sind, besteht die Pflicht des Betreibers des Aquakulturbetriebes bzw. der entsprechend 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 2014 wurden in den Diagnostik-Laboratorien aller Bundesländer einschließlich dem NRL des FLI insgesamt 2.984 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 das Vorhandensein viraler Erreger überprüft. In 121 Proben wurde VHSV und in 90 Proben IHNV nach-

gewiesen und somit ein entsprechender Neuausbruch oder eine bestehende Verseuchung bestätigt. Nach Erregerisolierung in Fisch-Zellkulturen hat der Nachweis von VHSV und IHNV mit folgenden Methoden zu erfolgen (Stand 2014):

- 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 wird mit der neuen Gesetzgebung als weitere Methode zum Nachweis von VHSV und IHNV in der EU zugelassen. 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 RT-PCR und die RT-qPCR zum Nachweis von IHNV- und VHSV-Genom etabliert. In 103 Proben wurde VHSV und in 66 IHNV mittels RT-(q)PCR nachgewiesen.

### Durchführung des nationalen Ringtest

Auf Grundlage des Tierseuchengesetzes §27 führten die nationalen Referenzlabore (NRL) für anzeigepflichtige Fischseuchen einen Ringversuch zur Diagnostik der viralen Erreger der IHN (IHNV), VHS (VHSV), ISA (ISAV) und der KHV-I (KHV) durch. Die Erreger der anzeigepflichtigen Erkrankungen der IHN und VHS wurden von allen 16 teilnehmenden Laboren korrekt nachgewiesen. Die Diagnostik erfolgte entsprechend den gesetzlichen Vorgaben und Empfehlungen (Aquakultur-Richtlinie

2006/88/EG, Amtliche Methodensammlung des FLI), d.h., die Erreger der VHS und IHN wurden in der Zellkultur isoliert und anschließend in der Immunfluoreszenz oder im ELISA identifiziert. Zusätzlich erfolgte in 14 Laboren der Genomnachweis in der RT-PCR mit anschließender nested-PCR und/oder der RT-qPCR. In zwei Landeslaboren kam auch die Elektronenmikroskopie zur Diagnostik dieser Erreger zum Einsatz. Die Ergebnisse des Ringtest bestätigen die Fachkompetenz der amtlich zugelassenen Labore.

### 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. Für diese Analysen wird die Sequenz des vollständigen Glykoprotein-Gens der Erreger identifiziert und mit vorhandenen Daten aus der nationalen und internationalen Datenbank verglichen.

Im Jahr 2014 wurden insgesamt 63 VHSV-Isolate und 44 IHNV-Isolate genetisch charakterisiert. Erstmals wurden Isolate aller im TSN registrierten VHS und IHN Geschehen genetisch charakterisiert (Tabelle 2, Abbildungen 2 und 3).

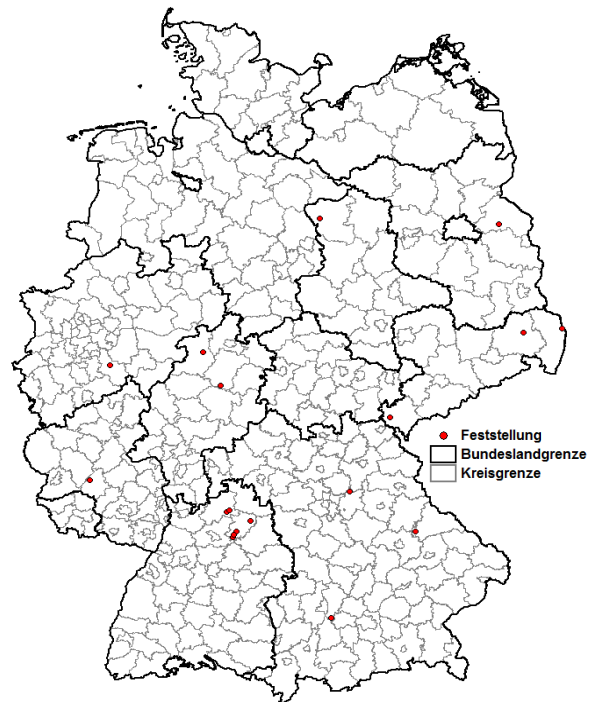


Abb. 2: Im Jahr 2014 gemeldete VHS-Ausbrüche (Quelle: TSN)

Zusätzlich wurden auch Erreger von Nachfolgeuntersuchungen im Rahmen der Sanierung oder nach Neubesatz untersucht.

Alle untersuchten aktuellen VHS Isolate sind dem Subgenotyp Ia zuzuordnen. Die Ergebnisse der Untersuchungen bestätigen einerseits eine enge genetische Verwandtschaft aktueller VHS Erreger innerhalb Deutschlands. Andererseits wurden 2014 erneut Viren isoliert, deren Herkunft nicht eindeutig geklärt werden konnte.

- Genetische Verwandtschaft von VHSV Isolaten innerhalb Deutschlands

Ausbrüche in Sachsen, Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Nordrhein-Westfalen und Hessen wurden von Viren verursacht, die im analysierten G-Gen identisch sind bzw. maximal 5 Nukleotid-Austausche zu einem Isolat aus Niedersachsen des Jahres 2012 aufweisen. Ein bestehender Verdacht eines epidemiologischen Zusammenhanges zwischen einem VHS Fall in Sachsen und dem Zukauf von Fischen aus einem Betrieb in Bayern wurde

durch die genetische Charakterisierung unterstützt. Das aktuelle VHS Isolat unterscheidet sich lediglich in zwei Nukleotiden von einem Erreger, der 2013 in dem Bayerischen Betrieb die VHS verursachte.

Ein Anfang Dezember 2014 festgestellter Seuchenausbruch im Hohenlohekreis in Baden-Württemberg (TSN 14-801-00019) wurde von einem Erreger verursacht, der sich im G-Gen nur um 2 bzw. 3 Nukleotide von VHS Viren unterscheidet, die 2011 und 2012 in Rheinland-Pfalz bzw. 2009 in Thüringen isoliert wurden.

- VHSV Isolate unbekannter Herkunft

Anfang Juni 2014 verursachte die VHS Verluste in Osterburken (Baden-Württemberg, TSN 14-801-00008). Drei Wochen später wurde im selben Landkreis erneut ein VHS Ausbruch registriert (TSN 14-801-00013). Die Erreger beider Geschehen sind mit einer Homologie von 98,8 % genetisch verschieden. Isolate des ersten VHS Falles sind im analysierten Bereich 99,2-99,1 % homolog mit VHS Erregern, die in Sachsen-Anhalt im Jahr 2012, in Italien 2011 und in der Schweiz 2010 isoliert wurden. Ende Oktober trat die VHS in Bayern auf (TSN 14-801-00016). Der isolierte Erreger unterscheidet sich in 5 Nukleotiden vom VHSV des ersten Seuchenausbruchs in Baden-Württemberg (TSN 14-801-00008).

VHSV Isolate des zweiten Ausbruchs in Baden-Württemberg (TSN 14-801-00013) weisen eine genetische Verwandtschaft von 99,5-99,7 % zu Erregern auf, die zwischen 2011 und 2013 in Sachsen-Anhalt, Baden-Württemberg, Bayern, Mecklenburg-Vorpommern, der Schweiz, und Italien im Zusammenhang mit VHS Fällen isoliert wurden.

Auf Grund der relativ geringen genetischen Identität der Isolate untereinander sind mindestens zwei Einträge aus dem Ausland nicht auszuschließen.

Im TSN wurden zwei weitere VHS Ausbrüche im Hohenlohekreis (Baden-Württemberg) registriert. Im Rahmen einer Nachuntersuchung zu einem IHN Geschehen (TSN 14-027-00015) wurde neben IHN

auch VHSV Genom identifiziert. Zeitgleich mit der VHS Verdachtsmeldung (TSN 14-801-00018) wurde in einem anderen Betrieb im selben Landkreis ein weiterer VHS Ausbruch durch Virusisolierung bestätigt (TS 14-801-00017). Der genetische Vergleich der identifizierten VHSV Genomabschnitte der Erreger beider Ausbrüche ergab eine relativ hohe Abweichung untereinander und zu allen bislang bekannten Erregern. Somit bleibt auch in diesen beiden Fällen die Herkunft der Erreger ungeklärt.

Zur Unterstützung epidemiologischer Nachforschungen wurden die Isolate aller IHN Neuausbrüche molekularbiologisch analysiert (Abb. 3). Alle in Deutschland charakterisierten IHN Isolate sind dem Genotyp Europa zuzuordnen. Die Ergebnisse der genetischen Charakterisierung der IHN Isolate aus Deutschland lassen sich wie folgt zusammenfassen:

- Genetische Verwandtschaft von IHN Isolaten innerhalb eines Bundeslandes

2014 wurden im Bundesland Baden-Württemberg 10 IHN Ausbrüche registriert. Zwei von drei Ausbrüchen im Ortenaukreis (TSN14-027-00005 und TSN 14-027-00012) wurden von genetisch identischen Erregern verursacht. Genetisch sehr nah verwandte Viren wurden bereits in den Jahren 2005, 2006, 2007 und 2010 in Baden-Württemberg sowie 2013 (TS:13-027-00006, Ortenaukreis) und im Rahmen von Ausbruchsgeschehen isoliert.

- Genetische Verwandtschaft von IHN Isolaten unbekannter Herkunft innerhalb Deutschlands

Im Mai des Jahres 2013 verursachte die IHN Verluste in der Aquakultur in den Bundesländern Sachsen-Anhalt und Sachsen. Zwei Monate später wurde der Erreger auch in Baden-Württemberg isoliert (TSN 13-027-00005). Die Betriebe dieser Bundesländer hatten alle Kontakt zu einem Unternehmen in Nie-



dersachsen. Im Jahr 2014 wurden genetisch identische Erreger in den Bundesländern Nordrhein-Westfalen (TSN 14-027-00006) und im niedersächsischen Unternehmen (Kontaktbetrieb) (TSN 14-027-00008 und -00009) isoliert. Die Ergebnisse der genetischen Charakterisierung dieser Isolate unterstützen den anfänglichen Verdacht eines epidemiologischen Zusammenhanges zwischen diesen IHN Geschehen. Der gleiche Erreger verursachte 2014 drei weitere Ausbrüche in Baden-Württemberg. Betroffen waren die Landkreise Ortenaukreis (TSN 14-027-00002), Zollernalbkreis (TSN 14-027-00001) sowie Rhein-Neckar-Kreis (TSN 14-027-00014). Der Erreger wurde 2013 erstmals in Deutschland isoliert und verursacht immer wieder Verluste in den Aquakulturbetrieben. Die Herkunft ist leider noch ungeklärt

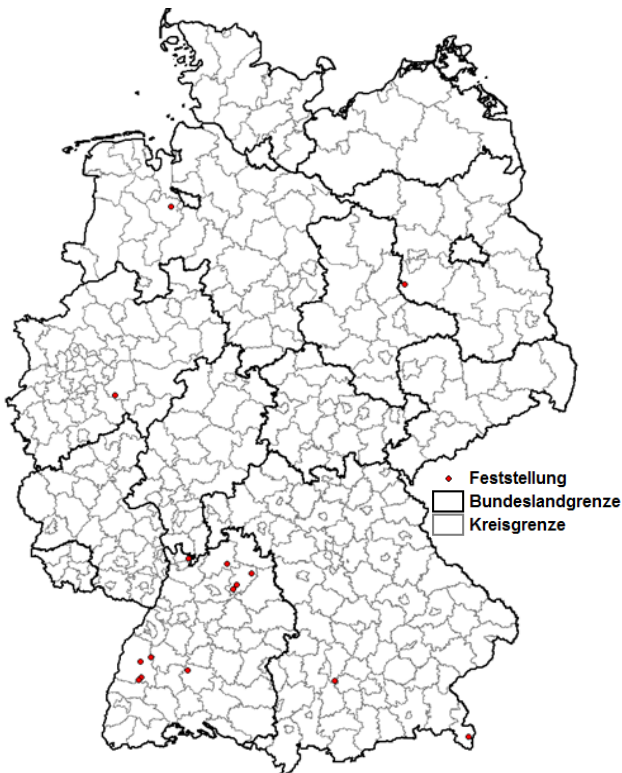


Abb. 3: Im Jahr 2014 gemeldete IHN-Ausbrüche (Quelle:TSN)

- IHNV Isolate unbekannter Herkunft

Im Jahr 2014 wurden vermehrt Erreger isoliert, die eine relativ geringe Verwandtschaft zu Isolatenaufweisen, die in der FLI Datenbank erfasst sind.

Im Bundesland Brandenburg stand ein kleiner Bestand unter IHN Verdacht. Die betroffenen Regenbogenforellen zeigten klinische Symptome und es wurden Mortalitäten verzeichnet. Der Erreger ließ sich nicht in der Zellkultur isolieren. Die Viruslast in dem Organmaterial war jedoch so hoch, dass das vollständige G-Gen identifiziert werden konnte. Der Erreger unterscheidet sich im analysierten Bereich in 17 Nukleotiden von IHNV Isolatenaus den Niederlanden der Jahre 2009 und 2011. Ein Eintrag aus dem marinen Bereich ist nicht auszuschließen. Dieser Fall war von besonderer seuchenrechtlicher Relevanz. Gemäß der zu diesem Zeitpunkt gültigen EU- und nationalen Gesetzgebung (RL2006/88/EG, Entscheidung 2001/183/EG) war der Verdacht der anzeigepflichtigen Erkrankung IHN durch die Virusisolierung zu bestätigen. Der Genomnachweis einschließlich der Sequenz-Identifizierung war als diagnostisches Nachweisverfahren noch nicht zugelassen. Dieses Beispiel verdeutlichte den Bedarf gesetzlicher Regelungen bei der Zulassung diagnostischer Methoden, um eine Verbreitung anzeigepflichtiger Tierseuchen zu verhindern.

Im Februar/März 2014 wurde im Landkreis Gräben (Postdam-Mittelmark) ein IHNV Neu-Ausbruch registriert. Dieses Isolat unterscheidet sich in 18 Nukleotiden von einem IHNV aus der Schweiz des Jahres 2010, d.h., die genetische Verwandtschaft ist relativ gering. Anzeigepflichtige Fischseuchen werden in der Schweiz sehr restriktiv bekämpft, so dass ein Neueintrag aus einem anderen Staat zu vermuten ist. Nach Sanierung des Potsdamer Betriebes erfolgte im April ein Neubesatz mit Regenbogenforellen. Kurz darauf trat erneut die IHN in diesem Betrieb auf. Die Ergebnisse der genetischen Charakterisierung bestätigen, dass die Sanierung nicht erfolgreich durchgeführt wurde.

Fraglich ist auch die Herkunft eines IHNV Isolates, das in Baden-Württemberg mehrere Ausbrüche im Hohenlohekreis verursachte TSN 14-027-00015, -00016 und -00017.

- Genetische Charakterisierung von IHNV Isolaten innerhalb eines Ausbruchs bzw. unterschiedlichen Geschehen mit epidemiologischem Zusammenhang

Das FLI untersuchte in 9 Fällen Isolate innerhalb eines Ausbruchgeschehens. Die Daten zeigen, dass sich die Sequenz des G-Gens dieser Erreger kaum verändert hat. Die Erreger waren innerhalb des analysierten Bereiches identisch oder unterschieden sich in maximal einem Nukleotid. Ausbruchsgeschehen, die in epidemiologischem Zusammenhang stehen, wurden ebenfalls von genetisch identischen Erregern verursacht.

Die Ergebnisse zur genetischen Charakterisierung der IHNV und VHSV Isolate verdeutlichen die vermehrte Einfuhr der anzeigepflichtigen Erkrankungen IHN und VHS aus dem Ausland. Ausbruchsgeschehen in der Europäischen Gemeinschaft bzw. weltweit werden im **Animal Disease Notification System (ADNS, „Tierseuchenmeldesystem“)** der EU und vom OIE erfasst. Im Jahr 2014 wurden insgesamt 32 IHN und 34 VHS Ausbrüche von den Mitgliedsstaaten der EU gemeldet (Tabelle 5).

Die Anzahl der im ADNS und TSN erfassten VHS Ausbrüche in Deutschland ist unterschiedlich und deutet auf eine unvollständige Erfassung der in Deutschland aufgetretenen VHS Ausbrüche für das Jahr 2014 im ADNS.

Ursache für die Diskrepanz ist möglicherweise auch die teilweise Erfassung von Sekundärausbrüchen bzw. von Einzelmeldung betroffener Anlagen innerhalb eines Landkreises aber auch die Erfassung von Verdachtsmeldungen im TSN. Inzwischen sind fast alle IHN und VHS Erreger, die in den letzten Jahren in Deutschland isoliert wurden genetisch charakterisiert. Das Interesse an diesen Untersuchungen ist bei den Mitarbeitern der Fischgesund-

heitsdienste und den Behörden der Bundesländer in den letzten Jahren deutlich gestiegen. Zur Aufklärung von Verbreitungswegen innerhalb Europas ist jedoch auch eine umfassende und vor allem zeitnahe Analyse von IHN und VHS Erreger aktueller Ausbrüche in den EU Mitgliedsstaaten erforderlich. Auf Grund der zentralen geographischen Lage Deutschlands sind Sequenzinformationen von Isolaten aus Österreich, Frankreich, Tschechien und Polen von besonderem Interesse.

Tabelle 5: 2014 gemeldete VHS und IHN Ausbrüche in der EU (Quelle: ADNS)

Land	VHS	IHN
Österreich	3	1
Kroatien	2	4
Tschechische Republik	13	4
Frankreich	1	0
Deutschland	3	16
Italien	1	2
Polen	10	3
Slowenien	0	1
Schweiz	1	1
<b>Gesamt</b>	<b>34</b>	<b>32</b>

### 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.



## 26. 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. Fehlwirte („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 anzeigepflichtige Tierseuche in Deutschland. Bisher gilt Deutschland offiziell als WNV-frei. In umfassenden nationalen Überwachungsprogrammen in Deutschland wurden in den letzten Jahren WNV-Erkrankungsfälle weder in Pferden noch in Vögeln (Wildvögel bzw. Wirtschaftsgeflügel) 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 (Abb. 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 Krankheits-symptome, 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 vielen Jahren am FLI durchgeführten virologischen (qRT-PCR, PanFlavi-PCR, Eiden et al., 2010) und serologischen Untersuchungen von Wildvögeln auf das Vorkommen von WNV und anderen Arboviren wurden in den letzten Jahren auch verstärkt auf die süd- und südwestlichen Bundesländer ausgedehnt. Es konnten von 2009 bis Anfang 2011 über 350 Blutproben von Wildvögeln untersucht werden und seit Mitte 2011 bisher über 1.100 Wildvogelproben. Zur Abklärung von serologischen Kreuzreaktionen wurden hierbei Reagenten auch auf Usutu-Virus-spezifische Antikörper untersucht (Ziegler et al., 2012, 2015).

Die wenigen nachgewiesenen WNV-Antikörper bei den Wildvögeln stammen ausnahmslos von Zugvögeln (überwiegend Mittel- bis Langstreckenzieher) mit mutmaßlichem Kontakt zum Virus im Überwinterungsgebiet.

Weiterhin wurden von 2010 bis 2012 über 5.000 Pferdeseren im Rahmen der EIA-Surveillance serologisch auch auf das Vorkommen von WNV-Antikörpern untersucht (Tab. 1). 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. Hierbei hat sich besonders gezeigt, dass das Vorkommen von FSME-Virus-Antikörpern bei Pferden falsch positive WNV-ELISA Ergebnisse verursachen kann und zeitgleich damit eine Detektion von FSME-Naturherden ermöglicht wird (Ziegler et al. 2013; Klaus et al., 2014).

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.

Gleichzeitig werden seit 2009 (Kooperation von BNI, KABS, FLI, ZALF) in Deutschland vorkommende Stechmücken umfangreich auf zoonotische Arboviren mittels verschiedener qRT-PCR-Verfahren untersucht. Diese Untersuchungen werden besonders seit 2014 deutschlandweit verstärkt. Mit Hilfe eines über Deutschland gelegten Rasters und Fallenmusters soll das geografische und saisonale Auftreten sowohl einheimischer als auch eingeschleppter invasiver Stechmücken-Arten in möglichst vielen Landschaftsstrukturelementen in allen Bundesländern Deutschlands über drei komplette Vegetationsperioden (April bis Oktober) analysiert werden.

### Ausblick

In allen durchgeführten WNV-Studien bei Vögeln und Pferden ergab sich kein Hinweis auf eine derzeit vorkommende WNV-Infektion in Deutschland. Die Untersuchung der Stechmücken seit 2009 ergab bisher auch keinen Hinweis auf das Vorkommen von WNV.

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 (siehe auch Abschnitt Usutu-Virus-Infektion).

Das WNV hat sich in den letzten Jahren besonders stark nach Süd- und Südosteuropa ausgedehnt. Besonders aufmerksam wurde der autochthone WNV-

Fall einer Blutspenderin im August 2014 in Wien beobachtet (Jungbauer et al., 2015).

Basierend auf dem Anstieg des globalen Handels, der Zunahme von Klimaveränderungen und der Präsenz der geeigneten Vektoren (Becker et al., 2014) ist davon auszugehen, dass auch in Zukunft neue Erreger nach Deutschland drängen werden.

Um sowohl die Eintragspforten 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. Erste Ansätze in diese Richtung stehen kurz vor der Realisierung.

### Rechtsvorschriften

Bisher gibt es keine WNV-Verordnung für Deutschland.

### Literatur

- Becker, N., Krüger, A., Kuhn, C., Plenge-Bönig, A., Thomas, S.M., Schmidt-Chanasit, J. and E. Tannich (2014). Mosquitoes as vectors for exotic pathogens in Germany. *Bundesgesundheitsblatt Gesundheitsforschung Gesundheitsschutz* 2014, 57:531-540. German
- 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.
- Jungbauer, C., Hourfar, M.K., Stiasny, K., Aberle, S.W., Cadar, D., Schmidt-Chanasit, J. and W.R. Mayr (2015). West Nile virus lineage 2 infection in a blood donor from Vienna, Austria, August 2014. *J. Clin. Virol.* 2015, 64:16-19.

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

- 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.
- 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 2012, 59:95-101.
- Ziegler U, Angenvoort 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., Jöst, H., Müller, K., Fischer, D., Rinder, M., Tietze, D.T., Danner K.-J., Becker, N., Skuballa, J., Haman, H.-P., Bosch, S., Fast, C., Eiden, M., Schmidt-Chanasit, J. and M.H.

Groschup (2015). Epidemic spread of Usutu virus in southwest Germany in 2011 to 2013 and monitoring of wild birds for Usutu and West Nile viruses. Vector Borne Zoonotic Dis. 2015 accepted.

Tabelle 1: Zugelassene ELISAs für die Serologie

Methode	Untersuchungs-material
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

## Anlagen

### Anlage 1: Anschriften der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner (Stand: Dezember 2015)

#### Nationale Referenzlaboratorien für anzeigepflichtige Tierseuchen:

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Affenpocken	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
Afrikanische Pferdepest	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
Afrikanische Schweinepest	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiterin:</b> 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 <b>Leiter:</b> 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 <b>Leiterin:</b> Frau Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<b>Ansteckende Blutarmut der Lachse</b> (Infektiöse Anämie der Lachse)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de
<b>Aujeszkysche Krankheit</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.bund.de
<b>Befall mit Kleinem Bienenbeutenkäfer</b> ( <i>Aethina tumida</i> )	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.bund.de
<b>Befall mit Tropilaelaps-Milbe</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.bund.de
<b>Beschälseuche der Pferde</b>	Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiterin:</b> Dr. I. Moser Email: irmgard.moser@fli.bund.de
<b>Blauzungkrankheit</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

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<b>Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion</b> (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Prof. Dr. M. Beer E-Mail: martin.beer@fli.bund.de
<b>Bovine Virus Diarrhoe</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Prof. Dr. M. Beer E-Mail: martin.beer@fli.bund.de
<b>Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.bund.de
<b>Ebola Virus Infektionen</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.bund.de
<b>Enzootische Leukose der Rinder</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dipl.-Vet.-Med. G. Kotterba E-Mail: guenter.kotterba@fli.bund.de
<b>Epizootische Hämatopoetische Nekrose</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Epizootische Haemorrhagie der Hirsche	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
Geflügelpest (aviäre Influenza)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems <b>Leiter:</b> Prof. Dr. T. Harder E-Mail: timm.harder@fli.bund.de
Infektiöse Epididymitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.bund.de
Infektiöse Hämatopoetische Nekrose der Salmoniden	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiterin:</b> Dr. H. Schütze E-Mail: heike.schuetze@fli.bund.de
Infektion mit West-Nile-Virus bei einem Vogel oder Pferd	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiterin:</b> Dr. U. Ziegler E-Mail: ute.ziegler@fli.bund.de
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. habil. S. Bergmann E-Mail: sven.bergmann@fli.bund.de



Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Lumpy-skin-Krankheit (Dermatitis nodularis)	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
Lungenseuche der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. M. Heller E-Mail: martin.heller@fli.bund.de
Maul- und Klauenseuche	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
Milzbrand	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
<b>Muschelkrankheiten</b> 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 <b>Leiter:</b> 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 <b>Leiter:</b> PD Dr. C. Grund E-Mail: christian.grund@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<p><b>Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel</b></p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut                      Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit                      Südufer 10                      17493 Greifswald-Insel Riems  <b>Leiter:</b> Prof. Dr. T. Harder, PhD                      E-Mail: timm.harder@fli.bund.de</p>
<p><b>Pest der kleinen Wiederkäuer</b></p>	<p>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</p>
<p><b>Pferdeenzephalomyelitis (alle Formen)</b></p>	<p>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</p>
<p><b>Pockenseuche der Schafe und Ziegen</b></p>	<p>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</p>
<p><b>Rauschbrand</b></p>	<p>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</p>
<p><b>Rifttal-Fieber</b></p>	<p>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</p>

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<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
<b>Salmonellose der Rinder</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> PD Dr. U. Methner E-Mail: ulrich.methner@fli.bund.de
<b>Schweinepest</b> (Klassische Schweinepest)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiterin:</b> Dr. S. Blome E-Mail: sandra.blome@fli.bund.de
<b><i>Stomatitis vesicularis</i></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>Taura-Syndrom</b> (exotisch)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<b>Tollwut</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.bund.de
<b>Transmissible Spongiforme Enzephalopathien</b> (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> PD Dr. A. Balkema-Buschmann E-Mail: anne.buschmann@fli.bund.de
<b>Trichomonadenseuche der Rinder</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. K. Henning E-Mail: klaus.henning@fli.bund.de
<b>Tuberkulose der Rinder</b> ( <i>Mykobakterium bovis</i> , <i>M. caprae</i> )	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiterin:</b> PD Dr. I. Moser E-Mail: irmgard.moser@fli.bund.de
<b>Vesikuläre Schweinekrankheit</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>Vibrionenseuche der Rinder</b> (bovine genitale Campylobacteriose)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. H. Hotzel E-Mail: helmut.hotzel@fli.bund.de

<b>Tierseuche</b>	<b>Nationales Referenzlabor</b>
<b>Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiterin:</b> Dr. H. Schütze E-Mail: heike.schuetze@fli.bund.de
<b>Weißpünktchenkrankheit der Krebstiere</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de
<b>Yellowhead Disease (exotisch)</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de

**Nationale Referenzlaboratorien für meldepflichtige Tierkrankheiten:**

<b>Tierkrankheit</b>	<b>Nationales Referenzlabor</b>
<b>Ansteckende Equine Metritis (Contagiöse Equine Metritis)</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.bund.de
<b>Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. H. Hotzel E-Mail: helmut.hotzel@fli.bund.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Chlamydiose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. C. Schnee E-Mail: christiane.schnee@fli.bund.de
Echinokokkose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Prof. Dr. F. J. Conraths E-Mail: franz.conraths@fli.bund.de
Equine Virus-Arteritis-Infektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald -Insel Riems <b>Leiterin:</b> 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 <b>Leiter:</b> Dr. W. Fuchs E-Mail: walter.fuchs@fli.bund.de
Maedi/Visna	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> 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 <b>Leiter:</b> Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.bund.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Paratuberkulose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiterin:</b> Dr. H. Köhler E-Mail: heike.koehler@fli.bund.de
Q-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> Dr. K. Henning E-Mail: klaus.henning@fli.bund.de
Toxoplasmose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. G. Schares E-Mail: gereon.schares@fli.bund.de
Tularämie	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiter:</b> 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 <b>Leiter:</b> 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
------------	--------------------------

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
<b>Bunyvirale Erkrankungen</b> (inklusive Hanta-Virus Infektion)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> PD Dr. R. Ulrich E-Mail: rainer.ulrich@fli.bund.de
<b>Caprine Arthritis und Enzephalitis</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dipl.-Vet.-Med. G. Kotterba E-Mail: guenter.kotterba@fli.bund.de
<b>Japanische Enzephalitis</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.bund.de
<b>Krebstierkrankheiten (Crustaceen):</b> Baculovirose, Infektiöse hypodermale und hämatopoetische Nekrose, Krebspest, Spawner-isolated mortality virus disease, Infektion mit Ranavirus	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.bund.de Telefon: 038351-71105 Telefax: 038351-71226
<b>Krim-Kongo-Fieber</b>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.bund.de
<b>Muschelkrankheiten (Bilvalvia):</b> <i>Perkinsus olseni</i> , <i>Xenohalitus californiensis</i> , Abalone Virussterblichkeit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiter:</b> Dr. habil. S. Bergmann E-Mail: sven.bergmann@fli.bund.de



Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Nipah-/Hendra-Virusinfektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems <b>Leiterin:</b> PD Dr. A. Balkema-Buschmann E-Mail: anne.buschmann@fli.bund.de
durch Zecken-übertragene Krankheiten (ZÜK)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena <b>Leiterin:</b> Dr. C. Klaus E-Mail: christine.klaus@fli.bund.de

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

(Quelle: TSN, Stand: 16. Dezember 2015)

<b>01-SH - Schleswig-Holstein</b> Ministerium für Energiewende, Landwirtschaft, Umwelt und ländliche Räume des Landes Schleswig-Holstein, Abt. 3 - Verbraucherschutz, Veterinärwesen	<i>Postanschrift:</i> Postfach 7151 24171 Kiel  <i>Tel.:</i> 0431/9 88-49 98 <i>Fax:</i> 0431/9 88-52 46 <i>E-Mail:</i> veterinaerwesen@melur.landsh.de;	<i>Dienstgebäude:</i> Mercatorstraße 3 24106 Kiel
<b>02-HH - Hansestadt Hamburg</b> Freie und Hansestadt Hamburg Behörde für Gesundheit und Verbraucherschutz (BGV), Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen	<i>Postanschrift:</i> Billstraße 80 20539 Hamburg  <i>Tel.:</i> 040/4 28 37-20 68 <i>Fax:</i> 040/4 28 37-36 00 <i>E-Mail:</i> veterinaerwesen@bgv.hamburg.de	<i>Dienstgebäude:</i> Billstraße 80 a 20539 Hamburg
<b>03-NI - Niedersachsen</b> Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz	<i>Postanschrift:</i> Postfach 243 30002 Hannover  <i>Tel.:</i> 0511/1 20-0 <i>Fax:</i> 0511/1 20-23 78 <i>E-Mail:</i> poststelle@ml.niedersachsen.de	<i>Dienstgebäude:</i> Calenberger Str. 2 30169 Hannover

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

### 04-HB - Hansestadt Bremen

Senatorin für Wissenschaft, Gesundheit und Verbraucherschutz

Referat Lebensmittelsicherheit,  
Veterinärwesen und Pflanzenschutz

*Anschrift:*

Bahnhofplatz 29  
28195 Bremen

Tel.: 0421/3 61-60 65

Fax: 0421/3 61-48 08

E-Mail: [verbraucherschutz@gesundheit.bremen.de](mailto:verbraucherschutz@gesundheit.bremen.de)

---

### 05-NW - Nordrhein-Westfalen

Ministerium für Klimaschutz, Umwelt,  
Landwirtschaft, Natur- und Verbraucherschutz  
des Landes Nordrhein-Westfalen,  
Lebensmittelüberwachung und  
Veterinärwesen

*Postanschrift:*

40190 Düsseldorf

*Dienstgebäude:*

Schwannstr. 3  
40476 Düsseldorf

Tel.: 0211/4 56-60, 0211/4 56-63 55

Fax: 0211/4 56-64 32

E-Mail: [verbraucherschutz-nrw@mkulnv.nrw.de](mailto:verbraucherschutz-nrw@mkulnv.nrw.de)

---

### 06-HE - Hessen

Hessisches Ministerium für Umwelt, Klimaschutz,  
Landwirtschaft und Verbraucherschutz  
Abteilung für Verbraucherschutz, Lebens-  
mittelüberwachung, Tierschutz und  
Veterinärwesen

*Anschrift:*

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@umwelt.hessen.de](mailto:vetabt@umwelt.hessen.de)

---

### 07-RP - Rheinland-Pfalz

Ministerium für Umwelt, Landwirtschaft,  
Ernährung, Weinbau und Forsten,  
Abt. 104 - Veterinärwesen, Lebensmittelüber-  
wachung, Verbraucherschutz, gesundheitlicher  
Umweltschutz

*Postanschrift:*

Postfach 31 60  
55021 Mainz

*Dienstgebäude:*

Kaiser-Friedrich-Str. 1  
55116 Mainz

Tel.: 06131/16-0

Fax: 06131/16-53 54

E-Mail: [rp-tier@mulewf.rlp.de](mailto:rp-tier@mulewf.rlp.de)

---

### 08-BW - Baden-Württemberg

Ministerium für Ländlichen Raum und  
Verbraucherschutz, Baden-Württemberg

*Postanschrift:*

Postfach 10 34 44  
70029 Stuttgart

*Dienstgebäude:*

Kernerplatz 10  
70182 Stuttgart

Tel.: 0711/1 26-0

Fax: 0711/1 26-24 11

E-Mail: [Poststelle@mlr.bwl.de](mailto:Poststelle@mlr.bwl.de)

**09-BY - Bayern**

Bayerisches Staatsministerium für Umwelt  
und Verbraucherschutz,  
Abt. 4 - Lebensmittelsicherheit und  
Veterinärwesen

*Postanschrift:*

PF 810140  
81901 München

*Dienstgebäude:*

Rosenkavalierplatz 2  
81925 München

Tel.: 089/92 14-35 64

Fax: 089/92 14-32 00

E-Mail: [tiergesundheit@stmuv.bayern.de](mailto:tiergesundheit@stmuv.bayern.de)

**10-SL - Saarland**

Ministerium für Umwelt und  
Verbraucherschutz,  
Referat C1 - Veterinärwesen und  
Verbraucherschutz

*Postanschrift:*

Postfach 10 24 53  
66024 Saarbrücken

*Dienstgebäude:*

Keplerstraße 18  
66117 Saarbrücken

Tel.: 0681/5 01-31 04

Fax: 0681/5 01-22 24

E-Mail: [veterinaerwesen@umwelt.saarland.de](mailto:veterinaerwesen@umwelt.saarland.de)

**11-BE - Berlin**

Senatsverwaltung für Justiz  
und Verbraucherschutz

*Anschrift:*

Salzburger Str. 21-25  
10825 Berlin

Tel.: 030/90 13-0, 90 13-27 71

Fax: 030/90 13-20 00

E-Mail: [Tierseuchen-Einfuhr@senjv.berlin.de](mailto:Tierseuchen-Einfuhr@senjv.berlin.de)

**12-BB - Brandenburg**

Ministerium der Justiz und für Europa und Ver-  
braucherschutz

*Postanschrift:*

Postfach 60 11 50  
14411 Potsdam

*Dienstgebäude:*

Spornstraße  
14467 Potsdam

Tel.: 0331/8 66-0, 8 66-74 50

Fax: 0331/8 66-74 44

E-Mail: [vetwesenbb@mdjev.brandenburg.de](mailto:vetwesenbb@mdjev.brandenburg.de)

**13-MV - Mecklenburg-Vorpommern**

Ministerium für Landwirtschaft, Umwelt  
und Verbraucherschutz des Landes  
Mecklenburg-Vorpommern,  
Abt. 5 - Verbraucherschutz, Lebensmittel-  
überwachung, Veterinärwesen

*Postanschrift:*

Postfach 5 44  
19048 Schwerin

*Dienstgebäude:*

Dreescher Markt 2  
19061 Schwerin

Tel.: 0385/5 88-0

Fax: 0385/5 88-60 28

E-Mail: [poststelle@lu.mv-regierung.de](mailto:poststelle@lu.mv-regierung.de)

## Tiergesundheitsjahresbericht 2014

---

### **14-SN - Sachsen**

Sächsisches Staatsministerium für Soziales  
und Verbraucherschutz,  
Abt. 2 - Gesundheits- und Veterinärwesen,  
Verbraucherschutz

*Anschrift:*

Albertstraße 10  
01097 Dresden

Tel.: 0351/5 64-0; 0351/5 64-57 19

Fax: 0351/5 64-57 79; 0351/56 4-57 70

E-Mail: referat24@sms.sachsen.de

---

### **15-ST - Sachsen-Anhalt**

Ministerium für Landwirtschaft und  
Umwelt des Landes Sachsen-Anhalt

*Postanschrift:*

Postfach 37 60  
39012 Magdeburg

*Dienstgebäude:*

Leipziger Straße 58  
39112 Magdeburg

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

---

### **16-TH - Thüringen**

Thüringer Ministerium für Arbeit, Soziales, Ge-  
sundheit, Frauen und Familie  
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@tmasgff.thueringen.de

---

**Anlage 3: Abkürzungsverzeichnis**

ABE	Ansteckende Blutarmut der Einhufer
ABEV	Virus der Ansteck. Blutarmut der Einhufer
ABL.	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 Enzephalopathie
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 2014

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 2014

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)