

## 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