

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

Schütze H.

Summary

According to EU legislation and OIE definition, Viral Haemorrhagic Septicaemia (VHS) and Infectious Haematopoietic Necrosis (IHN) are notifiable diseases. These diseases are caused by the rhabdoviruses VHS virus (VHSV) and IHN virus (IHNV), respectively. The national reference laboratory for VHS and IHN at the Institute of Infectology, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Federal Research Institute for Animal Health is responsible for the annual data collection and analysis from the diagnostic laboratories of all German federal states and reports the results to the European Community Reference Laboratory, located in Copenhagen, Denmark. These reports contain general information on aquaculture in Germany including structure and production as well as specific data on epidemiology based on diagnostics in the regional laboratories and the national reference laboratory. Salmonids, mainly rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) were produced in 4,185 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 Hämato-poetische Nekrose (IHN)“ am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) auf der Insel Riems wird jährlich ein Bericht über den Umfang und die Struktur der Aquakultur mit Angaben zur Epizootiologie, Diagnose und Bekämpfung der VHS und IHN sowie zum Umfang und zu den Ergebnissen der Laboruntersuchungen zu virusbedingten Fischkrankheiten erarbeitet (§ 27 Tiergesundheitsgesetz, TierGesG). Die Daten für diesen Bericht werden entsprechend § 4 des TierGesG von den für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden der Bundesländer (Daten aus den Untersuchungslaboren und von den Fischgesundheitsdiensten) zugearbeitet und aus dem TierSeuchenNachrichten-System (TSN) der Bundesrepublik Deutschland (FLI, Institut für Epidemiologie) 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).

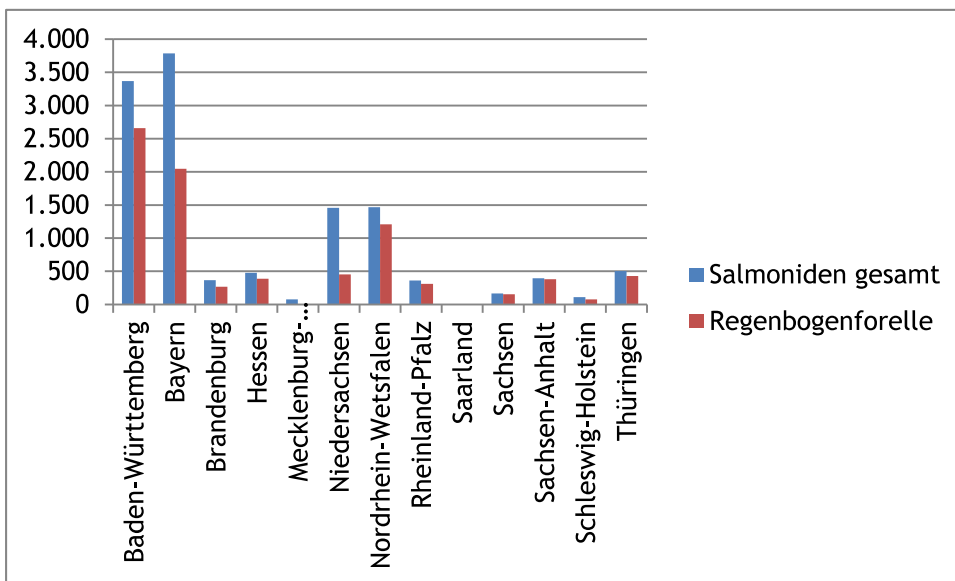


Abbildung 1: Erzeugte Menge in Tonnen (t) von Salmoniden (insgesamt) und Regenbogenforellen im Jahr 2014 in den Bundesländern ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.6, 2014)

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
Gesamt	5.485	4.185

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
Gesamt	19	16

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

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	¹⁾	¹⁾	57 ²⁾	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	¹⁾	¹⁾	61	61	71	55	54	80	34	49	62	56	29	48	47	34	38	41	29	31	18	17	35

¹⁾ keine Angaben

²⁾ 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).

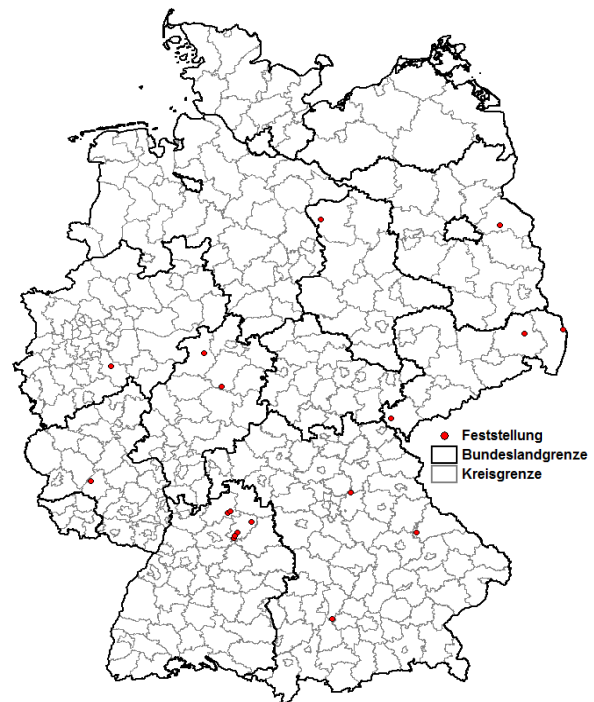


Abb. 2: Im Jahr 2014 gemeldete VHS-Ausbrüche (Quelle: TSN)

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 IHNV Isolate sind dem Genotyp Europa zuzuordnen. Die Ergebnisse der genetischen Charakterisierung der IHNV Isolate aus Deutschland lassen sich wie folgt zusammenfassen:

- Genetische Verwandtschaft von IHNV 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 IHNV 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

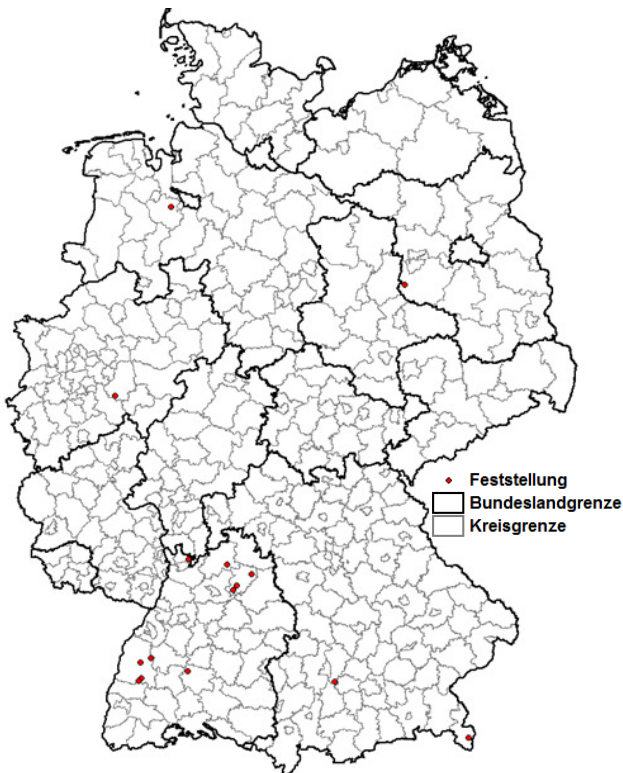


Abb. 3: Im Jahr 2014 gemeldete IHN-Ausbrüche (Quelle:TSN)

- IHNV Isolate unbekannter Herkunft

Im Jahr 2014 wurden vermehrt Erreger isoliert, die eine relativ geringe Verwandtschaft zu Isolaten aufweisen, 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 Isolaten aus 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
Gesamt	34	32

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.