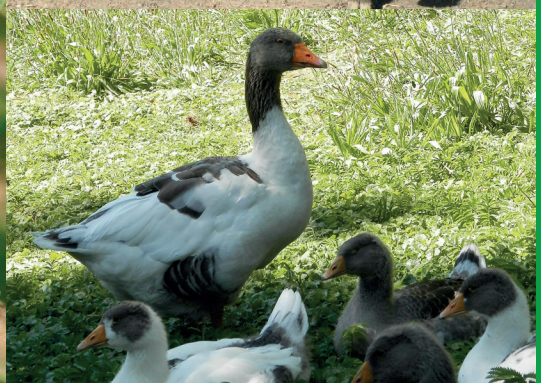
FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT
FLI
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Federal Research Institute for Animal Health

TIERGESUNDHEITS JAHRESBERICHT 2015



Tiergesundheitsjahresbericht 2015
16. Jahrgang 2016
ISSN 1867-9374

Herausgeber
Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Südufer 10
17493 Greifswald-Insel Riems
Internet: www.fli.de

Redaktion
Dr. T. Homeier-Bachmann, N. Reimer, S. Schell
Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Institut für Epidemiologie
Südufer 10, 17493 Greifswald - Insel Riems

Redaktionsschluss
5. Dezember 2016

Inhaltsverzeichnis

Einleitung **4**

Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland **5**

Kapitel 2 Finanzielle Beteiligung der Europäischen Union **5**

Kapitel 3 Der Viehbestand **13**

Kapitel 4 Fallstatistiken **26**

Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten **33**

1. Afrikanische Schweinepest – African Swine Fever 33
2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen – American foulbrood 36
3. Aujeszkysche Krankheit – Aujeszky's Disease (Pseudorabies) 38
4. Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen – Bovine, Porcine, Ovine and Caprine Brucellosis 39
5. Geflügelpest - Avian Influenza 42
6. Beschälseuche der Pferde – Dourine 51
7. Bovine Herpesvirus Typ1-Infektion (alle Formen) – Infectious bovine rhinotracheitis 54
8. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease – Bovine viral diarrhea/Mucosal Disease 64
9. Chlamydiose – Chlamydiosis 68
10. Echinokokkose – Echinococcosis 72
11. Hantaviren in Mitteleuropa – Hantaviruses in Central Europe 75
12. Infektiöse Anämie der Einhufer - Equine infectious anaemia (EIA) 79
13. Koi-Herpesvirus-Infektion der Karpfen (KHV-I) – koi herpesvirus disease (KHVD) 82
14. Lungenseuche der Rinder – Contagious Bovine Pleuropneumoniae (CBPP) 89
15. Paratuberkulose – Paratuberculosis 91
16. Porzine epidemische Diarrhoe – Porcine epidemic diarrhea 96
17. Q-Fieber – Q-Fever 98
18. Rauschbrand – Blackleg 103
19. Rotz – Glanders 107
20. Salmonellose der Rinder – Salmonellosis in cattle 109
21. Tollwut – Rabies 116
22. Toxoplasmose – Toxoplasmosis 118
23. Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (TSE) 121
24. Trichomonadenseuche des Rindes – Trichomoniasis in cattle 125
25. Tuberkulose der Rinder – Bovine Tuberculosis 127
26. Usutu-Virus-Infektion (USUV) – Usutu virus infection 134
27. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämatopoetische Nekrose (IHN) – Viral Hemorrhagic Septicemia and Infectious Hematopoietic Necrosis 139
28. West-Nil-Virus-Infektion (WNV) – West Nile virus infection 147

Anlagen 151

Anlage 1: Anschriften der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner 151

Anlage 2: Abkürzungsverzeichnis 164

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 14. 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 2015 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 vorliegende Bericht 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 vektorübertragenen 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 2015: Tierärzteschaft in der Bundesrepublik Deutschland“ zum 31.12.2015 insgesamt 40 035 Tierärztinnen und Tierärzte bei den Kammern gemeldet.

Davon waren 28 650 in Deutschland und 485 im Ausland tierärztlich tätig. Von den im Inland tierärztlich Tätigen waren 19 922 in der tierärztlichen Praxis (einschließlich Assistentinnen und Assistenten sowie Vertreterinnen und Vertretern) und 6 096 im Beamten- (1 579) und Angestelltenverhältnis (4 517) 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 Tiergesundheitsschutz
Außerhalb der staatlichen Tierseuchenbekämpfung werden Aufgaben zur Sicherung und Verbesserung der Tiergesundheit (allgemeiner Tiergesundheitsschutz) in der Regel von Tiergesundheitsdiensten durchgeführt. Die Tiergesundheitsdienste (Pferde-, Rinder-, Schweine-, Schaf-, Geflügel-, Eutergesundheitsdienste u. a.) führen regelmäßig Kontrolluntersuchungen durch und beraten in Fragen der Tierhaltung, insbesondere der Tierhygiene, der Stallhygiene, der Stallbautechnik und der Fütterung. Soweit die Veterinärfachverwaltung keine eigenen Tiergesundheitsdienste unterhält, wirkt sie in den Tiergesundheitsdiensten nichtstaatlicher Einrichtungen mit oder ergänzt bzw. unterstützt diese.

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

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

Fleischhygiene - 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 Inverkehrbringen 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

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

- 321: Tierschutz
- 322: Tiergesundheit
- 323: Tierseuchen - EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum
- 325: Rechtsangelegenheiten der Abteilung 3, Lebensmittelrecht, Recht der Veterinärberufe
- 326: Tierarzneimittel, Rückstände von pharmakologisch wirksamen Stoffen in Lebensmitteln

sowie die Arbeitseinheit 033 „Bilaterale Veterinärzusammenarbeit mit Drittstaaten“ angesiedelt, mit dem Referat:

- 331: Veterinärangelegenheiten beim Export

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, Ernährunsprävention“ (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: bmvgfueskii7@bmvg.bund.de

Referat Fü SK II 7 – Fachaufgaben Gesundheitswesen; vorbeugender Gesundheitsschutz und öffentlich-rechtliche 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. Die Leiterin des Referates 323 ist gleichzeitig Leiterin der Bund-Länder-Task Force Tierseuchenbekämpfung. 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 Verordnung (EU) Nr. 652/2014

Heuser, R.

Die 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) stellt die Basis für die finanzielle Beteiligung der Union im Veterinärbereich dar.

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

- Sofortmaßnahmen im Veterinärbereich,
- Programmen zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und
- Zoonosen

festgelegt.

Die weiteren Ausführungen beziehen sich auf die im Jahr 2015 durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen sowie die Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen.

Dringlichkeitsmaßnahmen

Nach den in den Artikeln 6 bis 8 der Verordnung (EU) Nr. 652/2014 zusammengefassten Sofortmaßnahmen im Veterinärbereich besteht für die Mitgliedstaaten die Möglichkeit, im Falle des Ausbruchs einer der in Artikel 7 der genannten Verordnung 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 50 % an den Ausgaben für Impfstoffe und an den Impfkosten, soweit die Durchführung von Impfungen beschlossen wurde.

Für das Jahr 2015 wurde für die durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen, bedingt durch das Auftreten der niedrig- und hochpathogenen Aviären Infuenza, eine Finanzhilfe der Union beantragt.

Programm zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen

Gemäß den Artikeln 9 bis 15 der Verordnung (EU) Nr. 652/2014 besteht für die Mitgliedstaaten unter Wahrung bestimmter Voraussetzungen die Möglichkeit, im Rahmen der Finanzierung nationaler Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung der im Anhang II der genannten

Verordnung aufgeführten Tierseuchen und Zoonosen eine finanzielle Beteiligung der Gemeinschaft zu erhalten.

Für das Jahr 2015 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 Grant decision vom 30. Januar 2015 genehmigt. Die jeweiligen Höchstbeträge der finanziellen Beteiligung der Union wurden ebenfalls mit der o. g. Grant decision festgesetzt.
Diese 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 die Grant decision ursprünglich zugewiesenen Höchstbeträge für die Pläne der Mitgliedstaaten ausreichten bzw. gekürzt oder erhöht werden mussten.
Mit der Änderung der Grant decision vom 12. Dezember 2015 wurden die Deutschland betreffenden, vorgenannten Pläne im Hinblick auf die Höchstbeträge abgeändert bzw. neu festgesetzt.

Plan zur Bekämpfung der Blauzungenkrankheit
Gemäß Artikel 3 Absatz 1 Buchstabe c der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 42.000 Euro festgesetzt.
Durch die Änderung der Grant decision wurde dieser Höchstbetrag erhöht und auf 47.000 Euro neu fest-gesetzt. Die finanzielle Beteiligung beträgt 50 % der Einheitskosten, die bei der Durchführung der virologischen und serologischen Laborunter-suchungen und der Probennahme entstehen.
Im Jahr 2015 wurden bei der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrags 2.403 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 2.008 virologische Tests mittels PCR und Pool-PCR sowie 3.368 Probennahmen bei Rind, Schaf und Ziege 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 3 Absatz 1 Buchstabe d der Grant decision wurde der von der Bundesrepublik Deutschland eingereichte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 1.018.000 Euro festgesetzt.

Durch die Änderung der Grant decision wurde dieser Höchstbetrag verringert und auf 503.000 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 Probennahme 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 2015 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrages insgesamt 111.747 bakteriologische Tests, 534 Serotypisierungen, 47 Tests zur Überprüfung der Desinfektionswirksamkeit, 13 Tests zum Nachweis antimikrobieller Mittel, 3.671 Probennahmen, über 5,7 Mio. Impfstoffdosen und Entschädigungszahlungen für 28.106 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 sie nicht kofinanzierungsfähig sind.

Plan zur Bekämpfung und Überwachung der Klassischen Schweinepest

Gemäß Artikel 3 Absatz 1 Buchstabe a der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 293.000 Euro festgesetzt. Durch die Änderung der Grant decision wurde dieser Höchstbetrag verringert und auf 244.000 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 Probennahme von Hausschweinen entstehen. Des Weiteren gewährt die Union eine Finanzhilfe in Höhe von 50 % der Kosten für die Probennahme von Wildschweinen sowie der Beschaffung und Auslage von Impfstoffen.
Im Jahr 2015 wurden bei Haus- und Wildschweinen insgesamt rund 106.593 Untersuchungen durchgeführt, davon 82.055 serologische und 24.539 virologische Untersuchungen.

Da die Kommission beschlossen hat, für die Überwachung auf KSP in nicht von der Seuche betroffenen Mitgliedstaaten zukünftig keine Finanzhilfe zu gewähren, wird der Kommission kein weiterer Plan zwecks Fortsetzung vorgelegt.

Plan zur Überwachung von Geflügel und Wildvögeln auf die Aviäre Influenza

Gemäß Artikel 3 Absatz 1 Buchstabe b der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 75.000 Euro festgesetzt.
Durch die Änderung der Grant decision wurde dieser Höchstbetrag erhöht und auf 124.000 Euro neu festgesetzt.
Die finanzielle Beteiligung der Union beinhaltet 50 % der Einheitskosten für die Kosten der Probennahme 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 2015 vorgelegten Erstattungsantrages wurden insgesamt 486 Probennahmen bei Wildvögeln, 5.023 bei Hausgeflügel, 6.754

serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 3.679 Hämagglutinationshemmungstests für Serotyp H5H7, 74 Virusisolationstests und 4.631 virologische Tests mittels PCR geltend gemacht.

Plan zur Überwachung der Transmissiblen Spongiformen Enzephalopathien (TSE)

Gemäß Artikel 3 Absatz 1 Buchstabe e der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 1,993 Mio. Euro festgesetzt.

Durch die Änderung der Grant decision wurde dieser Höchstbetrag verringert und auf 1,514 Mio. Euro neu 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 diskriminierende Tests bestätigter BSE-Fälle 100 % der Einheitskosten.

Darüberhinaus gewährt die Kommission für Bestätigungstests 100 % der tatsächlichen Kosten bis zu einem festgesetzten Höchstbetrag von 50,00 EUR.

Mit Inkrafttreten der Verordnung zur Änderung der TSE-Überwachungsverordnung und zur Aufhebung der BSE-Untersuchungsverordnung vom 21. April 2015 (BGBl. I S.615) am 28. April 2015 ist die verpflichtende systematische Untersuchung der über 96 Monate alten gesundgeschlachteten Rinder auf BSE entfallen. Insoweit gewährt die Kommission für die Tests an gesundgeschlachteten Rindern für den Zeitraum vom 1. Januar bis 27. April 2015 50 % 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 214.319 Tests bei Rindern, 17.812 Tests bei Schafen und 1.573 Tests bei Ziegen gemeldet; daneben umfasst der Erstattungsantrag 161 diskriminierende Tests bestätigter „Alt“-BSE-Fälle und 18 Bestätigungstests.

Im Jahr 2015 wurde kein BSE-Fall amtlich festgestellt. Im Rahmen des der Kommission zugeleiteten Erstattungsantrages wurde für ein Rind (Kohortentier) die Entschädigungszahlung an den Tierbesitzer geltend gemacht.

Im Jahr 2015 wurden elf Scrapieausbrüche (zehn atypische und ein klassischer Fall) in sechs Bundesländern amtlich festgestellt.

Die Anzahl der gegenüber der Kommission geltend gemachten Genotypisierungen betrug 3.427 Untersuchungen.

Kapitel 3 Der Viehbestand

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

Homeier-Bachmann, T., Reimer, 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 vier Jahre repräsentative Erhebungen für Rinder, Schweine, Schafe, Pferde und Geflügel statt, die seit Mai 2003 durch eine im Vierjahresabstand durchgeführte Totalzählung aufgeführter Tierbestände ergänzt werden.

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

jeweils 10 Rinder
50 Schweine oder 10 Zuchtsauen
20 Schafe oder 20 Ziegen
oder 1 000 Stück Geflügel

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

Die letzten Erhebungsdaten für Rinder und Schweine basieren auf dem Zensus vom 3. November 2015. Die Zahlen für die kleinen Wiederkäuer entstammen der Zählung vom 3. November 2014. Die letzte repräsentative Zählung der Pferde- und Geflügelbestände erfolgte im Rahmen der Landwirtschaftszählung im März 2010.

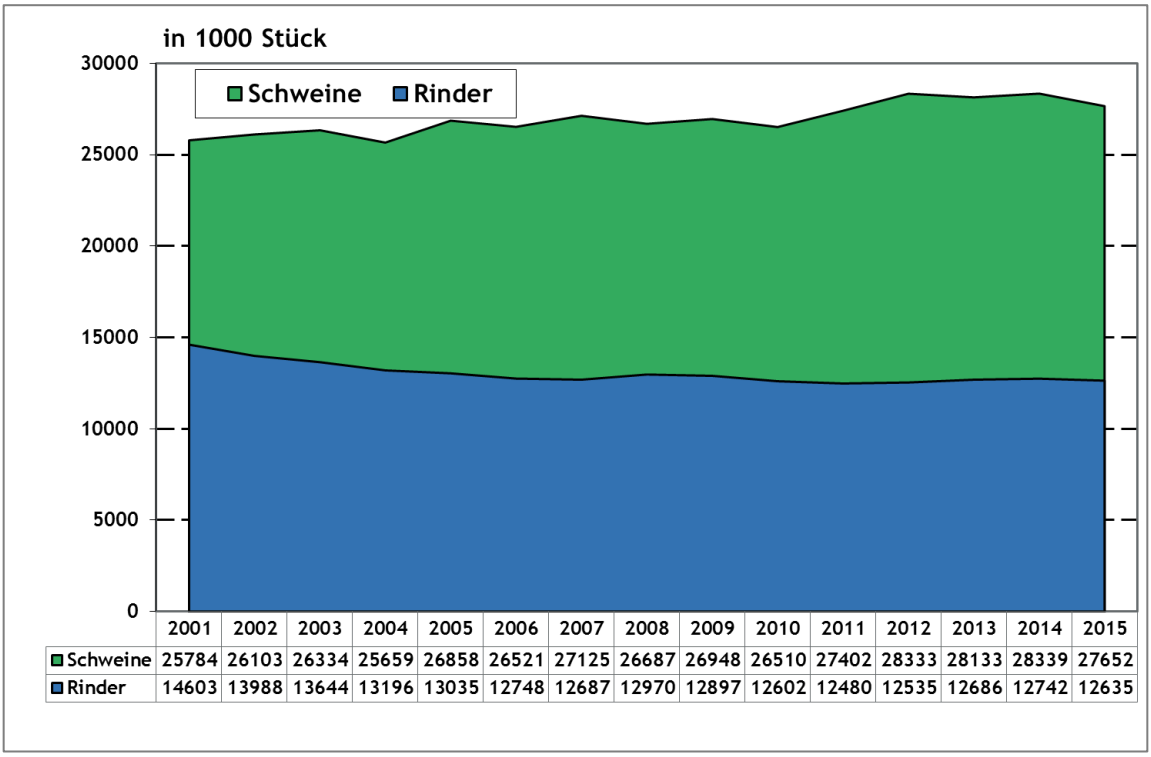
Im Jahr 2010 wurde in Deutschland eine Landwirtschaftszählung (LZ) durchgeführt. Die nach dem Agrarstatistikgesetz durchzuführende Großzählung soll alle zehn Jahre stattfinden. Seit dem Jahr 1999 bis zum Jahr 2007 wurde eine Agrarstrukturerhebung (ASE) im 2-Jahresrhythmus durchgeführt. Sie wurde 2010 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. Mai 2016, entnommen (Erscheinungsfolge: jährlich, erschienen am 23. August 2016, Artikelnummer: 2030410165314 Herausgeber: Statistisches Bundesamt, Wiesbaden).

Die seit dem Jahr 1990 zu beobachtende kontinuierliche Abnahme des Rinderbestandes (Abb. 1a) hat sich im Jahr 2014 gegenüber dem Vorjahr konsolidiert, die absoluten Tierzahlen haben abgenommen. Die Gesamtzahl gehaltener Rinder im Jahr 2014 hat um knapp ein halbes Prozent (0,84 %) oder um 106.734 Tiere gegenüber dem Vorjahr abgenommen. Der Bestand verringerte sich von 12.742.190 Tieren auf 12.635.456. Ein Vergleich mit dem Jahr 2001 ergibt trotz der leichten Zunahmen im Zeitraum zwischen 2012 und 2014 immer noch einen deutlichen Rückgang der Rinderzahlen um ca. 13,47 % oder 1.967.544 Rinder (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.
In der Rückschau zeigt sich, dass es einen Trend zu größeren Milchkuhbeständen gibt und gleichzeitig die Zahl der Milchkuhhaltungen insgesamt abnimmt. Während es 2010 durchschnittlich 45 Milchkühe pro Halter in Deutschland gab, sind es aktuell 58 Tiere (Vorjahr: 56).

Beim Schweinebestand (Abb. 1a) ist eine abfallende Tendenz feststellbar, darauf deuten die Bestandszahlen der Novemberzählung des Jahres

2015 hin. Diese betragen 27,652 Mio. (ohne Stadtstaaten), im Vergleich zum Vorjahr (28,339 Mio. Schweine) ist eine Abnahme um 2,4 % feststellbar (Abb. 1a). Insgesamt wird jedoch das hohe Niveau, das 1995 erreicht wurde, gehalten. Auch im Langzeittrend vom Jahr 2001 bis zum Jahr 2015 macht sich diese Entwicklung bemerkbar. Hier ist sogar eine Zunahme von 7,24 % feststellbar (25,784 Mio. Schweine im Jahr 2001). Eine ausführliche Darstellung der Schweinebestandszahlen der einzelnen Bundesländer bietet die Tabelle 3.



	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Schweine	25784	26103	26334	25659	26858	26521	27125	26687	26948	26510	27402	28333	28133	28339	27652
Rinder	14603	13988	13644	13196	13035	12748	12687	12970	12897	12602	12480	12535	12686	12742	12635

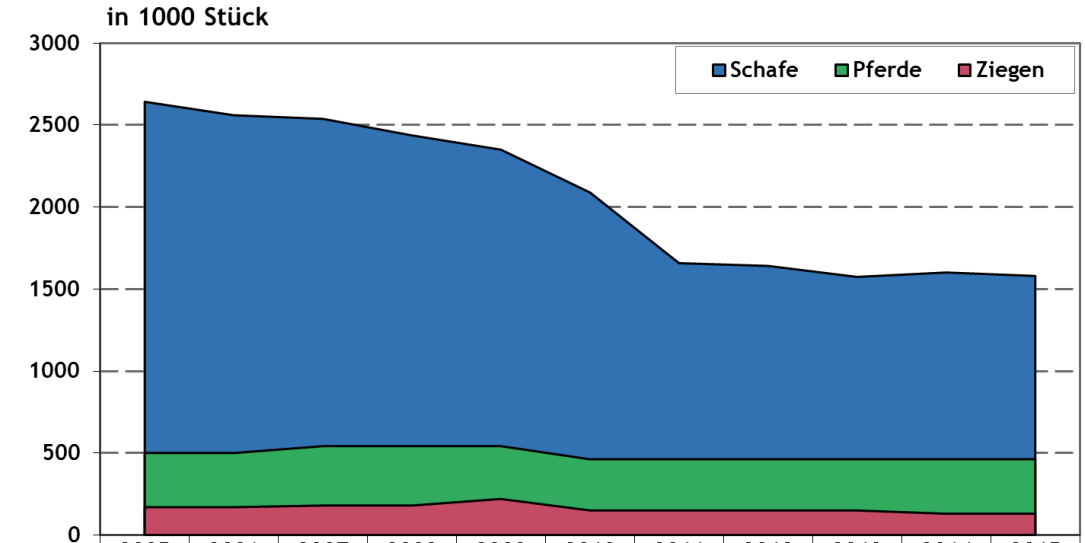
Abb. 1a: Langzeitentwicklung im Viehbestand Deutschlands für Rinder und Schweine (Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2015)

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 1. 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 2015 bei der Novemberzählung 1,58 Mio. Schafe erfasst (hier fehlen jedoch die Angaben für die Stadtstaaten). Gegenüber dem Vorjahreswert (1,60 Mio.) ist dies ein Rückgang um 1,3 %. Legt man die Zahlen aus der LZ 2010 zu Grunde, damals wurden 2,09 Mio. Schafe in Deutschland gehalten, so ist dies ein deutlicher Rückgang um 24,40 %. Vergleicht man die aktuellen Zahlen mit denen der letzten Erfassung im Jahr 2009 (2.44 Mio.), so ist die Abnahme noch wesentlich größer (35,25 %) und hat den niedrigsten Stand seit dem Jahr 1990 erreicht. Genauere Angaben zur Schafpopulation der Bundesländer sind in der Tabelle 4 wiedergegeben.

Für den Ziegenbestand (Abb. 1 b) gilt Ähnliches wie für Pferde. Es liegen Zahlen aus der LZ 2010 (Stand März 2010) vor und aktuellere aus der ASE 2013 (Stand 1. März 2013). Nach Angaben aus der ASE 2013 betrug der Ziegenbestand 130.200 Ziegen (149.936 Tiere nach LZ 2010). Dies stellt einen erheblichen Rückgang im Vergleich zur letzten Erfassung im Jahr 2009 dar, ein Rückgand 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 1. März. 2013). Wie bei den Ziegen und Pferden erfolgte im Jahr 2015 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 1. 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.



	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Schafe	2642	2560	2538	2437	2350	2089	1658	1641	1574	1601	1580
Pferde	500		542			462			462		462
Ziegen	170	170	180	180	220	150	150	150	150	130	130

Abb. 1b: Langzeitentwicklung des Pferde-, Schaf- und Ziegenbestands in Deutschland (Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2015)

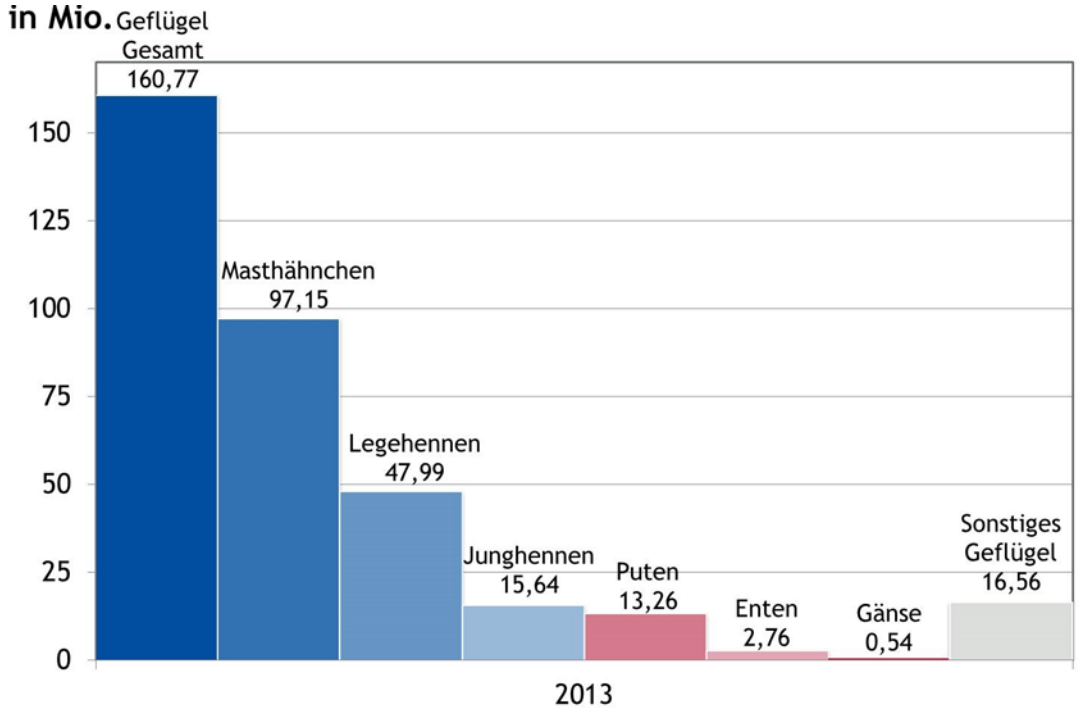


Abb. 2: Geflügelbestand nach Nutzungsrichtung (Quelle: Statistisches Bundesamt, ASE 2013)

Tabelle 1: Anzahl Rinderhalter Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen am 3. November 2015

Bundesland	Anzahl Rinderhalter in genannten Größenklassen							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥ 500
Baden-Württemberg	17 294	4 079	2 744	4 164	2 997	2 373	898	39
Bayern	48 918	6 429	5 780	12 976	13 062	8 714	1 914	43
Berlin	29	13	3	8	3	2	-	-
Brandenburg	4 434	2 052	458	499	335	326	414	350
Bremen	93	15	11	10	11	28	17	1
Hamburg	103	22	22	22	20	7	10	-
Hessen	8 836	2 359	1 647	2 217	1 240	899	448	26
Mecklenburg-Vorpommern	3 320	1 399	322	391	209	269	386	344
Niedersachsen	21 761	4 083	2 073	3 326	3 238	4 349	4 127	565
Nordrhein-Westfalen	17 949	4 311	2 329	3 487	2 855	2 952	1 817	198
Rheinland-Pfalz	5 359	1 295	766	1 187	871	832	382	26
Saarland	718	216	77	139	115	109	59	3
Sachsen	7 221	4 175	947	729	382	378	333	277
Sachsen-Anhalt	3 158	1 598	332	321	202	199	290	216
Schleswig-Holstein	7 829	1 404	724	964	927	1 585	1 959	266
Thüringen	4 153	2 435	553	346	176	194	241	208
Deutschland	**151 35 885**	**18 788**	**30 786**	**26 643**	**23 216**	**13 295**	**2 562**	

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2015

Tabelle 2: Anzahl Rinder Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen in 1 000 Tieren am 3. November 2015

Bundesland	Anzahl Rinder in genannten Größenklassen							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥ 500
Baden-Württemberg	1 002	20	38	135	211	334	239	24
Bayern	3 205	32	83	437	928	1 194	501	30
Berlin	1		0	0	0			
Brandenburg	562	7	6	16	24	47	131	330
Bremen	10	0	0	0	1		5	
Hamburg	6	0	0	1	1	1	3	
Hessen	459	12	23	70	86	127	123	18
Mecklenburg-Vorpommern	561	5	4	13	15	39	128	357
Niedersachsen	2 652	18	29	109	235	639	1 207	414
Nordrhein-Westfalen	1 458	19	33	114	205	420	527	141
Rheinland-Pfalz	360	6	11	39	63	119	106	17
Saarland	49		1	5	8	16	17	
Sachsen	504	15	13	22	27	53	105	269
Sachsen-Anhalt	349	5	5	10	14	29	95	191
Schleswig-Holstein	1 113	6	10	31	67	235	585	179
Thüringen	342	8	7	11	12	27	79	198
Deutschland	**12 635**	**156**	**264**	**1 012**	**1 900**	**3 284**	**3 849**	**2 170**

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2015

Tabelle 3: Anzahl Schweine insgesamt, Zuchtsauen, Ferkel und Mastschweine einschl. Jungschweine und Eber nach Bundesländern (in 1 000 Stück) am 3. November 2015 (ohne Stadtstaaten)

Bundesland	Schweine insgesamt	Zuchtsauen	Ferkel	Mastschweine inkl. Jungschweine und Eber
Baden-Württemberg	1 849,5	168,0	664,9	1 016,6
Bayern	3 276,6	247,4	880,2	2 149,0
Brandenburg	829,3	99,3	360,9	369,1
Hessen	599,9	41,8	162,9	395,3
Mecklenburg-Vorpommern	748,5	87,9	301,6	358,9
Niedersachsen	8 730,9	500,9	2 212,4	6 017,6
Nordrhein-Westfalen	7 308,1	424,4	1 942,3	4 941,4
Rheinland-Pfalz	192,0	13,0	55,7	123,4
Saarland	5,3	0,3	1,2	3,8
Sachsen	667,0	69,2	266,4	331,5
Sachsen-Anhalt	1 183,8	134,3	507,5	542,1
Schleswig-Holstein	1 459,4	93,6	367,9	997,8
Thüringen	802,2	93,2	377,0	332,0
Deutschland	27 652,4	1 973,2	8 100,9	17 578,3

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2015

Tabelle 4: Anzahl Schafe insgesamt, davon zur Zucht benutzte weibliche Schafe einschließlich gedeckte Jährlinge (in 1 000 Stück) (ohne Stadtstaaten) am 3. November 2015

Bundesland	Schafe insgesamt	davon: weibliche Zuchtschafe einschl. gedeckte Jungschafe	
		Milchschafe	andere Mutterschafe
Baden-Württemberg	214,2	2,2	150,0
Bayern	271,5	2,1	183,8
Brandenburg	74,3	0,4	52,3
Hessen	113,5	/	79,5
Mecklenburg-Vorpommern	70,7	0,4	45,0
Niedersachsen	167,1	2,8	110,5
Nordrhein-Westfalen	136,3	1,1	94,8
Rheinland-Pfalz	66,2	0,3	46,6
Saarland	6,7	/	4,7
Sachsen	69,3	0,6	50,2
Sachsen-Anhalt	76,6	0,5	54,2
Schleswig-Holstein	189,7	0,5	131,1
Thüringen	123,7	0,6	96,5
Deutschland	1 579,8	12,2	1 099,2

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2015

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 Jahr 2014 hat die Zahl der Importe noch einmal drastisch abgenommen.

Aus insgesamt 19 Mitgliedstaaten 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 2015 waren die Tschechische Republik, Österreich, Frankreich, die Niederlande und Luxemburg. Importe aus den baltischen Staaten haben zugenommen, sind jedoch verglichen mit den vorgenannten Staaten auf einem niedrigeren Niveau. Tierlieferungen aus Dänemark und den Niederlanden sind hingegen stark zurückgegangen.

Tabelle 5: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz 2009 - 2015

Verbringungsländer	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Belgien	48 875	28 490	3 741	3 015	2 431	2 766	1 464
Bulgarien	3	0	0	0	0	3	0
Dänemark	961	598	5 184	3 056	1 305	10 160	1 373
Estland	2 032	2 705	203	2 758	29	1 004	3 907
Frankreich	19 481	12 508	18 812	8 253	8 016	8 173	7 023
Irland	0	0	6	128	1	3 976	889
Italien	429	1 473	1 921	3 227	1 665	259	365
Lettland	773	623	735	997	1 342	1 274	1 208
Litauen	10 386	15 029	0	4 351	4 317	2 005	3 107
Luxemburg	8 158	7 486	10 931	7 204	6 029	5 844	5 646
Niederlande	9 083	19 043	15 863	17 317	17 526	12 920	6 289
Österreich	14 820	20 546	23 041	24 330	20 354	17 621	11 343
Polen	2 248	716	270	594	1 993	2 559	816
Rumänien	2 211	1 443	1 946	2 451	725	148	605
Schweiz	128	14	76	55	25	30	27
Slowakei	0	0	0	338	223	393	229
Slowenien	0	0	0	0	257	248	25
Spanien	35	0	0	1 901	0	1 591	229
Tschechische Republik	20 301	12 277	17 681	17 645	26 269	21 377	18 488
Ungarn	71	2 705	3 284	133	891	364	0
Vereinigtes Königreich	5	0	2	5	273	937	1 020
Gesamtverbringung Rinder	**140 000**	**125 656**	**103 696**	**97 758**	**93 671**	**93 652**	**64 053**

Quelle: Eurostat

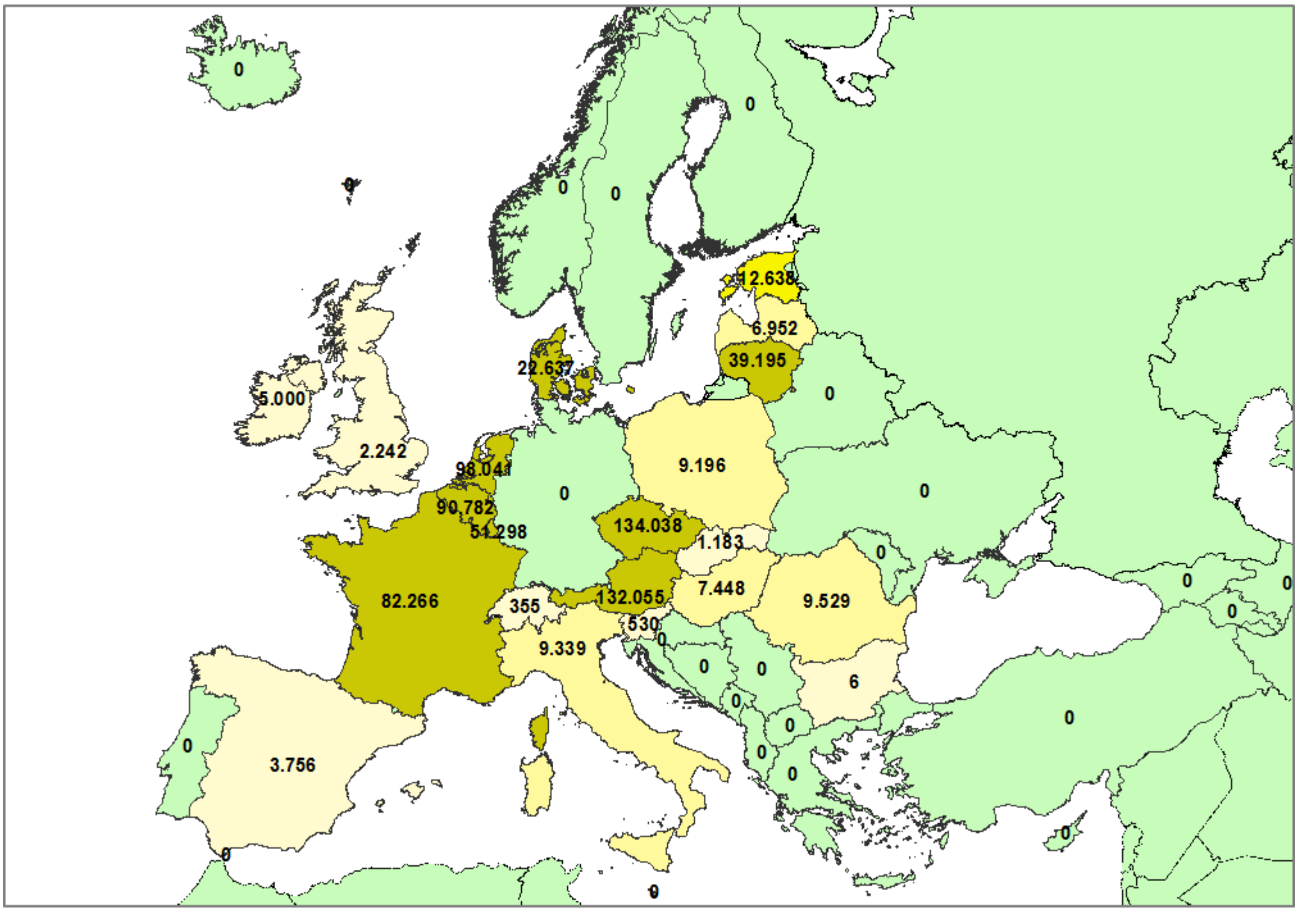


Abb. 3: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz in Stück Vieh 2009 – 2015 (Quelle: Eurostat)

Innergemeinschaftliches Verbringen aus Deutschland und Exporte in Drittstaaten

Beim Verbringen von Schlacht- und Zuchtrindern aus Deutschland in EU-Mitgliedstaaten und die Schweiz bestätigt sich der letztjährige Höchststand. Die Jahre 2014 und 2015 weisen die mit Abstand höchsten Werte im Beobachtungzeitraum (2009 - 2015) auf. Der bisherige Höchststand aus dem Jahr 2014 mit 723.946 Rindern, die aus Deutschland innergemeinschaftlich verbracht wurden, wurde im vergangenen Jahr abermals überschritten. Mit 755.713 wurden gegenüber dem Vorjahr 4,39 % mehr Rinder aus Deutschland verbracht. Die Zunahme beruht überwiegend auf der Zunahme des Handelsvolumens mit Ungarn, Polen und Belgien.

Deutschland verbrachte innergemeinschaftlich im Jahr 2015 Rinder in 25 EU-Mitgliedsländer, nur nach Finnland, 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 von Spanien, Belgien, Italien und Ungarn (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz 2009 - 2015

Verbringungsländer	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
BELGIEN	21 571	33 745	33 202	18 634	18 244	42 179	44 597
BULGARIEN	74	289	278	232	193	710	251
DÄNEMARK	8	22	7	37	69	16	45
ESTLAND	0	0	703	28	13	36	538
FRANKREICH	18 167	21 770	11 698	14 095	16 872	8 805	422
GRIECHENLAND	2 517	1 203	624	277	480	1 249	825
IRLAND	0	0	0	1.578	177	485	359
ITALIEN	44 567	41 548	47 970	27 037	17 011	26 706	22 750
KROATIEN*	-	-	-	-	663	42	835
LETTLAND	387	609	757	594	1 096	786	245
LITAUEN	335	1 254	433	213	203	75	236
LUXEMBURG	4 920	1 341	3 032	2 459	2 240	1 653	1 462
NIEDERLANDE	386 709	403 680	414 531	432 032	472 705	539 565	572 239
ÖSTERREICH	4 558	1 355	1 041	94	1 484	2 242	969
POLEN	1 922	5 982	6 143	4 421	6 008	11 659	16 791
PORTUGAL	1 224	929	291	115	0	372	68
RUMÄNIEN	422	1 010	761	489	1 631	2 586	2 029
SCHWEDEN	0	0	0	17	0	6	1
SCHWEIZ	205	481	255	142	321	154	209
SLOWAKEI	7	517	212	98	0	4	17
SLOWENIEN	0	0	2	67	2	215	1
SPANIEN	56 530	50 257	35 087	30 839	47 701	65 532	65 166
TSCHECHISCHE REPUBLIK	250	189	81	1 927	809	467	392
UNGARN	1 841	9 056	5 835	2 298	3 645	11 338	21 796
VEREINGTES KÖNIGREICH	1 278	1 929	1 577	3 188	4 383	7 064	3 470
ZYPERN	0	0	0	30	0	0	0
Gesamtverbringung Rinder	**547 492**	**577 166**	**564 520**	**540 941**	**595 950**	**723 946**	**755 713**

**Kroatien ist seit Juli 2013 EU-Mitglied*
Quelle: Eurostat

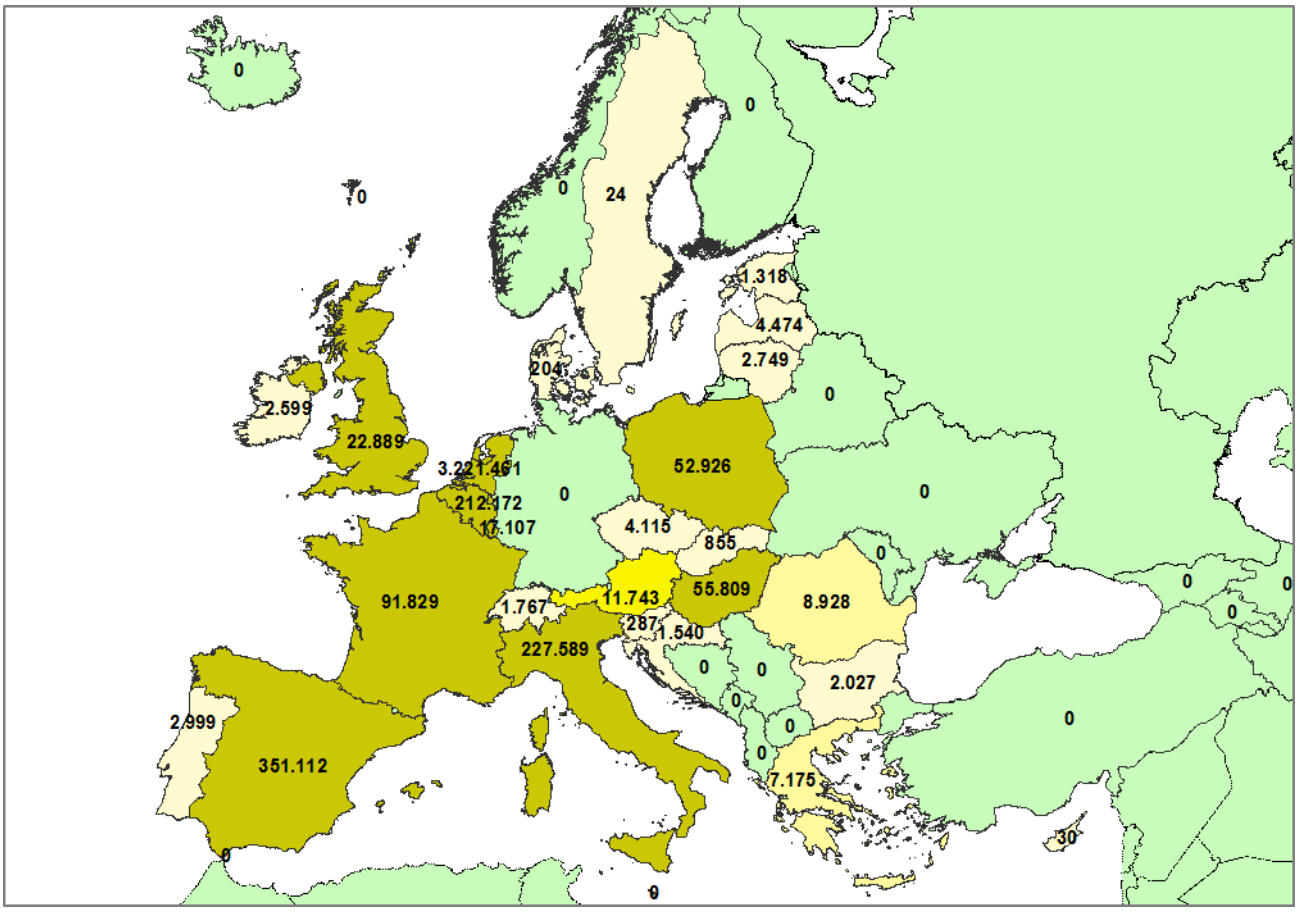


Abb. 4: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz in Stück Vieh 2009 – 2015 (Quelle: Eurostat)

In den Jahren 2009 bis 2015 exportierte Deutschland Rinder in 41 Drittstaaten, wie die Daten von EUROSTAT zeigen. Im Berichtsjahr 2015 wurden Rinder in 26 Drittstaaten ausgeführt. Mit insgesamt 61 632 Tieren wurde der Vorjahreswert zwar deutlich übertroffen, die Höchstmarke von 64 966 Tieren aus dem Jahr 2011 jedoch nicht überboten. Die wichtigsten Empfängerländer waren die Türkei, der Libanon, Aserbaidschan, die Russische Föderation und Usbekistan. Auffällig ist der sehr starke Anstieg von Rinderexporten in die Türkei. Über den Beobachtungszeitraum von 2009 – 2015 zeigen sich für die Zahlen der einzelnen Länder starke Schwankungen.

Tabelle 7: Rinderexporte aus Deutschland in Drittländer 2009 - 2015

AUSFUHR DRITTLÄNDER	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
ÄGYPTEN	1 175	6 129	4 789	1 432	1 412	529	2 865
ALBANIEN	215	66	0	66	0	66	0
ALGERIEN	7 408	10 553	8 661	8 786	12 244	5 371	3 986
ARMENIEN	0	263	0	90	634	65	322
ASERBAIDSCHAN	613	214	1 398	2 923	559	929	4 872
BAHRAIN	0	0	0	0	0	0	0
BOSNIEN-HERZEGOWINA	196	1 141	301	332	450	150	2 260
BURUNDI	0	0	0	102	0	0	0
EH. REP. JUGOSL. MAZEDONIEN	0	0	136	0	192	615	195
GEORGIEN	0	0	64	0	65	91	130
INDIEN	0	0	0	0	0	0	76
INDONESIEN	0	0	0	0	0	2	0
IRAK	0	0	0	0	0	0	165
IRAN	0	0	0	0	0	3	0
JORDANIEN	0	433	262	0	0	0	2 048
KASACHSTAN	0	7	3 546	0	0	0	0
KIRGISTAN	0	0	0	0	0	0	86
KOSOVO	0	222	92	0	163	300	238
KUWAIT	0	0	2 544	2 886	2 259	1 944	1 849
LIBANON	7 291	10 767	4 322	2 359	3 550	8 931	6 989
LIBERIA	37	0	0	0	0	0	0
LIBYEN	276	0	0	1 852	293	248	98
MAROKKO	11 222	16 154	11 653	4 584	4 897	7 845	1 724
MONGOLEI	0	0	0	0	0	94	0
MAURETANIEN	0	0	0	0	33	0	0
MANZEDONIEN	0	0	0	0	0	0	195
MOLDAWIEN	0	0	0	0	93	475	365
MONTENEGRO	0	0	0	82	28	113	10
NIGERIA	0	0	0	0	0	155	0
NORWEGEN	0	0	0	0	0	20	0
RUSSICHE FÖDERATION	4 862	4 733	10 054	773	937	8 116	4 634
SERBIEN	257	459	3 011	2 114	22	145	189
SUDAN	0	0	0	250	0	0	0
TUNESIEN	420	1 156	627	244	1 091	294	558
TÜRKEI	20	0	886	9 295	3 146	7 595	22 610
TURKMENISTAN	0	0	0	0	0	0	516
UKRAINE	1 930	930	1 793	255	38	61	35
USBEKISTAN	1 333	266	2 630	0	1 599	4 014	4 617
VEREINIGTE ARAB. EMIRATE	0	0	0	1.218	0	495	0
GESAMT AUSFUHR	**39 111**	**58 317**	**64 966**	**41 095**	**33 854**	**48 833**	**61 632**

Quelle: Eurostat

Kapitel 4 Fallstatistiken

Vorkommen von anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2015

Homeier-Bachmann, T.

Anzeigepflichtige Tierseuchen

Einführung

Die Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen umfasste im Berichtszeitraum 2014 insgesamt 54 Tierseuchen (Verkündigungsstand 3. Mai 2016), wovon 24 noch nie in Deutschland aufgetreten sind. Im Jahr 2015 wurden Neuausbrüche von 17 anzeigepflichtigen Tierseuchen in 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. Im Vergleich zum Vorjahr ist lediglich Milzbrand nicht mehr aufgetreten, jedoch sind keine weiteren Tierseuchen hinzugekommen.

Aviäre Influenza

Im Jahr 2015 wurden im Rahmen des routinemäßigen und EU-kofinanzierten Wildvogel- und Geflügelmonitorings 5.023 Stück Geflügel und 1.718 Wildvögel untersucht.

a) Hochpathogene aviäre Influenza (HPAI)

Sowohl in Geflügelhaltungen als auch bei Wildvögeln wurde 2015 hochpathogenes aviäres Influenzavirus nachgewiesen. Mit Ausnahme eines H7N7-Ausbruchs in Niedersachsen handelte es sich in allen Fällen um Viren des Subtyps H5N8, die eine enge Verwandtschaft mit zuvor in Südkorea und Japan detektieren HPAIV H5N8 aufwiesen. Die Ausbrüche wurden ab November 2014 registriert. In Deutschland waren im Jahr 2015 insgesamt vier Geflügelhaltungen (zwei Kleinhaltungen, eine Stallhaltung und ein Zoo) betroffen.

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.

b) Niedrigpathogene aviäre Influenza (NPAI)

Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus (NPAIV) des Subtyps H5 wurde in einem Gemischtbestand in Bayern, der Subtyp H7 in drei niedersächsischen Geflügelbeständen festgestellt (eine Mast-, eine Freiland- und eine Stallhaltung). In allen Fällen führten Bestandsräumungen zum Erlöschen der Ausbrüche.

BHV1-Infektion (Stand der Sanierung)

Nachdem Bayern und Thüringen bereits in den Jahren 2011 und 2014 als frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis anerkannt wurden, haben im Jahr 2015 die Länder Baden-Württemberg, Berlin, Brandenburg, Bremen, Hessen, Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, Sachsen und Sachsen-Anhalt diesen Status ebenfalls erlangt. Das Saarland, Rheinland-Pfalz sowie die drei nordrhein-westfälischen Regierungsbezirke Detmold, Arnsberg und Münster haben Anerkennungsäntrage nach Artikel 10 der Richtlinie 64/432/EWG gestellt. Die übrigen Länder haben inzwischen zur Spitzengruppe freier oder fast freier Bundesländer aufge-

schlossen. Der Prozentsatz BHV 1-freier Betriebe hat sich bundesweit von 97,5 % (2014) auf 98,9 % in 2015 erhöht.

Blauzungenkrankheit

Im Jahr 2015 wurden bei der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrags 3 368 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 im Jahr 2015 bei Wild- und Hausschweinen 106.593 Untersuchungen mit negativem Ergebnis durchgeführt.

Tollwut

Zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status gemäß den OIE-Kriterien wurden im Jahr 2015 bundesweit insgesamt 4 766 Tiere (davon 3 217 Füchse) mit negativem Ergebnis auf Tollwut (Rabies Virus, RABV) getestet. Darüber hinaus wurden 76 Fledermäuse untersucht, wobei in 13 Fällen Fledermaustollwut nachgewiesen werden konnte.

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 2015 17 812 Schafe und 1 573 Ziegen getestet. Es wurden elf Scrapie-Ausbrüche (zehn atypische und ein klassischer Fall) in sechs Bundesländern amtlich festgestellt.

Bovine Spongiforme Enzephalopathie beim Rind (BSE)

Basierend auf der Untersuchung von 214 319 Rindern gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurden im Jahr 2015 keine BSE-Fälle diagnostiziert.

Mit Inkrafttreten der Verordnung zur Änderung der TSE-Überwachungsverordnung und zur Aufhebung der BSE-Untersuchungsverordnung vom 21. April 2015 (BGBl. I S.615) am 28. April 2015 ist die verpflichtende systematische Untersuchung der über 96 Monate alten gesundgeschlachteten Rinder auf BSE entfallen.

Tuberkulose der Rinder

Im Vergleich zum Jahr 2014 mit 13 Fällen blieb die Zahl der Ausbrüche im Jahr 2015 mit 12 Meldungen in TSN in etwa auf dem Vorjahresniveau. Die Ausbruchsbestände befanden sich in Bayern (8), Niedersachsen (2), Baden-Württemberg (1) und Mecklenburg-Vorpommern (1). Siebenmal wurde *Mycobacterium (M.) caprae*, dreimal *M. bovis* nachgewiesen. In zwei Fällen erfolgte keine Differenzierung.

Für die drei Ausbrüche in Niedersachen und Mecklenburg-Vorpommern wurde ein epidemiologischer Zusammenhang nachgewiesen. Insgesamt wurden vier Ausbrüche im Zuge von Schlachttieruntersuchungen, drei bei der amtlichen Fleischuntersuchung, drei bei Kontaktuntersuchungen, ein Ausbruch auf Grund klinischer Symptome und einer bei einer nicht näher definierten Pflichtuntersuchung entdeckt.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,007 %. 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 %.

Ansteckende Blutarmut der Einhufer

Im Jahr 2015 wurden fünf Fälle von ansteckender Blutarmut festgestellt. Ein Ausbruchsbestand befand sich im Freistaat Sachsen und steht im

Zusammenhang mit dem Ausbruchsgeschehen aus dem Vorjahr. Vier weitere Ausbrüche ereigneten sich in Bayern. Für zwei Ausbrüche konnte ein epidemiologischer Zusammenhang gezeigt werden.

Rotz

Bei einem Sportpferd wurde im Rahmen einer Exportuntersuchung im Dezember 2014 ein positives Ergebnis für Rotz in der Komplement-bindungsreaktion (KBR) festgestellt. Der vorliegende Fall von Rotz stellt das erste (Wieder-) Auftreten der Erkrankung in der heimi-schen Equidenpopulation seit 1955 dar. Die epidemio-logischen Untersuchungen sowie ein risikobasiertes Monitoring wurden im Jahr 2015 mit negativem Ergebnis abgeschlossen und der Ausbruch für erloschen erklärt.

Tabelle 1: Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen in den Jahren 2006 - 2015 gemäß TSN (Stand: 16.06.2016)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Affenpocken	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Amerikanische Faulbrut	174	257	150	164	193	206	268	229	271	154
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	7	2	10	5	27	5	12	-	2	5
Ansteckende Schweinelähmung (Teschener Krankheit)*	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Aujeszkysche Krankheit**	-	-	-	4	3	-	-	-	1	3
Blauzungenkrankheit	890	20 812	5 124	145	-	-	-	-	-	-
Bovine Herpesvirus Typ-1-Infektion (alle Formen)	31	32	25	42	40	31	26	14	19	22
Bovine Virus Diarrhoe	1 576	1 342	1 317	1 584	5 374	8 568	4 391	2 163	1 050	530
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	2	-	6	3	-	1	-	-	-	4
Enzootische Leukose der Rinder	12	9	7	4	1	2	3	2	-	-
Geflügelpest (HPAI)	336	332	33	7	-	-	-		3	4
Infektiöse Hämatopoetische Nekrose der Salmoniden	12	6	6	6	5	9	6	5	16	21
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	49	230	173	109	111	76	73	70	49	67
Milzbrand	-	-	-	2	-	-	1	-	1	-
Newcastle Krankheit	-	-	1	-	2	-	-	-	-	-
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel					3	23	3	10	2	3
Rauschbrand	48	23	34	14	22	13	10	6	6	-
Salmonellose der Rinder	122	101	123	84	98	111	102	77	70	66
Klassische Schweinepest	52	11	-	52	-	-	-	-	-	-
Tollwut	12	6	11	5	6	11	14	10	7	13
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)	39	20	9	14	13	19	8	7	13	11
Tuberkulose der Rinder (*Mykobakterium bovis* und *Mykobakterium caprae*)	5	12	23	23	11	5	23	46	13	12
Vibrionenseuche der Rinder	6	7	9	6	-	1	3	3	2	2
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	33	28	32	36	24	22	12	12	19	24

*nicht mehr anzeigepflichtig seit 19.07.2011

**gemeldete Fälle genügen aufgrund der Wildtier-assoziation nicht der Falldefinition

Tabelle 2: Monatliche Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen im Jahr 2015 gemäß TSN (Stand: 16.06.2016)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Ges
Amerikanische Faulbrut	4		13	21	35	26	12	16	18	4	5		**154**
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	1						1	3					**5**
Aujeszkysche Krankheit	1											2	**3**
Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)		11	5	2	1	1					1	1	**22**
Bovine Virus Diarrhoe	56	52	58	49	47	57	57	37	27	31	30	29	**530**
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	1	1	2										**4**
Geflügelpest	3						1						**4**
Infektiöse Hämatopoetische Nekrose der Salmoniden					3	4	2	2	5	4	1		**21**
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen		1	1			4	23	20	16	2			**67**
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel			1			1						1	**3**
Rauschbrand							1		2				**3**
Rotz	1												**1**
Salmonellose der Rinder	6	2	4	3	5	4	6	8	8	9	5	6	**66**
Tollwut					2	1	4	3	2	1			**13**
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)		1	2	2		1	1	1	1	1	1		**11**
Tuberkulose der Rinder (*Mykobakterium bovis* und *Mykobakterium caprae*)	1	3	2	1				1		1	2	1	**12**
Vibrionenseuche der Rinder (*C fetus*)					1			1					**2**
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	1	2		4	4	3	1		1	2	5	1	**24**

Meldepflichtige Tierkrankheiten

Einführung

Gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (Verkündigungsstand 31. August 2015) unterlag im Jahr 2015 der diagnostische Nachweis von 23 Tierkrankheiten durch die untersuchenden Einrichtungen der Meldepflicht. Lediglich für die transmissible virale Gastroenteritis des Schweines wurden keine Nachweise gemeldet.

Tabelle 3: Zusammenfassende Darstellung der meldepflichtigen Tierkrankheiten seit 2011 gemäß TSN (Stand: 16.06.2016)

Meldepflichtige Tierkrankheit	2011	2012	2013	2014	2015
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	12	7	15	24	15
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	263	315	548	678	882
Chlamydiose	182	243	290	289	233
Echinokokkose	853	379	370	168	280
Equine Virus-Arteritis	8	5	6	7	17
Gumboro Krankheit	1	5	9	1	6
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	12	25	14	16	23
Leptospirose	59	90	83	88	106
Listeriose (Listeria monocytogenes)	148	198	165	141	215
Maedi/Visna	49	40	23	32	48
Mareksche Krankheit (akute Form)	52	58	46	55	93
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	2	3	1	-	10
Paratuberkulose	482	468	499	515	563
Q-Fieber	176	246	205	291	309
Salmonellose (Salmonella spp außer Rind)	1 004	1 189	1 132	1 265	1 600
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	0	3	4	21	29
Schmallenberg-Virus-Infektion*	8	2052	436	51	74
Toxoplasmose	30	42	18	27	17
Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines	5	1	0	1	0
Tuberkulose ausgenommen *Mycobacterium bovis* und *Mycobacterium caprae* bei Rindern	101	88	81	126	86
Tularämie	11	20	30	70	75
Verotoxin (=Shiga-Toxin)-bildende Escherichia coli	26	21	44	33	61
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	10	2	12	1	15

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

Tabelle 4: Mitteilungen zu den meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2015 gemäß TSN (Stand: 16.06.2016)

Meldepflichtige Tierkrankheit	Einhufer	Rinder	Schweine	Schafe	Ziegen	Hunde	Katzen	Hasen	Puten	Gänse	Enten	Hühner	Tauben	Andere
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	15	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	0
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	*	47	*	12	3	560	129	*	3	7	6	66	0	49
Chlamydiose (Chlamydophila spp)		121		28	3				0	1	2	15	17	43
Echinokokkose	1	0	0	0	0	5	0	0	*	*	*	*	*	274
Equine Virus-Arteritis	17	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	0
Gumboro Krankheit	*	*	*	*	*	*	*	*	0	*	*	6	*	0
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	22	*	1
Leptospirose	*	*	82	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	3
Listeriose (Listeria monocytogenes)	0	86	0	51	25	0	0	2	0	0	0	20	0	32
Maedi/Visna	*	*	*	43	4	*	*	*	*	*	*	*	*	1
Mareksche Krankheit (akute Form)	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	91	*	2
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	10
Paratuberkulose	*	536	*	11	14	*	*	*	*	*	*	*	*	2
Q-Fieber	*	291	*	16	2	*	*	*	*	*	*	*	*	0
Salmonellose (Salmonella spp außer Rind)	32	*	800	39	4	208	57	1	7	8	15	144	81	204
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	1	0	0	*	0	*	26	0	*	*	*	*	*	2
Schmallenberg-Virus-Infektion	*	64	*	10	0	*	*	*	*	*	*	*	*	0
Toxoplasmose	0	0	0	5	1	*	5	1	*	*	*	*	*	5
Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines	*	*	0	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	0
Tuberkulose ausgenommen M bovis	0	1	5	0	1	0	0	0	0	0	5	30	4	40
Tularämie	*	*	*	*	*	*	*	71	*	*	*	*	*	4
Verotoxin-bildende Escherichia coli	0	7	48	2	2	1	0	0	*	*	*	*	*	1
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	*	*	*	*	*	*	*	*	0	0	0	11	1	3

* keine Meldepflicht gemäß Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten

Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten

1. Afrikanische Schweinepest – African Swine Fever

Blome, S., Beer, M., Homeier-Bachmann, 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 and the genus *Asfivirus*.

Asymptomatic sylvatic transmission cycles exist in Sub-Saharan Africa between soft ticks of the *Ornithodoros* genus and African wild suids (reservoir host). Once introduced in domestic pigs (and wild boar populations), disease transmission occurs mainly via direct contact between susceptible animals (independently from vector presence). The tick vector does not play a role in Central European settings.

In domestic pigs and wild boar, the virus causes a severe, multi-systemic disease with high mortality rates. The majority of current ASFV isolates is highly virulent and causes a severe, but non specific disease in domestic as well as in feral pigs of all ages.

Allgemeine Informationen

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

Eine wichtige Besonderheit dieses Virus ist, dass es das einzige bekannte ARBO (*arthropod-borne virus*) Virus mit DNA-Genom darstellt. Kompetente Vektoren sind Lederzecken der Gattung *Ornithodoros*, die insbesondere auf dem afrikanischen Kontinent und im Mittelmeerraum in den Übertragungszyklus der ASP eingebunden waren bzw. sind. In Deutschland spielen diese Zecken mit an Sicherheit grenzender Wahrscheinlichkeit keine Rolle. Andere Zeckenarten, insbesondere die heimischen Schildzecken, sind keine kompetenten Vektoren; eine mechanische Überträgerfunktion ist jedoch nicht vollkommen auszuschließen. Gleiches gilt für andere blutsaugende Arthropoden, aasfressende Vögel und Prädatoren.

Das Virus ist in der Hausschweinepopulation und in eurasischen Wildschweinen nicht auf die Vektorübertragung angewiesen. Der direkte Kontakt zu infizierten Schweinen und deren Produkten ist hier als Hauptübertragungsweg anzusehen, wobei der Mensch als Vektor ebenfalls eine wichtige Rolle spielt. 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 Transkaukasi-

schen Ländern, der Russischen Föderation, Polen und dem Baltikum sind bislang ausnahmslos hochvirulent 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, wobei es keine Hinweise darauf gibt, dass überlebende Tiere zwangsläufig zu Trägern werden.

Das Kardinalsymptom der Erkrankung liegt im englischen Namen *„African swine fever“*: sehr hohes Fieber, das nicht selten über 41 °C steigt. 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 in der Regel binnen zehn Tagen ein.

Antikörper wurden nach experimentellen Infektionen nur in sehr wenigen Fällen gefunden und besitzen keine neutralisierenden Eigenschaften.

Zu den pathologisch-anatomischen 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.

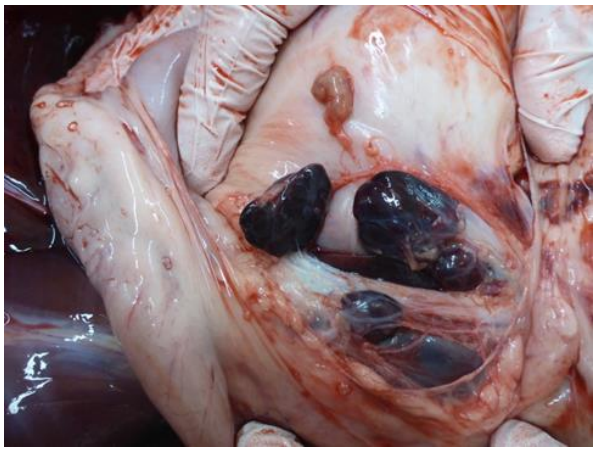


Abb. 1: Vergrößerte, hämorrhagische Lymphknoten im Bereich des Magens bei einem ASP-infizierten Tier

Labordiagnostische Untersuchungen

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

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

und auch Antikörper untersucht werden. Lagerungsstudien haben gezeigt, dass auch Organproben schlechter Qualität 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 (ELISA) und Genomdetektionsverfahren (PCR) 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 neben Jägern auch 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 154 affected apiaries in 2015, the number of outbreaks of American foulbrood (AFB) in Germany was below the average over the past 20 years (ø = 284). 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 2015 mit 154 betroffenen Bienenständen deutlich unter dem Durchschnitt der letzten 20 Jahre (ø = 284; die Daten sind ab 1995 in 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 Nationale Referenzlabor (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“ der OIE aufgeführt.

Statistische Angaben

In Deutschland werden von ca. 115 000 Imkern ca. 800 000 Bienenvölker gehalten. Die meisten Imker betreiben die Bienenzucht als Hobby oder im Nebenerwerb, nur sehr wenige sind Berufsimker.

Die meisten AFB-Ausbrüche wurden 2015 in Bayern mit 27 Meldungen sowie in Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen mit je 23 AFB-Ausbrüchen festgestellt. 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 3 der Verordnung vom 3. Mai 2016 (BGBl. I S. 1057) geändert worden ist. Die AFB wird nach den Bestimmungen der Bienenseuchen-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 3. November 2004 (BGBI. 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, milchkaffeebraun verfärbte, fadenziehende Masse vorgefunden oder der Zellinhalt ist zu einem fest an der Zellwand haftenden Faulbrut-Schorf eingetrocknet.

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen in Deutschland seit 1995 (TSN; Stichtag: 29.07.2016)

Jahr	Bienenstände	Jahr	Bienenstände
1995	264	2006	174
1996	290	2007	257
1997	483	2008	150
1998	480	2009	164
1999	419	2010	193
2000	445	2011	207
2001	287	2012	268
2002	398	2013	229
2003	268	2014	266
2004	260	2015	154
2005	309		

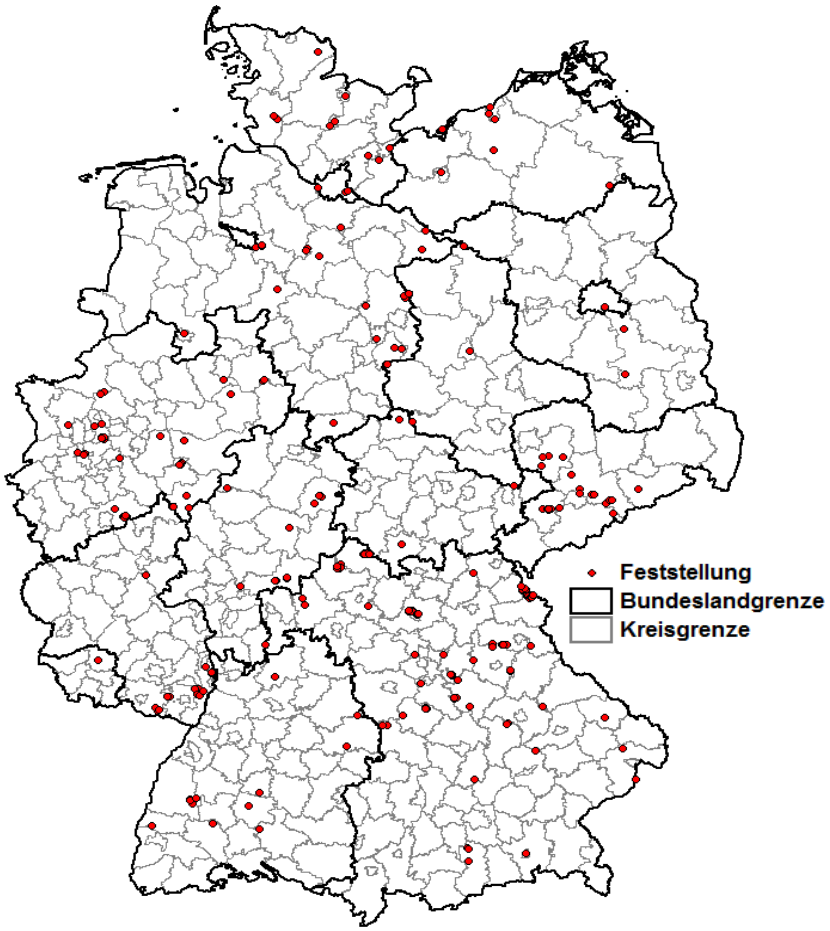


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2015 angezeigten Neuausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen (TSN; Stichtag: 29.07.2016)

3. Aujeszkysche Krankheit – Aujeszky's Disease (Pseudorabies)

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

Summary

Germany has been officially recognized as being free from terrestrial Aujeszky's disease (AD, pseudorabies) since 2003. In 2015, no case of Aujeszky's disease (AD, pseudorabies) was reported in domestic pigs in Germany. However, in January and December 2015, laboratory diagnosis of pseudorabies was confirmed in three dogs in the cities of Lückenburg, Rhineland-Palatinate, Groß Stieten, Mecklenburg-Western Pomerania, and Essing, Bavaria. Epidemiological tracing back and molecular characterization of the PRV strains revealed contact to wild boar as the source of infection. Although having an officially AD-free status in the domestic pig population since 2003, in Germany, like in many other European countries, highly adapted PRV variants are circulating in the wild boar population. In the course of the nationwide targeted serological monitoring on PRV in wild boar, in 2015, a total of 23 893 wild boar sera from 14 federal states were tested for the presence of PRV-specific antibodies using commercial ELISA tests, of which 2 972 tested positive.

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

Zusammenfassung

Deutschland ist seit dem Jahr 2003 offiziell anerkannt frei von Aujeszkyscher Krankheit (AK). Im Jahr 2015 wurde kein Fall von Aujeszkyscher Krankheit (AK) bei Hausschweinen in Deutschland nachgewiesen. Dennoch wurden im Januar und Dezember 2015 drei Fälle von AK bei Hunden aus den Städten Lückenburg in Rheinland-Pfalz, Groß Stieten in Mecklenburg-Vorpommern und Essing in Bayern labordiagnostisch bestätigt und amtlich festgestellt. Epidemiologische Nachfolgeuntersuchungen sowie molekularbiologische Charakterisierung der Virusisolate ergaben Kontakt zu Schwarzwild als die Infektionsquelle. Trotz des AK-freien Status in Hausschweinebeständen, zirkulieren in Deutschland, wie in anderen europäischen Ländern auch, hochadaptierte PRV Varianten in Schwarzwildpopulationen. Im Rahmen des bundesweiten serologischen Monitorings der Schwarzwildpopulationen auf AK-spezifische Antikörper wurden im Jahr 2015 insgesamt 23 893 Schwarzwildseren aus 14 Bundesländern auf das Vorhandensein von spezifischen Antikörpern mit kommerziellen ELISA-Tests getestet, von denen 2 972 positiv reagierten. 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 der AK-Schutzverordnung 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

In 2015, brucellosis outbreaks were notified in organic pig farms in Baden-Wuerttemberg (2), Bavaria (1), and North Rhine-Westphalia (1). The outbreaks were detected by serological methods and proved by isolation of the bacterium *Brucella suis biovar 2* or/and epidemiological investigations. Finally, in all cases, the source of infection could be traced back to animals delivered from an outdoor pig farm in Mecklenburg-Western Pomerania, which, in 2014, had been subject to a brucellosis outbreak.

Zusammenfassung

Im Jahr 2015 wurden Brucelloseausbrüche in Bioschweinehaltungen in Baden-Württemberg (2), Bayern (1) und Nordrhein-Westfalen (1) angezeigt. Die Ausbrüche wurden mittels serologischer Methoden (alle) und Anzuchtverfahren (Baden-Württemberg) bzw. epidemiologischer Untersuchungen (alle) festgestellt. Die Ursache für alle Ausbrüche war der Zukauf von Mastläufern aus einem Betrieb in Mecklenburg-Vorpommern, bei dem in 2014 Brucellose festgestellt worden war.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Brucellose werden in den Untersuchungsämtern bzw. vergleichbaren Einrichtungen der Bundesländer durchgeführt. Das Nationale Referenzlabor (NRL) wird in diesem Zusammenhang nur bei sog. nichtnegativen 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“ der OIE aufgeführt. Darauf wird in den verschiedenen geltenden Verordnungen und Richtlinien Bezug genommen.

Baden-Württemberg: Nach serologisch positiven Ergebnissen wurden die betroffenen Tiere diagnostisch getötet und kulturell auf Brucellose untersucht. Die gewonnenen Isolate wurden am NRL als *Brucella suis Biovar 2* identifiziert. Der erste Ausbruch wurde am 28.01.2015 angezeigt. Es stellte sich heraus, dass die betroffenen Tiere aus einem Ausbruchsbestand in Mecklenburg-Vorpommern stammten. Es wurde ein weiterer Bestand identifiziert, der solche Tiere gekauft hatte. Auch hier wurden serologische Untersuchungen an diesen Tieren durchgeführt und positiv befundet. Eine Erregeranzucht ergab ebenfalls *Brucella suis Biovar 2*. Die Ausbruchsanzeige erfolgte am 23.02.2015.

Bayern: Auch in Bayern wurde ein Bestand identifiziert, der Tiere aus dem ursprünglichen Ausbruchsbestand in Mecklenburg-Vorpommern aufgenommen hatte. Auch diese Tiere wurden serologisch positiv auf Brucellose getestet. Basierend auf diesen Ergebnissen und dem epidemiologischen Zusammenhang wurde der Brucelloseausbruch am 26.02.2015 angezeigt. Eine Erregeranzucht gelang nicht.

Nordrhein-Westfalen: Wie in Bayern wurde ein Bestand gefunden, der Tiere aus dem Ausbruchsbestand in Mecklenburg-Vorpommern gekauft hatte. Diese Tiere wurden mit positivem serologischen Ergebnis getestet. Die Ausbruchsanzeige erfolgte am 06.03.2015.

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. Die Überwachungsuntersuchungen bei Schafen und Ziegen werden nach einem speziellen Probenschlüssel für jedes Bundesland stichprobenartig durchgeführt. Es wurden im Jahr 2015 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 Einstallung in Besamungsstationen serologisch auf Brucellose untersucht. In Mecklenburg-Vorpommern existiert für Freilandhaltungen ein spezielles Überwachungsprogramm, wonach diese Bestände turnusmäßig serologisch untersucht werden.

Alle durch Anzucht bestätigten Brucelloseausbrüche in den Jahren 2003 bis 2014 waren in Schweinefreilandhaltungen zu verzeichnen. Die vier Ausbrüche in 2015 konnten zweifelsfrei auf den Zukauf von Tieren aus einem Ausbruchsbestand (Freilandhaltung) in Mecklenburg-Vorpommern zurückgeführt werden (siehe epidemiologische Untersuchungen).

Epidemiologische Untersuchungen

Die Ausbruchisolate aus dem Jahr 2015 wurden molekularbiologisch mit dem Isolat aus dem Ausbruch 2014 verglichen. Mittels MLVA (Multiple Locus Variable number of tandem repeat Analysis) wurden für alle Isolate identische Genotypen festgestellt. Damit wurde bewiesen, dass die aus dem Ausbruchsbestand weiterverkauften Tiere die Träger des Infektionserregers waren. Bei diesen Tieren handelte es sich um Schweine, die, weil sie jünger als vier Monate waren, nach Brucelloseverordnung im Falle eines Ausbruchs, im Gegensatz zu allen anderen Tieren des Bestandes, nicht serologisch auf Brucellose untersucht werden mussten. Diese Bestimmung beruht auf dem Hintergrund, dass bei Schweinen dieses Alters eine serologische Befundung nicht möglich ist, da ein positives Ergebnis auf dem Vorhandensein maternaler Antikörper, ein negatives Ergebnis hingegen auf einer noch nicht erfolgten Immunantwort beruhen könnte. Trotzdem können diese Tiere Träger der Infektion sein.

Forschung

Als Nationales Referenzlabor (NRL) ist die Entwicklung und Implementierung von diagnostischen Testmethoden ein wichtiger Bestandteil der Forschungsarbeit. So wurde eine real-time PCR Methode entwickelt, die nach entsprechender Validierung auch hinsichtlich der Sensitivität geeignet ist, *Brucella suis*-spezifische DNA aus verschiedenen nativen Probenmaterialien nachzuweisen (Hänsel et al., 2015).

Da die serologische Brucellosediagnostik durch das Auftreten falsch positiver Reaktionen eingeschränkt ist, wurden am NRL wissenschaftliche Untersuchungen zu immunodominanten Proteinen des Brucellaproteoms durchgeführt und publiziert (Wareth et al., 2015).

Staatliche Maßnahmen

Die Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen ist gemäß der entsprechenden Verordnung eine anzeigepflichtige Tierseuche. Ein Ausbruch der Seuche liegt vor, wenn diese durch bakteriologische oder serologische Untersuchungsverfahren festgestellt worden ist. Die Brucellose wird nach den Bestimmungen der Brucellose-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 20. Dezember 2005 (BGBI. 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: 02.05.2016)

Jahr	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Brucellose beim Schwein	0	1	0	1	0	6	1	0	1	0	0	1	4

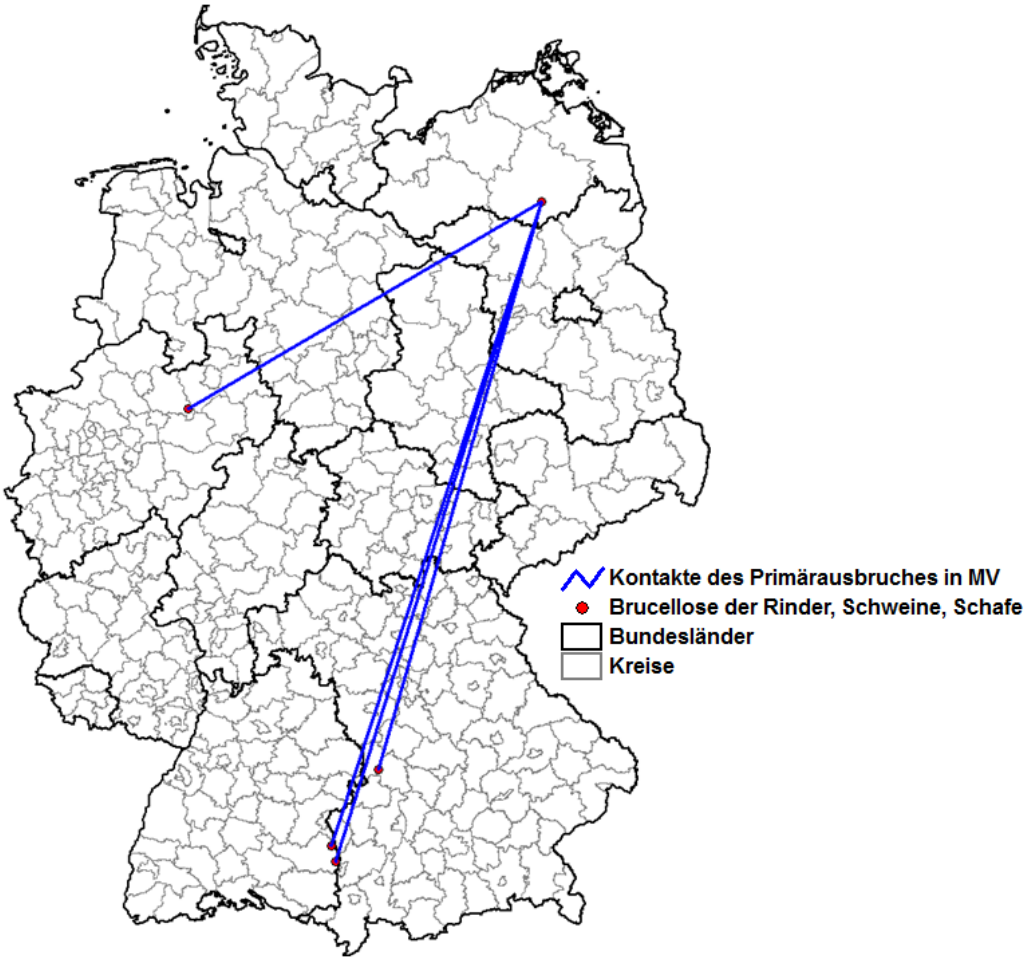


Abb. 1: Brucelloseausbrüche 2014 (1) und 2015 (4)

5. Geflügelpest - Avian Influenza

Harder, T.

Summary

Infections with highly pathogenic avian influenza viruses (HPAIV) of subtype H5N8 occurred in two poultry holdings and one zoo in Germany in 2015. In addition, and at the same time, four wild birds (mallards and a great black-backed gull) were found to be HPAIV H5N8-infected. A holding of laying hens was affected by HPAIV H7N7 that had arisen by spontaneous mutations from a precursor virus of low pathogenicity (LPAIV), which was also detected on a neighboring holding. Notifiable LPAIV infections were detected in one (subtype H5) and two (subtype H7) poultry holdings. In all cases, restriction measures were sufficient to confine notifiable AIV outbreaks at their index holdings. Similar to previous years, a high incidence of non-notifiable AIV infections of subtype H9N2 was observed in turkey holdings particularly in the Federal State of Lower Saxony. Incursions with other non-notifiable subtypes of AIV were detected at four other poultry holdings.

A total of 69 out of 7 851 samples (0.9%) obtained from wild birds tested positive for AIV, most of them were collected during active monitoring. Low pathogenic viruses of subtype H5 were detected in five cases.

Zusammenfassung

Infektionen mit hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV) des Subtyps H5N8 wurden in Deutschland als Fortsetzung des Infektionsgeschehens 2014 in zwei Geflügelkleinbeständen sowie einem Zoo in Mecklenburg-Vorpommern im Januar und Februar 2015 nachgewiesen; die Ausbrüche konnten in den Indexbeständen eradiziert werden. Weiterhin gab es im Juli einen isolierten Fall hochpathogener H7N7 Infektion in einem Legehennenbestand in Niedersachsen. Anzeigepflichtige Infektionen mit aviären Influenzaviren niedriger Pathogenität des Subtyps H5 bzw. H7 wurden in einer bzw. zwei Geflügelhaltungen in Bayern bzw. Niedersachsen detektiert und durch Bestandsräumungen eradiziert. Infektionen mit H9N2 Viren, die weder anzeige- noch meldepflichtig sind, traten wie in den Vorjahren verbreitet vor allem in Putenbeständen Niedersachsens auf. Weitere vier Geflügelbestände waren von nicht-anzeigepflichtigen Infektionen mit anderen Subtypen aviärer Influenzaviren betroffen.

Insgesamt 69 von 7 851 getesteten von Wildvögeln stammenden Proben (0,9 %) wurden positiv für AIV befundet. Die Mehrzahl der Nachweise stammt aus der Untersuchung lebender Wildvögel (aktives Monitoring). Niedrigpathogenes Virus des Subtyps H5 wurde in fünf Wildvögeln nachgewiesen. Hochpathogenes AIV des Subtyps H5N8 wurde in vier Wildvögeln zu Jahresbeginn detektiert.

Nachweis hochpathogener aviärer Influenza (HPAI) in Deutschland, 2015

In zwei eng benachbarten Geflügelkleinhaltungen und einem Zoo in Mecklenburg-Vorpommern wurde 2015 hochpathogenes aviäres Influenzavirus (HPAIV) des Subtyps H5N8, Klade 2.3.4.4, nachgewiesen. Es handelt sich um ein fortgesetztes Vorkommen der im Spätherbst des Vorjahres erstmals in Europa nachgewiesenen HPAI Viren des Subtyps H5N8, die eine enge Verwandtschaft mit zuvor in Südkorea und Japan detektierten HPAIV H5N8 aufwiesen. 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. Im betroffenen Zoo wurde auf eine vollständige

Bestandsräumung verzichtet und stattdessen ein striktes Regime der Quarantänisierung nicht betroffener Gehege umgesetzt. Eine direkte Eintragsquelle konnte in keinem der Fälle identifiziert werden. Eintragsrouten über kontaminiertes Futter, Wasser etc. konnten jedoch ausgeschlossen werden. Das zeitgleiche Auftreten von HPAIV H5N8 in vereinzelten Wildvögeln in Deutschland erhärtet den Verdacht einer indirekten Viruseinschleppung durch infizierte Wildvögel in die Ausbruchsbestände (Globig et al., 2016).

Im Juli wurde in Niedersachsen ein Ausbruch von HPAIV H7N7 in einem Legehennenbestand registriert; auch in diesem Fall führte die frühzeitige Erkennung infolge vermehrter Todesfälle der infizierten Tiere und die umgehend ergriffenen Restriktionsmaßnahmen zur Verhinderung der Ausbreitung dieses Virus. Molekularvirologische Untersuchungen belegten eine sehr nahe Verwandtschaft dieses Virus zu einem niedrigpathogenen aviären Influenzavirus (low pathogenic avian influenza virus, LPAIV) desselben Subtyps, das wenige Wochen zuvor in einem Nachbarbestand aufgetreten war (s.u.). Zeitgleich wurden LPAI und HPAI dieses Subtyps im HPAI Ausbruchsbestand nachgewiesen. Insofern scheint sich das HPAI Virus erst durch spontane Mutation in dem betroffenen Bestand aus dem LPAI Vorläufervirus entwickelt zu haben. Ein sehr ähnlich gelagerter Fall trat nahezu zeitgleich auch im Vereinigten Königreich (UK) auf. Allerdings unterscheidet sich das UK Virus eindeutig von dem niedersächsischen, so dass hier ein epidemiologischer Zusammenhang ausgeschlossen ist.

LPAI Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2015

Infektionen mit LPAIV des Subtyps H5 wurden bei gehaltenen Vögeln in Deutschland 2015 in Gänsen einer gemischten Geflügelhaltung in Bayern nachgewiesen (Tabelle 1). Die Bestandsräumung führte zum Erlöschen der Ausbrüche, sekundäre Ausbrüche wurden nicht verzeichnet. Weiterhin gab es zwei LPAI H7N7 Infektionen in Geflügelbeständen. Zum einen war eine Putenmasthaltung betroffen, zum anderen eine Freilandhaltung von Legehennen, beide in Niedersachsen ansässig. Die initialen Eintragsquellen dieser Infektionen, zwischen denen keinerlei epidemiologischer Zusammenhang bestand, konnten nicht ermittelt werden. In einer in unmittelbarer Nähe der Legehennenfreilandhaltung gelegenen Stallhaltung von Legehennen brachen wenige Wochen nach dem LPAIV H7N7 Nachweis HPAIV Infektionen mit AIV desselben Subtyps aus (s.o.). Ein epidemiologischer Zusammenhang dieser beiden Ausbrüche liegt nahe, jedoch erbrachten auch intensive epidemiologische Untersuchungen keine Hinweise auf plausible Übertragungswege zwischen den Beständen.

Neben diesen anzeigepflichtigen Infektionen wurden weitere Fälle von AI-Infektionen bei gehaltenen Vögeln detektiert (Tabelle 2). 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 bleibt die hohe Inzidenz von H9N2 Infektionen in Putenbeständen, vor allem in Niedersachsen. Bereits seit 2013 wurden H9N2 Infektionen in dieser Region beobachtet. Gesicherte epidemiologische Daten zu den H9N2 Ausbrüchen konnten nicht erhoben werden, da weder Anzeige- noch Meldepflicht für diese Infektionen bestehen. Auf Antrag genehmigt das Land Niedersachsen Impfungen mit bestandseigenen (autogenen) H9N2 Impfstoffen. Im Antragsverfahren fällt dem Nationalen Referenzlabor (NRL) für Aviäre Influenza 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.
Das serologische bundesweite Monitoring von 704 (Vorjahr: 699) Geflügelbeständen (Tabelle 3) ergab in mehreren Fällen (n = 41) Hinweise auf bestehende bzw. abgelaufene AI-Infektionen. Nur in einem Fall lag ein H5-seropositiver Befund vor, der in der epidemiologischen Nachverfolgung allerdings zur Identifizierung eines gemischten Gänsebestandes mit einer aktiven LPAI H5N2 Infektion führte. Die Mehrzahl seropositiver Befunde ergab sich durch Putenbestände mit (abgelaufenen?) H9N2 Infektionen in Niedersachsen. Der Wert des Seromonitorings 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, 2015
AIV werden in Deutschland regelmäßig in Wildvögeln, die am bzw. auf dem Wasser leben (Gänsevögel, Regenpfeiferartige, Lappentaucherartige und Schreitvögel), nachgewiesen. Dies umfasst auch niedrigpathogene Viren der Subtypen H5 und H7. Im Jahr 2015 wurden in Deutschland 7 851 Wildvögel (Vorjahr: 6 216) auf AIV Infektionen untersucht (Tabelle 3). Gegenüber dem Vorjahr sind die Untersuchungszahlen weiter gestiegen (+ 26 %); 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 2014 zurückzuführen. Kofinanzierungsfähig durch die EU sind allerdings nur Untersuchungen im Rahmen der passiven Surveillance. Diese belaufen sich auf 1 718 Proben (Tabelle 4A; Anstieg um 20 % gegenüber dem Vorjahr) und machen damit 21,9 % des Gesamtuntersuchungsgutes aus (Vorjahr: 23 %). Die Probennahmen erfolgten vor allem zu Beginn des Jahres, als HPAIV H5N8 in Wildvögeln nachweisbar war (Tabelle 4B).
Aus Tabelle 4C 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, einen großen Teil ein. In den Tabellen sind auch 289 Proben von Sentinelenten der Station auf der Insel Koos (Greifswalder Bodden) enthalten, die im Rahmen eines FLI-Projektes entnommen wurden.

AIV Nachweise (insgesamt 69 im NRL nachuntersucht; 79 AIV positive Proben in der AI-DB ausgewiesen, Vorjahr: 83; Tabelle 5) stammen überwiegend von Gänsen und Enten. Der Anteil AIV positiv getesteter Wildvögel an der Gesamtzahl untersuchter Wildvogelproben beträgt 0,88 % bzw. 1 % (im NRL nachuntersuchte Proben vs. Gesamtzahl AIV positiv getesteter Proben in der AI-DB) und liegt damit im Bereich der in den Vorjahren erzielten Werte (2014: 1,3 %). Diese Werte entsprechen den langjährigen Mitteln der Inzidenz von AIV Infektionen bei Wildvögeln in Mitteleuropa. Die Mehrzahl der Nachweise ist auf Proben zurückzuführen, die dem aktiven Monitoring entstammen. In der Sentinelanlage des FLI im Greifswalder Bodden konnten in 19 von 289 untersuchten Tupferproben AIV detektiert werden, darunter die Subtypen H4N6, H6N8 und H8N4.

Das Spektrum subtypspezifisch charakterisierter positiver Proben weist für 2015 fünf Nachweise niedrigpathogener H5 Viren aus (Tabelle 5). Weiterhin konnte zeitgleich mit den HPAIV H5N8 Ausbrüchen in Geflügelbeständen auch in drei Stock-

enten und einer Mantelmöwe 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 Wildgänsen und -enten her und zeigt ein Spektrum von Subtypen, die häufig in Mitteleuropa bei Wildenten anzutreffen sind (insbesondere H4, H5, H6). Die Zahl der AIV positiven Proben, die trotz niedriger Viruslasten hinsichtlich des H und N Subtyps charakterisiert werden konnten, ist gegenüber den Vorjahren gestiegen. Dies ist auf den vermehrten Einsatz einer am FLI neu entwickelten diagnostischen Methode, dem PCR-Array, zurückzuführen (Hoffman et al., zur Publikation eingereicht). Hiermit können Subtypen durch real time RT-PCR mit sehr hoher Sensitivität bestimmt werden, so dass die weniger sensitive Nukleotidsequenzierung nur noch in wenigen Fällen zum Einsatz kommen muss.

Literaturhinweise

- Conraths FJ, Sauter-Louis C, Globig A, Dietze K, Pannwitz G, Albrecht K, Höreth-Böntgen D, Beer M, Staubach C, Homeier-Bachmann T. Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 in Germany: Outbreak Investigations. Transbound Emerg Dis. 2016, 63: 10-3.

- Globig A, Starick E, Homeier T, Pohlmann A, Grund C, Wolf P, Zimmermann A, Wolf C, Heim D, Schlößer H, Zander S, Beer M, Conraths FJ, Harder TC. Epidemiological and Molecular Analysis of an Outbreak of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 clade 2.3.4.4 in a German Zoo: Effective Disease Control with Minimal Culling. Transbound Emerg Dis. 2016, e-pub ahead of print.

- Harder T, Maurer-Stroh S, Pohlmann A, Starick E, Höreth-Böntgen D, Albrecht K, Pannwitz G, Teifke J, Gunalan V, Lee RTC, Sauter-Louis C, Homeier T, Staubach C, Wolf C , Strebelow G, Höper D, Grund C, Conraths FJ, Mettenleiter TC, Beer M. Korean-like H5N8 influenza virus causing highly pathogenic avian influenza in Germany. Emerg. Infect. Dis. 2015, 21: 860-3.

- Hoffmann B, Hoffmann D, Henritzi D, Beer M, Harder TC. Riems Influenza A typing Array (RITA): An RT-qPCR based low density array for subtyping avian and mammalian influenza A viruses. Eingereicht zur Publikation.

Tabelle 1: Anzeigepflichtige AI Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2015

Bundesland	Subtyp	Pathotyp	Spezies	Bestandsgröße	Nutzung
Niedersachsen	H7N7	LP	Pute	23.400	Mast
Niedersachsen	H7N7	LP	Legehennen	36.000	Freiland
Bayern	H5N2	LP	Gans	1.500 (Gans)	Gemischtbestand
Mecklenburg-Vorpommern	H5N8	HP	Zoovögel	500	Zoo
Mecklenburg-Vorpommern	H5N8	HP	Huhn	<100	Kleinhaltung
Mecklenburg-Vorpommern	H5N8	HP	Ente	<100	Kleinhaltung
Niedersachsen	H7N7	HP	Legehennen	10.000	Stallhaltung

Quelle: TSN

Tabelle 2: Nicht-anzeigepflichtige AI Infektionen bei gehaltenen Vögel in Deutschland, 2015

Bundesland	Subtyp	Spezies	Nutzung	Anzahl Ausbrüche
Niedersachsen	H6N5	Pute	Mast	1
Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, etc.?	H9N2	Pute, ?	k.A.	> 150
Nordrhein-Westfalen	H11N9	Enten	Ziervögel	1
Nordrhein-Westfalen	H6N2	Enten	Ziervögel	1

Tabelle 3: Umfang des Seromonitorings in Hausgeflügelbeständen in Deutschland, 2015

Bundesland	Geflügelkategorie								Gesamt	
	Wasser-geflügel		Huhn		Pute		Andere			
	Soll	Ist	Soll	Ist	Soll	Ist	Soll	Ist	Soll	Ist
Brandenburg	16	32	5	5	10	7	3	3	34	47
Berlin	0	0	0	0	0	0	2	0	2	0
Baden-Württemberg	17	19	3	3	10	5	2	3	32	30
Bayern	42	50	15	14	12	13	3	6	72	83
Bremen	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hessen	7	7	3	4	2	0	2	2	14	13
Hamburg	0	1	0	5	0	0	4	2	4	8
Mecklenburg-Vorpommern	16	28	15	44	5	2	3	3	39	77
Niedersachsen	80	104	60	71	40	54	3	5	183	234
Nordrhein-Westfalen	36	26	18	22	20	16	3	1	77	65
Rheinland-Pfalz	4	2	3	4	1	1	2	0	10	7
Schleswig-Holstein	15	13	3	7	1	1	2	1	21	22
Saarland	0	1	0	1	0	0	0	1	0	3
Sachsen	22	30	5	5	2	5	2	2	31	42
Sachsen-Anhalt	20	14	15	20	15	20	2	2	52	56
Thüringen	8	7	5	3	2	5	2	2	17	17
Gesamt	**283**	**334**	**150**	**208**	**120**	**129**	**35**	**33**	**588**	**704**

Tabelle 4: Untersuchungsumfang in Bezug auf aviäre Influenzaviren bei Wildvögeln in den Bundesländern Deutschlands, 2015

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[a]	Gesamt Aktiv[b]	Gesamt total
Brandenburg	77	0	229	9	12	2	0	88	241	329
Berlin	32	0	0	0	0	0	0	32	0	32
Baden-Württemberg	99	38	100	7	791	2	1	147	891	1 038
Bayern	68	7	627	5	15	6	0	86	642	728
Bremen	4	0	44	0	0	0	0	4	44	48
Hessen	350	0	34	0	972	0	0	350	1 006	1 352
Hamburg	36	11	4	0	0	0	0	47	4	51
Mecklenburg-Vorpommern	154	6	162	2	1 232	0	0	162	1 394	1 556
Niedersachsen	91	4	297	9	438	1	0	105	735	840
Nordrhein-Westfalen	74	107	46	0	129	1	0	182	175	357
Rheinland-Pfalz	37	3	9	0	463	0	1	41	472	508
Schleswig-Holstein	67	0	0	0	265	0	0	67	265	332
Saarland	6	0	0	0	4	0	0	6	4	10
Sachsen	264	0	0	0	0	0	0	264	0	264
Sachsen-Anhalt	18	7	104	0	0	0	2	27	104	131
Thüringen	113	2	152	1	6	0	1	117	158	275
Gesamt	**1 490**	**185**	**1 808**	**33**	**4 327**	**12**	**5**	**1 722**	**6 135**	**7 860**

[a]-*Summe der im Rahmen passiver Surveillance untersuchten Vögel (Summe „frisch tot, länger tot, krank, krank erlegt, tot/Tierfraß, tot/skelettiert“)*

[b]-*Summe der im Rahmen aktiver (nicht EU-kofinanzierter) Surveillance untersuchten Vögel („Summe erlegt, lebend“)*

Quelle: AI-DB, FLI, Institut für Epidemiologie

B. Zeitpunkt der Probennahme

Bundesland	Untersuchungsmonat												Gesamt
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
Brandenburg	36	20	5	11	13	7	4	5	140	26	36	26	**329**
Berlin	0	1	5	6	1	2	0	9	6	1	1	0	**32**
Baden-Württemberg	110	173	88	70	86	77	98	61	66	63	84	62	**1 038**
Bayern	220	21	79	2	3	17	2	4	4	58	157	161	**728**
Bremen	14	30	0	0	0	4	0	0	0	0	0	0	**48**
Hessen	82	95	117	66	102	135	193	123	132	113	105	89	**1 352**
Hamburg	10	1	0	2	3	4	3	7	9	5	5	2	**51**
Mecklenburg-Vorpommern	239	132	166	173	185	290	13	39	41	55	115	108	**1 556**
Niedersachsen	46	151	10	11	7	16	21	25	39	120	40	354	**840**
Nordrhein-Westfalen	51	117	35	17	8	8	55	20	6	20	15	5	**357**
Rheinland-Pfalz	133	91	85	115	3	2	0	0	28	16	19	16	**508**
Schleswig-Holstein	81	78	0	20	20	0	0	10	24	21	4	74	**332**
Saarland	6	0	0	0	0	2	1	0	1	0	0	0	**10**
Sachsen	84	15	23	14	9	12	18	24	25	12	16	12	**264**
Sachsen-Anhalt	118	5	1	0	0	0	3	2	2	0	0	0	**131**
Thüringen	42	50	35	27	3	8	1	8	50	26	10	15	**275**
Gesamt	**1 230**	**930**	**614**	**507**	**440**	**576**	**411**	**329**	**523**	**510**	**597**	**909**	**7 576**

C. Zeitpunkt der Probennahme

Befunde	Schwäne	Wildgänse	Wildenten	Greifvögel	Eulen	Watvögel	Seetaucher	Lappentaucher	Andere	Gesamt
Gesamt	**1 230**	**930**	**614**	**507**	**440**	**576**	**411**	**329**	**523**	**7 851**

Tabelle 5: AIV Subtypenspektrum bei Wildvögeln in Deutschland 2015

Typisierung			Vogelgruppe					Gesamt
HA	NA	Pathotyp	Schwan	Wildgans	Wildente	Watvögel	unbekannt	
H1	N1						1	1
	N2			**1**				**1**
H2	N3				1			1
	Nx						**1**	**1**
H3	Nx			1				1
H4	**N6**				**2**		**1**	**3**
H5	N1	**LP**		1	1			2
	N2	**LP**			1			**1**
	N3	**LP**	1				1	2
	N8	HP			**3**	**1**		**4**
H6	N2			1				1
	N5				**1**			**1**
	N8			3	3			6
H8	**N4**				**1**			**1**
H9	**N2**			**3**				**3**
H11	**N1**			**1**				**1**
	N3				**1**			**1**
	N9			**1**				**1**
	Nx			1			1	**2**
H13	**N8**						**1**	**1**
Hx	N1		1				2	**3**
	N3			**1**				**1**
	N7				1			**1**
	N8						**1**	**1**
	N9			1	1			**2**
Hx	**Ny**			**7**	**13**		**6**	**26**
Summe			**2**	**22**	**29**	**1**	**15**	**69**

x, y Subtyp konnte nicht bestimmt werden; LP „low pathogenicity“, niedrige Pathogenität; HP „high pathogenicity“, hohe Pathogenität

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 (93/197/EWG), testing of animals prior to import is based on complement fixation test (CFT; the method recommended by the OIE) to detect specific serum antibodies. 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*. Preliminary molecular investigations regarding the identification of potentially specific antigenic structures of *T. equiperdum* and *T. evansi* have been conducted at the national reference laboratory. Detection and isolation of the pathogen itself is rarely successful even during the acute stage of the disease.

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 sechs Monaten keine Beschälseuche aufgetreten ist. Letzteres gilt auch für die Herkunftsbetriebe von Equiden im Fall des innergemeinschaftlichen Verbringens. Im Rahmen unionsrechtlich vorgeschriebener Importuntersuchungen (93/197/EWG) muss ferner eine Untersuchung mittels Komplement-Bindungsreaktion (KBR; von der OIE empfohlene Methode) auf spezifische Serum-Antikörper erfolgen. Die enge Verwandtschaft des Erregers mit *T. evansi*, dem Erreger der „Surra" bei Kameliden sowie von Infektionen bei Equiden (mit Symptomen ähnlich der Beschälseuche) und anderen Tierarten, kann jedoch zu serologischen Kreuzreaktionen führen, da das für die KBR empfohlene Antigen aus einem Gesamtzell-Lysat von *T. equiperdum* besteht. Vorbereitende molekulare Untersuchungen zur Identifizierung potenziell spezifischer antigener Strukturen von *T. equiperdum* und *T. evansi* wurden am Nationalen Referenzlabor (NRL) durchgeführt. Ein direkter Nachweis und die Isolierung des Erregers ist sogar im akuten Stadium der Erkrankung nur selten erfolgreich.

Labordiagnostische Untersuchungen

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der Aktivitäten des NRLs aufgelistet.

Staatliche Maßnahmen

Equiden, bei welchen im Blutserum Antikörper gegen das *T. equiperdum*-Antigen nachgewiesen

werden, sind von der Zucht ausgeschlossen und werden unter Quarantäne gestellt. Das Referenzlabor hat die Aufgabe, den Landesuntersuchungsämtern für die Durchführung der serologischen Untersuchungen mittels KBR das entsprechende Antigen sowie Kontrollseren zur Verfügung zu stellen. Ferner führt das Referenzlabor Bestätigungsuntersuchungen eingesandter Verdachtsproben durch. Daher wird nach Bedarf im Abstand von ein bis zwei Jahren lyophilisiertes Voll-Antigen in präparativem Maßstab aus einem Referenzstamm von *T. equiperdum* hergestellt. Der Referenzstamm (festgelegt nach Übereinkunft des Europäischen Referenzlabors, ANSES 2013) sowie das Antigen werden regelmäßig nach Maßgabe der internationalen Literatur mittels molekularer Methoden sowie in internationalen Ringversuchen überprüft. Dem Referenzlabor stehen derzeit drei Trypanosomen-Referenzstämme, (ein *T. equiperdum*- und zwei *T. evansi*-Stämme) zur Verfügung. Das im NRL produzierte Antigen wird auf Nachfrage und bei Verfügbarkeit auch an Institutionen in anderen Mitgliedstaaten und Drittländern gesandt.

Forschung

Im Rahmen eines vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Forschungsprojektes (Förderkennzeichen: 0316009C) wurden Bedingungen für die Antigenherstellung mittels *in vitro*-Kultivierung von *T. equiperdum* erarbeitet, um den derzeit notwendigen Tierversuch verzichtbar zu machen. Dieses Vorhaben konnte erfolgreich abgeschlossen werden. Die Zulassung der *in vitro*-Kultivierung als Alternative zum Tierversuch wurde bei der OIE beantragt. Ferner wurden vorläufige Untersuchungen zur genetischen, immunologischen und biochemischen Charakterisierung der Erreger durchgeführt.

Zoonosepotential

Der Erreger der Beschälseuche besitzt nach heutigem Wissen keine zoonotische Bedeutung. Der ihm nah 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	Blutserum	0
Erregernachweis	Blut / Gewebe	n. d.
Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Positiver Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Zulassungsuntersuchungen/ Chargenprüfungen	Antigenherstellung und -prüfung	0
Abgabe von Referenzmaterialien	53 x Antigen 39 x Kontrollserum	17
Ringtest	Laborvergleichsstudie international	2
Ringtest	Laborvergleichsstudie national	1

n. d. - nicht durchgeführt

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

Homeier-Bachmann, T., Reimer, 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-nine (98.85%) percent of all holdings, except fattening units, in Germany are now classified as "BHV-1/BHV-1-gE free", either by vaccination (1.7%) or without vaccination (97.2%); only 1 462 holdings remained infected. At the end of 2015, eleven federal states (Baden-Wuerttemberg, Bavaria, Berlin, Brandenburg, Bremen, Hesse, Lower Saxony, Mecklenburg-Western Pomerania, Saxony, Saxony-Anhalt and Thuringia) were officially recognized as BHV-1-free by the EU Commission. During the year 2015, Rhineland-Palatinate, Saarland and three administrative regions in North Rhine-Westphalia, i.e. Arnsberg, Detmold and Münster, applied for the status of "freedom from disease" for BHV-1. In 2016, these states and regions have been officially recognized by the EU Commission as being free from 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 either without a vaccination program ("BHV-1-free") or after having completed a vaccination program, and regions where a relatively high proportion of cattle are gE-antibody-free ("BHV-1-gE-free") after several years of continuous marker vaccination programs.

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 31.12.2015 im Durchschnitt der Ländermeldungen einen Freiheitsgrad von 98,85 % aller unter das Sanierungsprogramm fallender Betriebe erreicht (siehe Abb. 1), davon entweder mit Impfung (1,7 %) oder ohne Impfstoffeinsatz (97,2 %). Lediglich 1 462 Haltungen sind Ende 2015 nicht BHV-1-freie Betriebe. Nicht erfasst sind hierbei die Mastbestände. Bei den Einzeltieren ohne Berücksichtigung der Masttiere liegt der Freiheitsgrad nun bei 96,8 %, davon sind 3,7 % der Rinder mit Impfung und 93,1 % ungeimpft frei.

Entsprechend des Durchführungsbeschlusses (EU) 2015/250 der Kommission zur Änderung der Anhänge I und II der Entscheidung 2004/558/EG vom 13.02.2015 wurde fünf Ländern, nämlich Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen und Sachsen-Anhalt, der Status „BHV-1 frei" zuerkannt.

Es folgte am 13.10.2015 Baden-Württemberg als nächstes Bundesland (Durchführungsbeschluss (EU) 2015/1765 der Kommission vom 30. September 2015), und schließlich mit EU 2015/2278 am

4. Dezember 2015 die Bundesländer Bremen, Hessen und Niedersachsen. Mit den bereits zuvor als BHV-1-frei anerkannten Ländern Bayern und Thüringen sind nun insgesamt elf Bundesländer von der EU-Kommission als frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis anerkannt.

Im Laufe des Jahres 2015 haben Rheinland-Pfalz, das Saarland und die nordrhein-westfälischen Regierungsbezirke Arnsberg, Detmold und Münster Anerkennungsverfahren für eine „Artikel 10"-Anerkennung nach der Richtlinie **64/432/EWG** eingeleitet. Im Jahr 2016 wurde der Status durch die Kommission bestätigt.

Hamburg, Schleswig-Holstein und die übrigen Regierungsbezierke Nordrhein-Westfalens sind in ihren Bekämpfungsbemühungen ebenfalls weit vorangeschritten. Dies bedeutet, dass Deuschland 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 oder Bundesländern, in denen nach jahrelanger Impfung mit Marker-Impfstoffen ein relativ hoher Prozentanteil der Rinder gE-Antikörper-frei ist.

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 neun Monate sind. Seit November 2004 wurde die gezielte Bekämpfungspflicht (unverzügliche 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. 19.05.2015) 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 als erstes deutsches Bundesland 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 13 Bundesländer und Teile Nordrhein-Westfalens (bis Ende 2015: Baden-Württemberg, Bayern, Berlin, Brandenburg, Bremen, Hessen, Niedersachsen, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen; in 2016 folgten: Rheinland-Pfalz, das Saarland und die nordrhein-westfälischen Regierungsbezirke Arnsberg, Detmold und Münster) gelten jetzt ebenfalls erweiterte Auflagen und Garantien (30-tägige Quarantäne und zweimalige

negative BHV-1 Untersuchung sowie freier Handel nur für Tiere aus anderen „Artikel-10-Gebieten“).
Hamburg, Schleswig-Holstein und die übrigen Regierungsbezirke Nordrhein-Westfalens sind in ihren Bekämpfungsbemühungen ebenfalls weit vorangeschritten. Die wichtigsten Werkzeuge auf dem Weg zur BHV-1-Freiheit waren Gesamtbestandsimpfung sowie zeitnahe Merzung infizierter Tiere in Verbindung mit Biosicherheits-, Hygiene- und Quarantänemaßnahmen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Im Jahr 2015 ist ein leichter Anstieg der serologischen Untersuchungszahlen im Vergleich zum Vorjahr zu verzeichnen. Eine entgegengesetzte Entwicklung hat das Probenaufkommen bei den Bestandskontrollen über Sammelmilchproben genommen. Hier sind im Vergleich zum Vorjahr weniger Proben untersucht worden. Die serologischen Untersuchungen von Blut- oder Einzelmilchproben der Landesuntersuchungsämter sind von etwa 3,2 Mio. Proben im Jahr 2014 auf etwa 3,3 Mio. im Jahr 2015 gestiegen. Trotz des Anstieges der Probenzahlen nahm die Anzahl der getesteten Bestände ab (64 542 in 2015 gegenüber 65 305 in 2014). Bei den Sammelmilchproben ist der Rückgang der untersuchten Bestände noch deutlicher. 2015 wurden nur 58 611 Milch- und Mutterkuhbestände getestet, 2 047 Bestände weniger als 2014 (60 658). Jedoch wurden insbesondere in Bayern aufgrund des Ausbruchsgeschehens deutlich mehr Sammelmilchproden untersucht.

Untersuchungen im OIE und Nationalen Referenzlabor

Dem OIE und Nationalen Referenzlabor (NRL) für BHV-1 ist im Berichtszeitraum 2015 eine umfangreiche Anzahl von Proben zur BHV-1-Abklärung zugeführt worden. Etwa 1 000 Serum-, Plasma- und Milchproben sowie fast 200 sonstige Proben (Organ- oder Zellkulturmaterial, Nukleinsäurenextrakte) aus 96 Einsendungen wurden im Zuge hoheitlicher Amtshilfe oder zu Forschungszwecken an das NRL weitergeleitet. Die Schwerpunkte lagen im Jahr 2015 wieder 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“.
Fast 500 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 Teil 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. 5). Insgesamt ist 2015 eine leichter Anstieg der offiziellen Seuchenfeststellungen zu verzeichnen. Während es 2014 nur zu 19 Meldungen in TSN kam, davon fünf Meldungen aus Mastbeständen, sind es im Jahre 2015 22 Meldungen, mit zehn Meldungen aus dem reinen Mastbereich. Allerdings sind die Mehrzahl der gemeldeten Ausbrüche in Betrieben mit Mischhaltungen aufgetreten. Aussagekräftigere Zahlen zu neuen BHV-1 Serokonversionen finden sich in den jährlichen EU-Meldungen auf der Basis der Entscheidung **2003/886/EG** (z.B. EC–DG Health & Consumers 2013).
Das Jahr 2015 wurde entscheidend von einer Kette von Infektionseinträgen durch Importtiere aus Österreich geprägt. Über einen Viehhandelsstall in Tirol wurden Tiere, die teilweise ein akutes

Infektionsgeschehen durchmachten, in die Schweiz und nach Deutschland (BY und BW) verbracht. Alleine in Bayern wurden ca. 2 700 Rinder, die zwischen dem 01.12.2014 und dem 28.02.2015 aus Österreich zugekauft wurden, auf eine BHV-1-Infektion untersucht. In Bayern waren insgesamt 13 Ausbrüche zu verzeichen. Bis Mitte des Jahres wurden ca. 7 500 Serumproben und fast 1 000 Nasentupfer auf eine BHV-1-Infektion hin untersucht. In Baden-Württemberg waren vier Betriebe bzw. Kontaktbetriebe betroffen. **Dieses Geschehen belegt, wie wichtig es ist, auch in Gebieten, die seit Jahren BHV-1-frei sind, besonders bei respiratorischen Erkrankungen die BHV-1 differentialdiagnostisch zur Abklärung zu bringen.**

Stand der BHV-1-Bekämpfung in Deutschland
Bundesebene

Der positive Trend der letzten Jahre hat sich im Jahr 2015 deutlich 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 2015 für den Milch- und Mutterkuhbereich, deren Nachzucht und der speziellen weiblichen Jungrinderaufzucht folgender Stand der BHV-1-Bekämpfung für die Bundesrepublik:

98,85 % oder 125 761 Bestände sind „BHV-1-frei“ oder „BHV-1-gE-Antikörper-frei“, dies ist eine weitere Zunahme der freien Bestände um fast 1,4 Prozentpunkte gegenüber dem Vorjahr, allerdings hat sich die Gesamtzahl aller Bestände im gleichen Zeitraum um weitere 962 Betriebe verringert.

0,50 % der Bestände befinden sich in der Sanierung. Dies ist ein Sanierungsfortschritt von etwa 1,0 Prozentpunkten gegenüber 2014. Festzuhalten bleibt dabei, dass die in der Sanierung befindlichen Bestände um über 65 % abgenommen haben, von 1 901 auf jetzt 635 Betriebe.

0,65 % oder 827 Betriebe fallen nach wie vor unter die Kategorie „Sonstige nicht BHV-1-freie Bestände“, immerhin ein Rückgang um annähernd 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 führt auch bei den Tierzahlen zu einer leichten Abnahme. Die Rinderbestandszahlen im Milch- und Mutterkuhbereich haben im Vergleich zu 2014 um 45 538 Tiere abgenommen. Nach Auswertung der Ländermeldungen betrug der Rinderbestand im Milch- und Mutterkuhbereich unter Einschluss der Nachzucht und der speziellen Jungrinderaufzucht nun 11,01 Mio. Rinder (11,06 Mio. in 2014). Diese verteilten sich auf 127 223 Betriebe (im Vorjahr 128 195).

96,8 % oder 10,66 Mio. Rinder standen 2015 in BHV-1-freien oder BHV-1-gE-Antikörper-freien Beständen; ein Sanierungsfortschritt von 0,4 Prozentpunkten gegenüber 2014.

2,53 % bzw. nur noch 278 638 Rinder stehen in Sanierungsbeständen. Dies ist eine Abnahme um knapp 0,5 Prozentpunkte verglichen mit dem Vorjahr.

0,68 % oder 74 344 Rinder sind der Kategorie „Sonstige Bestände“ zuzuordnen- Dies ist ein leichter Anstieg um 0,03 Prozentpunkte.

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

Neue Aus-brüche	Jahr der Meldung															
	00	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15
	21	127	113	125	70	52	31	32	25	41	38	28	26	14	19	22

Quelle: TSN

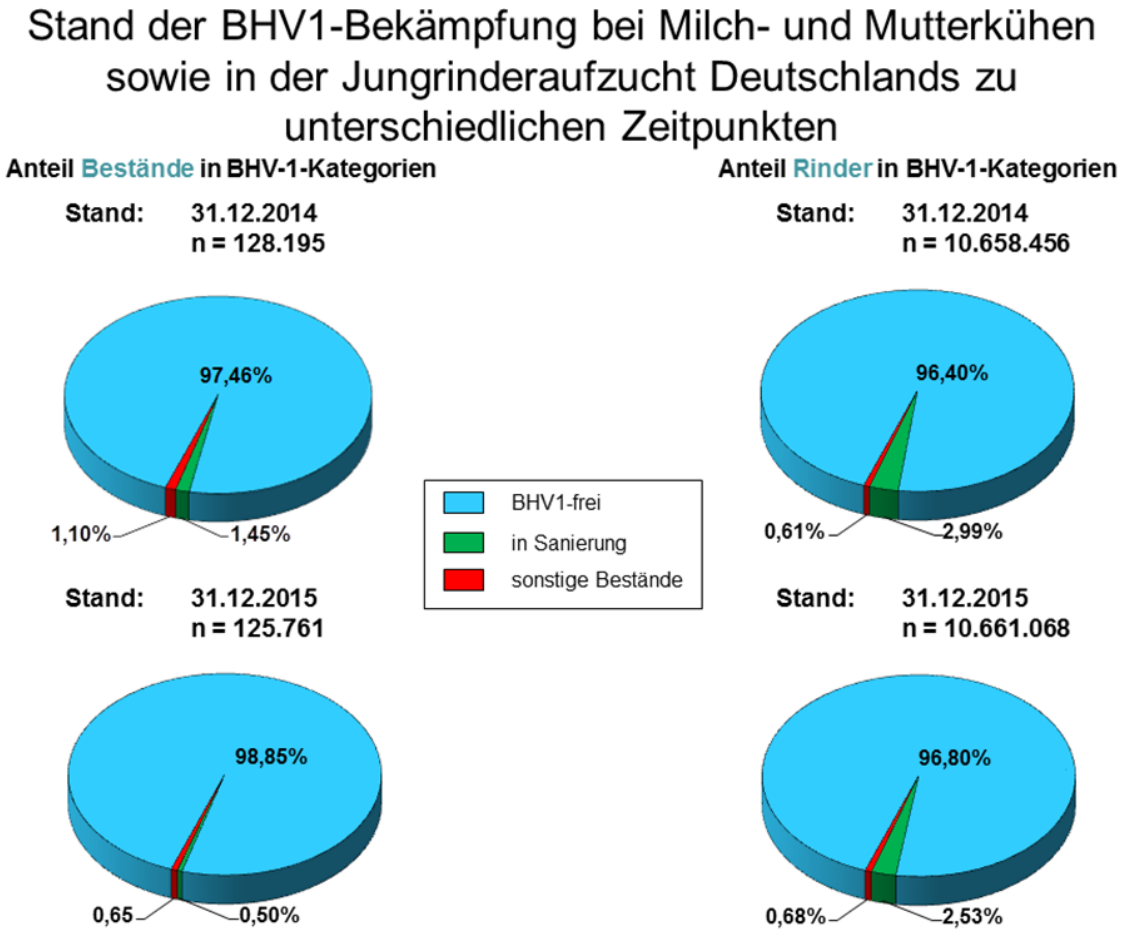


Abb. 1: Stand der BHV-1-Bekämpfung bei Milch- und Mutterkühen sowie in der Jungrinderaufzucht Deutschlands im Vergleich zum Jahr 2014

Länderebene

Auf Bundesländerebene 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. 2015 folgten dann auch die Bundesländer Berlin, Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern, Sachsen-Anhalt und Sachsen sowie Baden-Württemberg. Zuletzt wurde im Dezember 2015 den Bundesländern Bremen, Hessen und Niedersachsen der Status „frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis“ zuerkannt. Im Lauf des Jahres 2015 haben Rheinland-Pfalz, das Saarland und die

nordrhein-westfälischen Regierungsbezirke Arnsberg, Detmold und Münster Anerkennungsverfahren für eine „Artikel-10“-Anerkennung nach der Richtlinie **64/432/EWG** eingeleitet. Im Jahr 2016 wurde der Status durch die Kommission bestätigt.

Hamburg, Schleswig-Holstein und die übrigen Regierungsbezirke Nordrhein-Westfalens sind in ihren Bekämpfungsbemühungen ebenfalls weit vorangeschritten. Dies bedeutet, dass Deuschland dem Ziel der gesamtstaatlichen BHV-1-Freiheit sehr nah ist.

Die aktuelle Situation der BHV-1-Sanierung auf Länderebene im Jahr 2015 ist in den beiden folgenden Abbildungen 2 und 3 wiedergegeben.

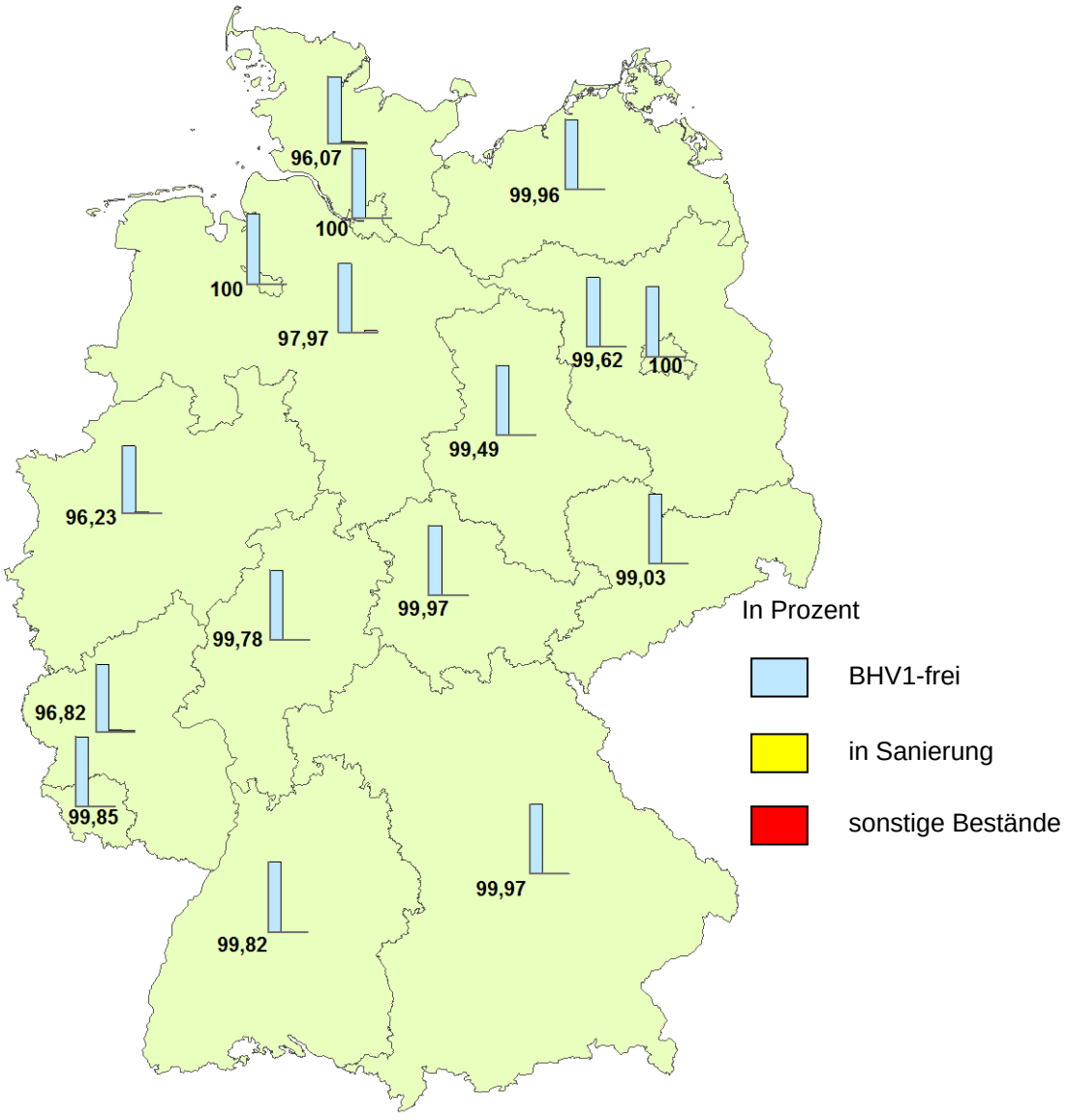


Abb. 2: Stand der BHV-1-Bekämpfung in Milch- und Mutterkuhbeständen nach Bundesländern (Stand 31.12.2015)

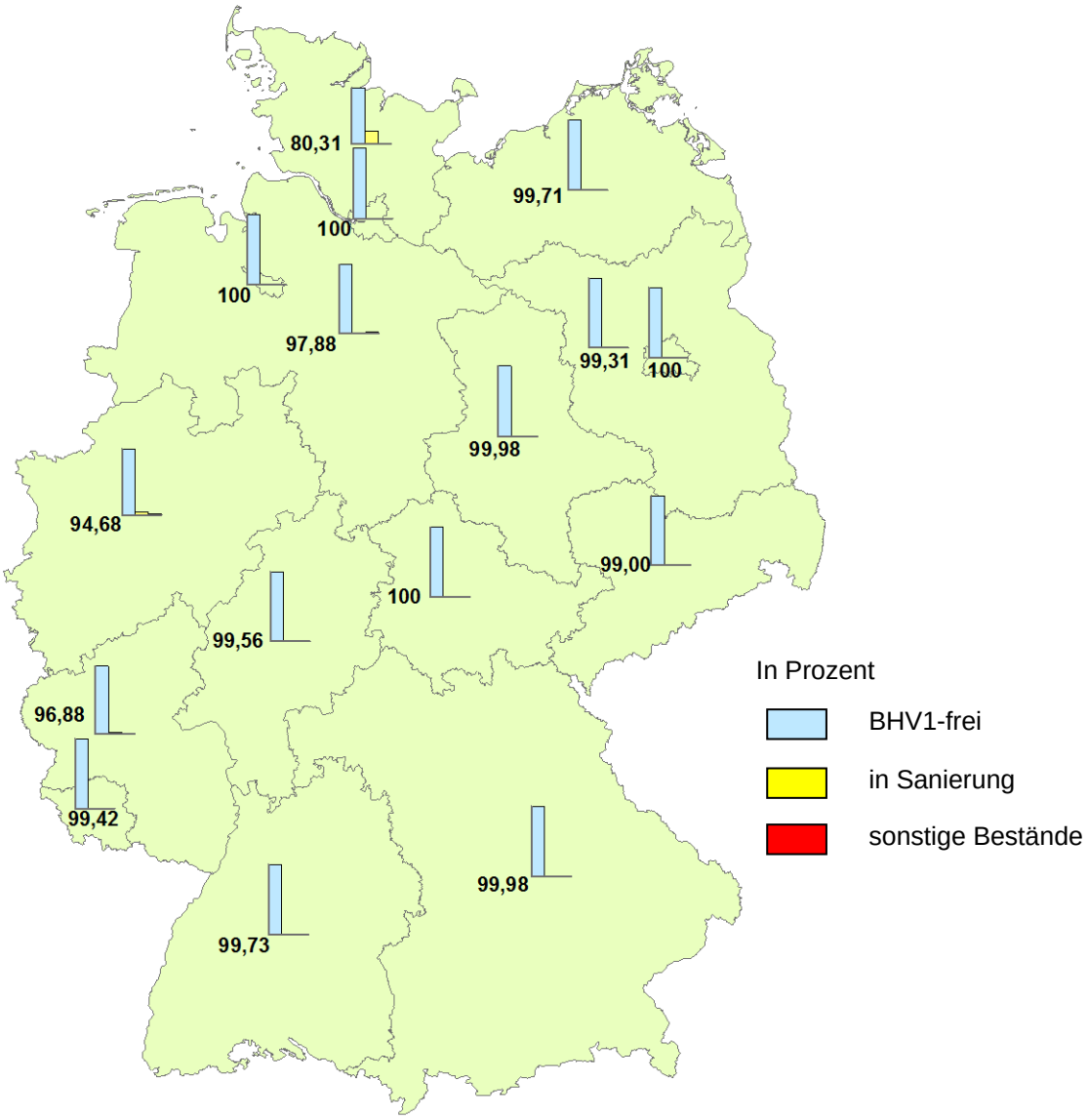


Abb. 3: Stand der BHV-1-Bekämpfung bei den Rindern nach Bundesländern (Stand 31.12.2015)

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. 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-Quarantäneregelungen beschlossen, die gewisse Mindeststandards für „Quarantänestationen“ festschreiben, um die Umsetzung der Zusatzgarantien für den Handel mit Rindern in die

„Artikel-10“-Regionen sicherzustellen. Auch die Neufassung der BHV-1 Verordnung trägt dieser Tatsache Rechnung.

Insgesamt gilt es, sich langsam auf ein Ausstiegsszenario aus der Sanierung durch Impfung einzustellen und Konzepte auszuarbeiten, 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 Abbildung 4).

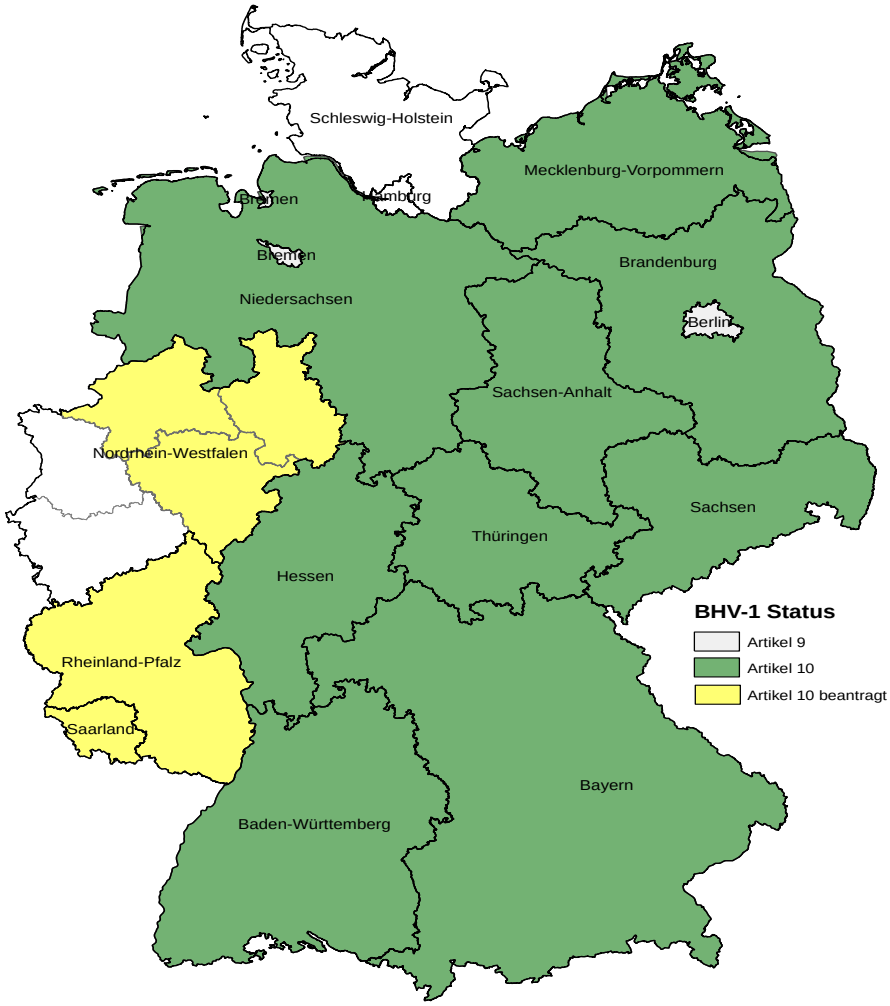


Abb. 4: BHV-1-Status der Länder (Stand 31.12.2015)

Unverändert bestehen folgende Problemfelder der BHV-1-Bekämpfung weiter:

- unzureichende zeitnahe Merzung von Reagenten nach positiver Befundung
- diagnostische Defizite (hoher Untersuchungsaufwand für Impftiere – Einzelblutproben zum Nachweis von gE-Antikörper; jedoch sind mittlerweile zwei weitere ELISAs für den gE-AK- Nachweis kommerziell verfügbar.
- Häufigkeit falsch positiver Testergebnisse nimmt mit zunehmender BHV-1-Freiheit bei unveränderter Spezifität der Testsysteme zu. Allerdings stehen jetzt auch beim gE-Antikörper-ELISA zur Absicherung der Ergebnisse zwei weitere kommerzielle ELISA-Systeme zur Verfügung. Zusätzlich bleibt noch die Prüfung der epidemiologischen Plausibilität als zusätzliche Maßnahme der Statusbewertung eines BHV-1-Impfbetriebes.
- „Pseudoimpflinge“ z. B. durch unspezifische Reaktionen, Kreuzreaktionen mit anderen Herpesviren oder durch kontaminiertes Impfbesteck (Makoschey und Beer, 2004).
- Statuserhalt freier Betriebe in „nicht freien“ Regionen, Schutz der zunehmend naiven Rinderpopulation vor Reinfektion.

In den Artikel-10-Gebieten hat sich das in Bayern entwickelte Konzept bewährt:

- 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 drei 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 Probennahme 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 im Jahr 2015 ein deutlicher Fortschritt erzielt worden ist, der auf Bundesebene eine baldige Erreichbarkeit des „BHV-1-freien Status“ in Aussicht stellt. Diese Sanierungsleistungen wurden durch die konsequente Umsetzung der in den letzten Jahren gewonnenen Erfahrungen und deren Fortentwicklung beschleunigt.

Literatur

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

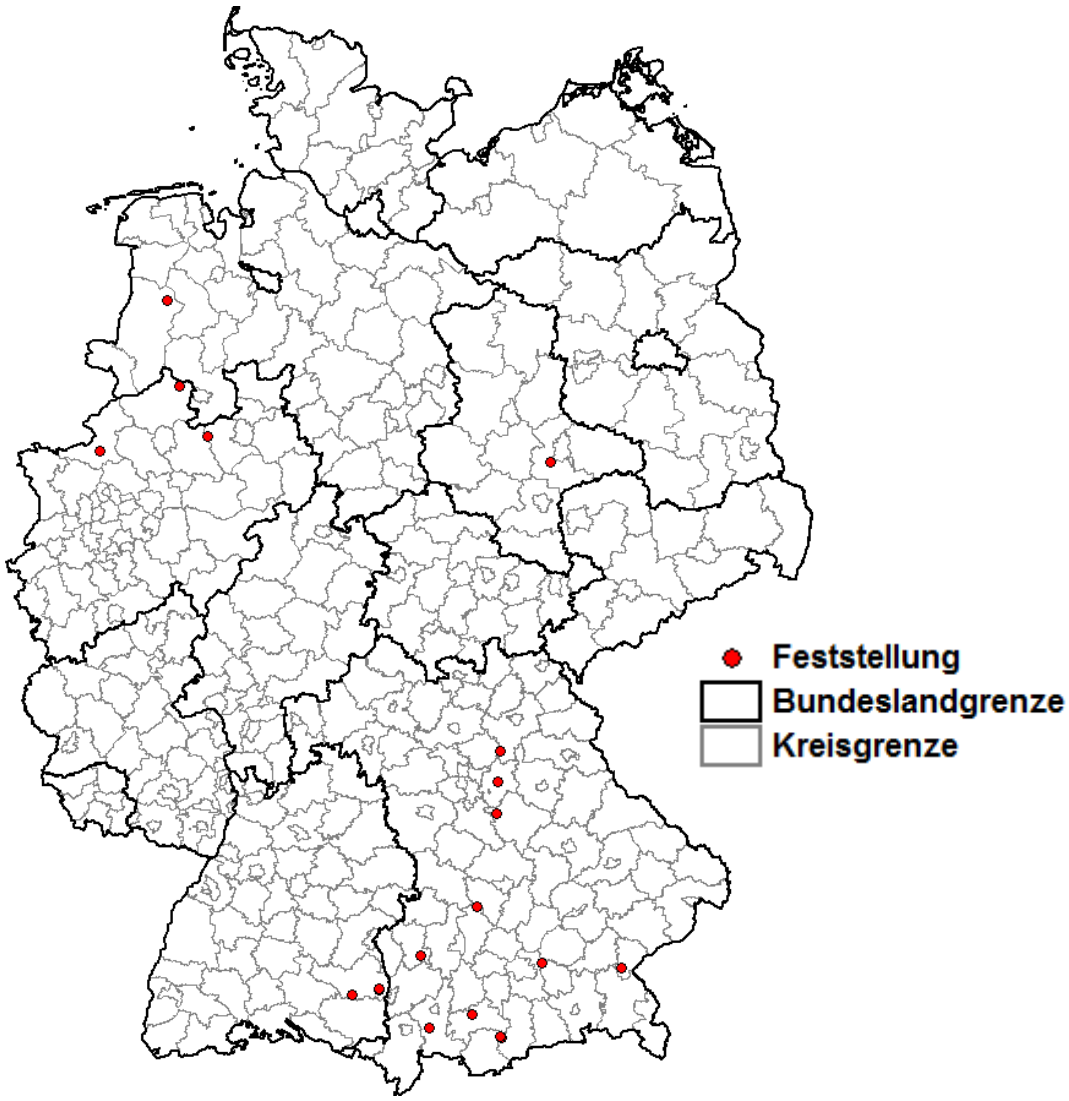


Abb. 5: Geographische Verteilung der im Jahr 2015 an TSN gemeldeten, 22 von BHV-1-Seuchenfeststellungen betroffenen Betriebe (Stand: 31.12.2015)

8. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease – Bovine viral diarrhea/Mucosal Disease

Wernike, K., Gethmann, J. M., Beer, M.

Summary

Bovine viral diarrhea (BVD) causes high economic losses in the cattle population worldwide. In Germany, BVD is a notifiable disease since 2004. In December 2008, a regulation for an obligatory nationwide control program was decreed by BMEL which came into force on 1st January 2011.

The major goal of the program is a fast and efficient reduction of the prevalence of persistently infected (PI) animals, and the establishment of so-called "unsuspicious (virus free)" animals and farms with a certified status.

more than 47 000 BVDV-infected animals have been removed from the cattle population since 2011, while more than 28 million animals were classified as "unsuspicious". Related to the new-born calves, the proportion of animals classified as PI was considerably reduced from 0.5% to less than 0.03% in the past five years.

In 2015, a total of 560 BVD outbreaks were reported to the German animal disease notification system (TSN).

Zusammenfassung

Die Bovine Virusdiarrhoe (BVD) zählt zu den wirtschaftlich bedeutendsten Erkrankungen der Rinder weltweit. In Deutschland wird diese anzeigepflichtige Tierseuche seit 2011 verpflichtend bekämpft.

Das Hauptziel des bundesdeutschen Bekämpfungsprogramms ist die Eliminierung persistent infizierter (PI) Tiere und damit verbunden, die drastische Reduktion der kursierenden Virusmenge und die Schaffung von zertifizierten unverdächtigen, d.h. virusfreien Tieren und Beständen.

Seit 2011 wurden mehr als 47 000 BVDV-infizierte Tiere aus der Population eliminiert, wobei im gleichen Zeitraum mehr als 28 Mio. Rinder den Status „unverdächtig" erhielten. Der relative Anteil der als PI klassifizierten Tiere bezogen auf die neugeborenen Kälber reduzierte sich in den letzten fünf Jahren sehr deutlich von ca. 0,5 % auf unter 0,03 %.

Im Jahr 2015 wurden in TSN insgesamt 560 Fälle von BVD/MD gemeldet.

Allgemeine Informationen

Die Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease (BVD/MD) ist eine durch das Bovine Virusdiarrhoe Virus (BVDV) verursachte Infektionskrankheit bei Rindern. Es werden zwei Genotypen als selbständige Spezies unterschieden (BVDV-1 und BVDV-2), weitere Subtypisierungen sind möglich. Weiterhin unterscheidet man nach dem Verhalten in Zellkulturen die beiden Biotypen „zytopathogen (cp-)" und „nicht-zytopathogen".

Die Übertragung des Virus erfolgt horizontal, meist oronasal, über verschiedene Körpersekrete oder vertikal als diaplazentare Infektion. In Abhängigkeit vom Infektionszeitpunkt kann es zu einer transienten oder einer dauerhaften (persistierenden) Infektion kommen.

Bei transienten Infektionen mit dem BVDV hängt die Ausprägung der Krankheitserscheinungen vom Alter, Geschlecht und dem Trächtigkeitszustand des Einzeltieres ab. Während die Infektion nicht tragender Tiere in der Regel klinisch inapparent verläuft, Ausnahmen stellen vereinzelt beschriebene, perakute Verlaufsformen mit einem hämorrhagischen Syndrom dar, kann eine Infektion seronegativer trächtiger Rinder zu Frucht-

retentionen, Aborten, Missbildungen oder zur Entstehung von persistent infizierten (PI) Kälbern führen. Diese PI-Kälber scheiden das Virus lebenslang aus und spielen damit für die Aufrechterhaltung von Infektketten in Beständen oder Regionen eine zentrale Rolle. Eine in der Regel tödlich verlaufende Spätform der Erkrankung stellt die Mucosal Disease (MD) dar, die entsteht, wenn der ncp-Biotyp im PI-Tier zum cp-Virus mutiert oder wenn PI-Tiere mit einem sehr nah verwandten cp-BVDV infiziert werden.

Staatliche Maßnahmen

Entsprechend der „Verordnung zum Schutz der Rinder vor einer Infektion mit dem Bovinen Virusdiarrhoe-Virus“ haben Tierhalter alle Rinder, die in ihrem *„Bestand geboren worden sind, bis zur Vollendung des ersten Lebensmonats oder die aus dem Bestand verbracht werden sollen, vor dem Verbringen mit einer in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Methode auf BVDV untersuchen zu lassen*“. Das Ergebnis der Untersuchungen und der damit verbundene Status werden in das Bestandsregister und idealerweise in das Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere (HI-Tier) eingetragen. Ein Einsatz von Impfstoffen ist möglich.

Seit dem 3. November 2004 unterliegt die BVD/MD in Deutschland der Anzeigepflicht nach dem Tierseuchengesetz. Ein anzeigepflichtiger Fall liegt nach der BVD-Verordnung[1] 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 40 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.“

2) bei Feststellung von Mucosal Disease.

Der Tierhalter hat betroffene Rinder unverzüglich töten zu lassen. Davon abweichend kann allerdings genehmigt werden, dass betroffene Rinder *„abzusondern und längstens 40 Tage nach der ersten Untersuchung erneut mit einer in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Methode auf BVDV zu untersuchen“* sind.

Bestände, in denen ein infiziertes Rind nachgewiesen worden ist, unterliegen einem generellen Verbringungsverbot von Rindern aus dem Bestand für 40 Tage und einem Verbringungsverbot tragender Rinder bis zur Abkalbung.

Statistische Angaben

In TSN wurden im Jahr 2015 560 Fälle von BVD/MD gemeldet, wobei bundeslandabhängige Unterschiede zu beobachten waren (Abbildung 1).

[1] "BVDV-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 27. Juni 2016 (BGBl. I S. 1483)"

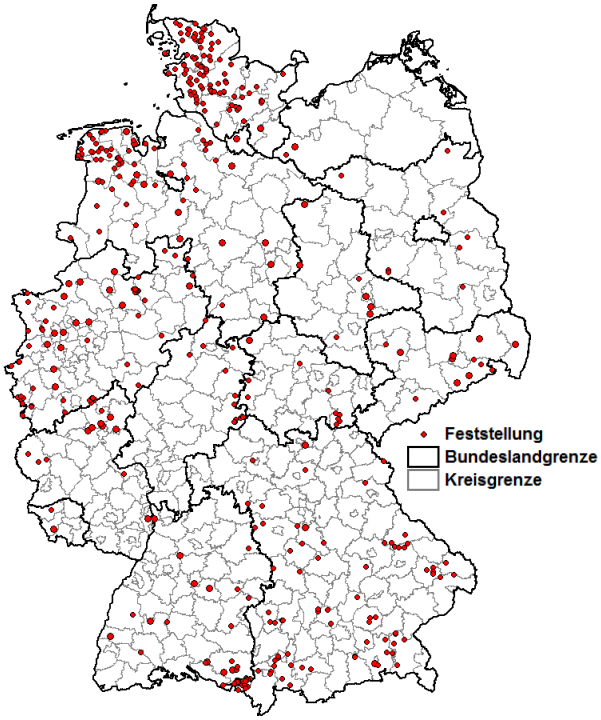


Abb. 1: Übersicht der gemeldeten Ausbrüche 2015

Seit dem Beginn der bundeseinheitlichen Bekämpfung reduzierte sich der relative Anteil der im HI-Tier als PI-Tiere klassifizierten Rinder, bezogen auf die neugeborenen Kälber, sehr deutlich von ca. 0,5 % im Jahr 2011 auf unter 0,03 % im Jahr 2015, wobei eine annähernd jährliche Halbierung zu verzeichnen ist. Der Anteil an Betrieben mit PI-Tieren ist im gleichen Zeitraum von 3,44 % auf 0,27 % gesunken (Abbildung 2).

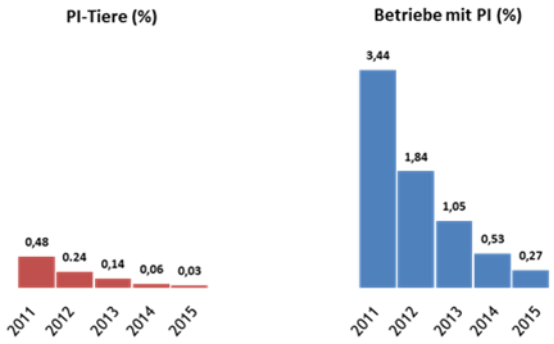


Abb. 2: PI-Prävalenz in Deutschland seit 2011

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Labordiagnostik der BVD erfolgt in den veterinärmedizinischen Untersuchungeinrichtungen der Bundesländer mittels zugelassener Testkits und auf der Grundlage der amtlichen Methodensammlung.

Der Schwerpunkt der Diagnostik liegt auf dem Virus- bzw. Genomnachweis, wobei kolostrale Antikörper die Erkennung von PI-Tieren testabhängig und in Abhängigkeit von der Probenmatrix beeinträchtigen können (sog. „diagnostische Lücke“) (Tabelle 1). Um ein möglichst frühes Ergebnis zu erhalten, wird mittlerweile in etwa 95 % der Fälle die erste BVDV-Untersuchung eines Tieres mit Hilfe von Hautstanzproben, die beim Einziehen der Ohrmarke gewonnen werden, durchgeführt. Antikörpernachweise werden im Rahmen von Monitoringprogrammen über sogenannte Jungtierfenster (serologische Blutuntersuchung von Tieren nach dem Abklingen von kolostralen Antikörpern) oder Tankmilchtestung in begrenztem Rahmen durchgeführt.

Tabelle 1: Zugelassenen Untersuchungsmethoden für den Antigen-/Genomnachweis unter Berücksichtigung der „Diagnostischen Lücke“

Methode	Untersuchungsmaterial	Diagnostische Lücke
E^{RNS}-Ag-ELISA	Serum, Plasma, EDTA-Blut Organe, Hautbioptate	< 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, Hautbioptate	Keine diagnostische Lücke

9. Chlamydiose – Chlamydiosis

Schnee, C.

Summary

A total of 233 cases of chlamydiosis predominantly in psittacine birds, pigeons, poultry, cattle and sheep were reported in 2015. The number of notified human cases remained low at 12. The National Reference Laboratory (NRL) for Chlamydiosis conducted examinations of one suspected case of avian chlamydiosis, fourteen cases of ovine abortion and four cases of bovine chlamydiosis using real-time PCR and DNA microarray testing. To assess the prevalence of asymptomatic chlamydial infections, a screening was performed in medium-sized waterfowl flocks in Thuringia as well as in a sheep flock.

Zusammenfassung

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 233 Chlamydiosefälle in TSN registriert, vorrangig bei Psittaziden, Tauben, Geflügel, Rindern und Schafen. Die Zahl der gemeldeten humanen Ornithosefälle verblieb mit zwölf auf niedrigem Niveau. Das Nationale Referenzlabor (NRL) für Chlamydiose untersuchte einen Verdachtsfall für aviäre Chlamydiose, vierzehn für enzootischen Schafabort sowie vier für bovine Chlamydiose mittels Real-Time-PCR und DNA-Mikroarraytest. Zur Ermittlung der Prävalenz asymptomatischer Chlamydieninfektionen wurden Screenings in Thüringer Wassergeflügelbeständen und in einer Schafherde durchgeführt.

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 NRL zu Rate gezogen und führt selbst labordiagnostische Untersuchungen durch.

Regelmäßig bietet das NRL durch die Ausrichtung von Laborvergleichsuntersuchungen (Ringtests) Untersuchungseinrichtungen die Möglichkeit, ihre Leistungsfähigkeit beim direkten DNA-Nachweis von Chlamydien und beim Antikörpernachweis gegen *C. abortus* zu evaluieren. Am Ringversuch 2015 nahmen 37 Labore, davon 28 aus Deutschland, teil. 90 % der Teilnehmer erfüllten die Leistungsvorgaben für den DNA-Nachweis und 96 % die Vorgaben für die serologischen Tests.

Das NRL bearbeitete im Jahr 2015 zwei Proben aus einem Verdachtsfall von aviärer Chlamydiose in Zuchttauben. Die Erregerdifferenzierung ergab eine Infektion mit der kürzlich neu beschriebenen Chlamydienspezies *C. avium*, die bisher in Psittaziden und Tauben nachweisbar war.

Vierzehn Verdachtsfälle auf Enzootischen Schafabort wurden anhand von 88 Proben untersucht, von denen sich 62 als *C. abortus*-positiv erwiesen, so dass zwölf Fälle bestätigt werden konnten. In allen Proben aus geimpften Beständen wurde eine Wildstamm/Impfstamm-differenzierung durchgeführt. Dabei wurde zum ersten Mal in Deutschland der Impfstamm in einem Abortfall nachgewiesen. Der molekulardiagnostische Nachweis ist allerdings kein Bewies für eine ursächliche Beteiligung des Impfstammes am Krankheitsgeschehen, unterstreicht aber die Risikoproblematik des Einsatzes einer Lebendvakzine.

Zwei von 18 Tupfer- oder Gewebeproben aus zwei von vier Rinderbeständen erwiesen sich als positiv

für *C. pecorum* bzw. *C. psittaci*. Außerdem wurden Einzelproben von Katzen, Meerschweinchen, Alpakas, Krallenfröschen und Schweinen ohne positiven Befund auf Chlamydien-DNA untersucht.
Elf Gewebeproben infizierter Tiere wurden für die Erregerisolation in der Zellkultur angelegt, die dreimal aus Schafen und Schweinen gelang.
Die Untersuchung von 14 Seren aus neun Rinderbeständen mit den zugelassenen ELISAs und einem neuentwickelten Peptidarray ergab den Nachweis von Antikörpern gegen *C. pecorum* in sechs Herden.
DNA-Präparationen von zehn Chlamydienstämmen und Kryokonserven von vierzehn Chlamydienstämmen wurden als Referenzmaterial Forschungseinrichtungen und Untersuchungslaboren im In- und Ausland zur Verfügung gestellt.
Gemäß Tiergesundheitsgesetz §11 Absatz 2 nahm das NRL die Zulassungsprüfung eines Chlamydien-Antigentests sowie zwei Chargenprüfungen kommerzieller serologischer Diagnostika vor.

Statistische Angaben

Das Tierseuchennachrichtensystem (TSN) verzeichnet für das Jahr 2015 insgesamt 233 gemeldete Fälle von Chlamydiose bei Tieren (Tabelle 1).
Die Fallzahlen in den einzelnen Tiergruppen haben sich gegenüber dem Vorjahr nur wenig verändert. Meldungen zur aviären Chlamydiose (in Psittaziden, Tauben und Geflügel) blieben auf dem relativ niedrigen Niveau der letzten vier Jahre, was insbesondere für die Psittaziden mit dem Wegfall der Psittakoseverordnung und Anzeigepflicht im Jahr 2011 in Zusammenhang stehen könnte.
Chlamydiosen in Schafen, die oft mit dem enzootischen Schafabort assoziiert sind, wurden wieder etwas weniger gemeldet als in den Jahren zuvor. Auch die gemeldeten Chlamydieninfektionen in Rindern, in den beiden Vorjahren auf realtiv hohem Niveau, nahmen deutlich ab, machen aber immer noch, wie seit 2010, die Mehrheit der registrierten Chlamydiosen aus.
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 nach wie vor niedrig zu sein scheint.

Epidemiologische Untersuchungen

In Zusammenarbeit mit dem Geflügelgesundheitsdienst der Thüringer Tierseuchenkasse wurde im Berichtszeitraum ein Chlamydien-Screening in mittelgroßen (100 bis 6 000 Tiere) Thüringer Wassergeflügelbeständen durchgeführt. Die Herdenprävalenz lag bei 25 % in Enten und 15,4 % in Gänsen und die Probenprävalenz bei 8 % bzw. 1,5 %. Die Speziesdifferenzierung ergab *C. psittaci*; die neuen Chlamydienspezies *C. avium* oder *C. gallinacea* konnten dagegen nicht nachgewiesen werden. In keiner der Herden traten Chlamydien-bedingte Krankheitssymptome auf, allerdings erkrankten zwei Geflügelhofmitarbeiter in einem positiv-getesteten Entenbetrieb an Chlamydiose (Ornithose).
In einer Schäferei mit 1 900 Mutterschafen ohne auffällige Abortrate wurde während der Ablammsaison die Prävalenz von *C. abortus* in gesunden Plazenten mittels DNA-Nachweis bestimmt. 6,7 % erwiesen sich als positiv. Es wurden keine anderen Chlamydien detektiert. Der Nachweis von *C. abortus* in einer klinisch gesunden Herde weist auf das Problem der assymptomatischen Trägertiere hin, die als Erregerreservoir eine Gefahr für die Herdengesundheit darstellen können.

Zoonosepotential

Das höchste Risiko für eine Übertragung auf den Menschen geht von aviären *C. psittaci*-Stämmen aus, weshalb sich ein erhöhtes Gefährdungspotential für Geflügelbetriebs- und Schlachthofmitarbeiter ergibt. So wurden am NRL im Jahr 2015 von neun Schlachthofmitarbeitern eines Betriebes mit Chlamydiose-(Ornithose)-Verdacht fünf positiv auf *C. psittaci* getestet. In drei weiteren von 137 Patienten wurde benfalls eine *C. psittaci*-Infektion festgestellt. Zwei Fälle standen im Zusammenhang mit dem Kontakt zu einem infizierten Taubenbestand.

Wie in den beiden Vorjahren wurden bundesweit zwölf humane Ornithosefälle an das Robert Koch Institut gemeldet. Im Vergleich der letzten zehn 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 17.05.2016)

Tierart	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Psittaziden	76	17	44	38	36	32
Taube	23	17	21	15	27	17
Huhn	5	4	10	20	14	16
Ente	5	2	2	0	2	3
Gans	2	0	1	0	2	1
Andere Vögel	0	1	0	2	0	0
Rinder	87	92	98	158	156	119
Schafe	28	42	53	33	34	28
Ziegen	2	2	4	4	2	3
Andere Tiere*	6	7	10	20	16	14
Gesamt	**234**	**184**	**243**	**290**	**289**	**233**

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

Tabelle 2: Gemeldete Ornithose-Erkrankungen beim Menschen (https://survstat.rki.de, Abfragedatum 17.05.2016)

2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
27	13	22	31	27	18	19	12	12	12

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.

In Germany, infections of animals with *Echinococcus spp.* have been reportable since 9 November 2004. *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 2015, a total of 311 cases of echinococcosis were reported, which were recorded in nine German federal states. The National Reference Laboratory (NRL) for Echinococcosis examined twelve samples of suspected echinococcosis using PCR-, Sedimentation/Flotation-, Sedimentation and Counting- and Intestinal Scraping techniques. Infections with the parasite were confirmed in eight of them (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 dem Kot aus. Die Eier können über Monate in der Umwelt infektionsfähig 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 2015 wurden im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) insgesamt 311 Fälle von Echinokokkose gemeldet, die in neun Bundesländern bei End- und Zwischenwirten diagnostiziert worden waren. Das Nationale Referenzlabor für Echinokokkose führte im Jahre 2015 insgesamt zwölf Laboruntersuchungen zur Bestätigung bzw. zum Ausschluss einer Echinokokkose mit Hilfe von PCR, Sedimentation und Flotation Methode, SCT (Sedimentation and Counting Technique) und IST (Intestinal Scraping Technique) durch. In acht der

zwölf untersuchten Einsendungen/Proben konnte eine *E. multilocularis* Infektion nachgewiesen werden (Tabelle 1).

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

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen	Gewebematerial/Serum/Kot	12
Erregernachweis (DNA von *E. multilocularis*)	PCR	8
Erregernachweis (*E. multilocularis* Würmer)	IST (Intestinal Scrapping Technique)	3
Erregernachweis (*E. multilocularis* Würmer)	SCT (Sedimentation and Counting Technique)	5
Erregernachweis (*E. multilocularis* Eier)	Sedimentations-/Flotationsverfahren	1
Antikörpernachweis gegen *E. multilocularis*	-	-
Antikörpernachweis gegen *E. granulosus*	-	-
Zulassungsuntersuchungen/Chargenprüfungen	-	-
Abgabe von Referenzmaterialien	-	1
Ringtest (Durchführung)	Laborvergleichsstudie	1
Ringtest (Teilnahme)	Laborvergleichsstudie	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 Probennahme und Untersuchung von Untersuchungsmaterial tierischen Ursprungs für meldepflichtige Tierseuchen (Methodensammlung) beschrieben, die über das Tierseuchennachrichtensystem (TSN) und die Homepage des FLI unter https://www.fli.de/de/publikationen/amtliche-methodensammlung/ abgerufen werden kann. Des Weiteren wird eine *Echinococcus*-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 2015 wurden in TSN insgesamt 311 Fälle von Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten gemeldet, die in neun Bundesländern diagnostiziert worden waren (Tabelle 2).

Die meisten Fälle wurden aus Thüringen (n = 161), Sachsen-Anhalt (n = 113) und Baden-Württemberg (n = 18) gemeldet (Tabelle 2).

Die gemeldeten Echinokokkose-Fälle der oben genannten Bundesländer spiegeln jedoch die wahre Verteilung von *Echinococcus spp*. in Deutschland nicht wider, 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 = 296), Hunden (n = 6), einem Marderhund, Biber (n = 3), einem Einhufer, bei einem Affen, einer Nutria 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.

Tabelle 2: Zahl der in TSN gemeldeten Echinokokkose-Fälle im Jahr 2015 pro Bundesland und Monat

Bundesland	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Gesamt
Hamburg	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	2
Hessen	1	4	1	-	-	-	-	-	3	2	-	1	12
Rheinland-Pfalz	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	1
Baden-Württemberg	10	-	-	-	1	2	2	1	-	2	-	-	18
Bayern	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
Saarland	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1
Sachsen	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1
Sachsen-Anhalt	15	15	2	2	6	-	14	8	3	13	20	15	113
Thüringen	19	36	17	18	7	20	3	-	3	8	19	11	161
Gesamt	**47**	**55**	**20**	**20**	**14**	**23**	**19**	**11**	**9**	**26**	**39**	**28**	**311**

11. Hantaviren in Mitteleuropa – Hantaviruses in Central Europe

Ulrich, R. G.

Summary

During the years 2001 – 2015, a total of 10 128 human hantavirus cases were registered by the Robert Koch-Institut (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, https://survstat.rki.de, data as of 16 August 2016). The number of recorded cases shows strong oscillations between the years with major peaks in 2007, 2010 and 2012. Compared to the years 2013 and 2014, the number of hantavirus disease cases in 2015 was higher, most likely due to a beech mast in the year before. At least three rodent-borne hantavirus species are present in Germany: The majority of human cases are caused by Puumala virus (PUUV) with the bank vole (*Myodes glareolus*) as reservoir. 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 other vole species. Little is known about potential human infections with this virus. Molecular biological and serological investigations of bank voles at different trapping sites in the district Osnabrück, Lower Saxony, indicated a stable occurrence of PUUV with prevalences of up to 100%. Several virus strains were found to persist through multiple years in the local bank vole populations, but also a high temporal turnover of virus strains in the local bank vole populations was observed.

Zusammenfassung

Im Zeitraum von 2001 bis 2015 wurde durch das Robert Koch-Institut (RKI) eine Gesamtzahl von 10 128 humanen Hantavirus-Erkrankungen erfasst (RKI: SurvStat@RKI 2.0, https://survstat.rki.de, Abfragedatum: 16.08.2016). Die Anzahl der gemeldeten Fälle zeigte starke Schwankungen mit den höchsten Fallzahlen in den Jahren 2007, 2010 und 2012. Im Vergleich zu den beiden Vorjahren, war die Zahl der Hantavirus-Erkrankungen in 2015 höher, was möglicherweise auf eine Buchenmast im Jahr 2014 zurückgeführt werden kann. In Deutschland kommen mindestens drei Nagetier-assoziierte Hantavirus-Arten vor: Die Mehrzahl der humanen Erkrankungen werden durch das Puumalavirus (PUUV) verursacht, das von der Rötelmaus (*Myodes glareolus*) übertragen wird. Humane Infektionen mit dem Brandmaus-assoziierten Dobrava-Belgrad-Virus, Genotyp Kurkino, wurden in Nord-, Nordost- und Ostdeutschland gefunden. Tulavirus wurde bei molekularen Analysen im Reservoirwirt, der Feldmaus *Microtus arvalis*, aber auch in verwandten Wühlmausarten nachgewiesen. Zu humanen Infektionen mit diesem Virus ist bisher wenig bekannt. Molekularbiologische und serologische Untersuchungen an Rötelmäusen von verschiedenen Fangorten im Landkreis Osnabrück, Niedersachsen, zeigten ein stabiles Vorkommen des PUUV mit Prävalenzen von bis zu 100 %. Die Untersuchungen zeigten einerseits die Persistenz bestimmter PUUV-Stämme über mehrere Jahre, aber andererseits auch das Auftauchen und Verschwinden anderer Virusstämme.

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 Reservoirtiere 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 viruskontaminiertem 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.

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 von 2001 bis 2015 insgesamt 10 128 Hantavirus-Infektionen gemeldet (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, https://survstat.rki.de, Abfragedatum: 16.08.2016). Die Zahl der jährlich gemeldeten Fälle schwankte dabei stark; die höchsten Zahlen wurden in den Jahren 2007, 2010 und 2012 registriert (siehe Reil et al., 2015; Tabelle 1). Die Mehrzahl der gemeldeten Fälle ist auf autochthone Infektionen mit dem Puumalavirus (PUUV) zurückzuführen und wurde in Baden-Württemberg, Bayern, Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen registriert. Die geografische Verteilung der gemeldeten Fälle zeigt Landkreise mit sehr hohen Inzidenzen, während in einigen Landkreisen bisher keine oder nur wenige Hantavirus-Infektionen gemeldet wurden.

Im Vergleich zu den beiden Vorjahren war die Zahl der gemeldeten Fälle im Jahr 2015 erhöht. Die beobachtete erhöhte Fallzahl könnte auf eine Buchenmast, d. h. eine sehr starke Fruktifikation der Buche, im Jahr 2014 zurückzuführen sein (Reil et al., 2015). In den Jahren 2009 und 2011 ist ebenfalls eine Buchenmast registriert worden, die in den jeweiligen Folgejahren mit Massenvermehrungen der Rötelmaus und einem gehäuften Auftreten von humanen PUUV-Fällen assoziiert war.

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-Ligationsbasierte Strategie gelang die Bestimmung der kompletten Sequenz eines PUUV-Stammes aus einer Gewebeprobe einer Rötelmaus, die dort während des Hantavirus-Ausbruchs 2007 gefangen worden war (Sheikh Ali et al., 2015).

In einer Longitudinalstudie (2005 - 2012) wurde die räumliche und zeitliche Dynamik des PUUV in lokalen Populationen der Rötelmaus untersucht (Weber de Melo et al., 2015). Phylogenetische und populationsgenetische Analysen der drei Genomsegmente des PUUV zeigten eine starke geografische Strukturierung. Die Untersuchungen zeigten einerseits die Persistenz verschiedener PUUV-Stämme über mehrere Jahre, aber andererseits auch das Auftauchen und Verschwinden anderer Virusstämme. Diese Untersuchung belegt, dass die genetische Struktur und zeitliche Dynamik des PUUV im natürlichen Wirt durch die begrenzte PUUV-Übertragung zwischen Rötelmauspopulationen und genetische Drift beeinflusst wird.

Untersuchungen zur Wirtsspezifität von Hantaviren wurden fortgesetzt. So konnte eine umfangreiche Studie an Feld-, Erd- und Schermäusen aus Deutschland, Luxemburg und Frankreich die Rolle der Feldmaus als Reservoirwirt des TULV bestätigen (Schmidt et al., 2016). Im Rahmen der gemeinsamen Untersuchungen mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren an der Charité in Berlin wurde das Kataster von PUUV- und DOBV-Sequenzen aus Patienten und aus den

Reservoirwirten weitergeführt (Krüger, 2012; Ettinger et al., 2012; Hofmann et al., 2014).

Ausblick

Die molekularepidemiologischen Untersuchungen sollen in Zusammenarbeit mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren und vielen weiteren Kooperationspartnern des Netzwerkes „Nagetier-übertragene Pathogene“ (Ulrich et al., 2009) fortgesetzt werden. Hierbei geht es vor allem darum, die Ursachen für die heterogene Verteilung von humanen PUUV-Infektionen in Deutschland aufzuklären und genetische Faktoren des Wirtes zu identifizieren, die an der Virusinfektion beteiligt sind (siehe Morger et al., 2015). 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 sollen Untersuchungen in weiteren Wildtieren, wie Fledermäusen, verstärkt werden, um die gegenwärtig noch bestehenden Kenntnislücken zu möglichen Hantavirus-Infektionen zu schließen.

Literatur

- 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.
- 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, O648-655.
- 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.
- Morger, J., Raberg, L., Hille, S.M., Helsen, S., Stefka, J., Al-Sabi, M.M., Kapel, C.M., Mappes, T., Esbauer, S., Ulrich, R.G., Bartolommei, P., Mortelliti, A., Balciauskas, L., van den Brink, N.W., Remy, A., Bajer, A., Cheprakov, M., Korva, M., Garcia-Perez, A.L., Biek, R., Withenshaw, S., Tschirren, B. (2015). Distinct haplotype structure at the innate immune receptor Toll-like receptor 2 across bank vole populations and lineages in Europe. **Biol. J. Linn Soc.** 116(1), 124-133.
- Reil, D., Imholt, C., Drewes, S., Ulrich, R.G., Eccdard, J.A., Jacob, J. (2015) Environmental conditions in favour of a hantavirus outbreak in 2015 in Germany? **Zoonoses Publ. Health** 63, 83-88.
- 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.
- Ulrich, R., Meisel, H., Schütt, M., Schmidt, J., Kunz , A., Klempa, B., Niedrig, M., Kimmig, P., Pauli, G., Krüger, D.H. and Koch, J. (2004). Verbreitung von Hantavirusinfektionen in Deutschland. **Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitsschutz** 47, 661-670.
- Ulrich, R.G., Heckel, G., Pelz, H.-J., Wieler, L.H., Nordhoff, M., Dobler, G., Freise, J., Matuschka, F.-R., Jacob, J., Schmidt-Chanasit, J., Gerstengarbe, F.W., Jäkel, T., Süss, J.,

Ehlers, B., Nitsche, A., Kallies, R., Johne, R., Günther, S., Henning, K., Grunow, R., Wenk, M., Maul, L.C., Hunfeld, K.-P., Wölfel, R., Schares, G., Scholz, H.C., Brockmann, S.O., Pfeffer, M., Essbauer, S.S. (2009). Nagetiere und Nagetier-assoziierte Krankheitserreger – das Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“ stellt sich vor. **Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitsschutz** 52, 352-369.

- Verner-Carlsson, J., Lõhmus, 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.
- Weber de Melo, V., Sheikh Ali, H., Freise, J., Kühnert, D., Essbauer, S., Mertens, M., Wanka, K.M., Drewes, S., Ulrich, R.G., Heckel, G. (2015). Spatiotemporal dynamics of Puumala hantavirus associated with its rodent host, *Myodes glareolus*. **Evol. Appl.** 8(6), 545-559.

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

König, P., Homeier-Bachmann, T.

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. Two outbreaks were recorded in 2014, one further related outbreak with a single infected animal was detected at the beginning of 2015. In the course of the year, a series of four cohesive cases with eight infected horses was discovered.

At the National Reference Laboratory (NRL) a total of approximately 65 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.

Rechtsvorschriften

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 drei Monate in einem infizierten Bestand oder bei Ansteckungsverdacht. Zudem wird die Einrichtung eines Sperrbezirkes um den Ausbruchsbestand 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 2015 wurden fünf Ausbrüche im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) registriert (Stand 31. Dezember 2015, Abb. 1 und Abb. 2). Es wurden insgesamt neun infizierte Einhufer ermittelt, bei denen das EIA-Virus nachgewiesen wurde. Ein Ausbruch, der mit dem Ausbruchsgeschehen im Jahr 2014 in Verbindung stand, wurde im Verlauf der epidemiologischen Ermittlungen Anfang 2015 entdeckt. In der zweiten Jahreshälfte wurde ein Ausbruchsgeschehen in insgesamt vier Haltungen in Bayern festgestellt.

Am Nationalen Referenzlabor (NRL) wurden im Jahr 2015 ca. 65 serologische Untersuchungen (AGID, ELISA) durchgeführt. Mehr als 25 Blut- und Organproben von Equiden wurden auf EIA-Virusgenom untersucht.

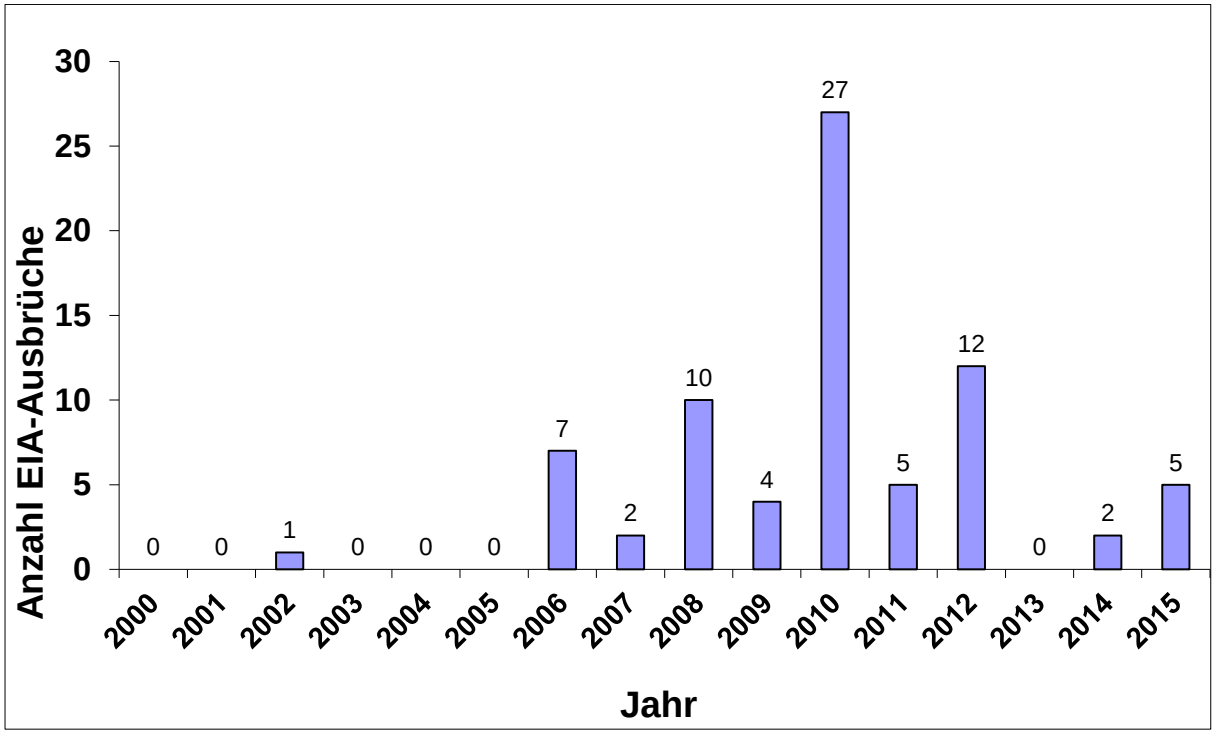


Abb. 1: Ausbrüche der ansteckenden Blutarmut der Einhufer in Deutschland in den Jahren 2001 bis 2015 (Quelle: TSN)

EIA Situation 2015 in Deutschland

Nach einem ausbruchsfreien Jahr 2013 wurde im Dezember 2014 ein Ausbruch in Sachsen nach dem Auftreten klinischer Erkrankungserscheinungen diagnostiziert. Als vermutlicher Virusüberträger wurde ein 5-jähriger Wallach identifiziert. 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 von Kontakttieren führten im Januar 2015 zur Feststellung eines weiteren infizierten Tieres, nämlich eines männlichen Fohlens der Mutterstute. Zwei weitere weibliche Fohlen der Stute wurden mit negativem Ergebnis auf EIA untersucht.

In der zweiten Jahreshälfte wurde in Bayern ein Pferd mit milden klinischen Symptomen EIAV-Anitkörper positiv getestet. Das Tier zeigte kleine Fieberschübe, die im Spätsommer des Vorjahres bereits erfolgreich therapiert worden waren. Hämatologisch fiel eine mittelgradige Thrombozytopenie auf, eine Anämie war nicht manifest. Im Ausbruchsbestand befanden sich zwei weitere infizierte Pferde. Ferner wurden in einem Kontaktbetrieb drei weitere Pferde positiv auf EIA getestet, sowie zwei infizierte Einzeltiere in zwei weiteren Haltungen ermittelt.

Fazit:

- Die Infektion verläuft häufig asymptomatisch oder ist von untypischen, unspezifischen und vor allem milden Symptomen begleitet.
- Daher ist die sorgfältige epidemiologische Untersuchung bei Ausbrüchen von

entscheidender Wichtigkeit (zeitlich sowie räumlich umfassende 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 Neueinstallungen 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.

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.

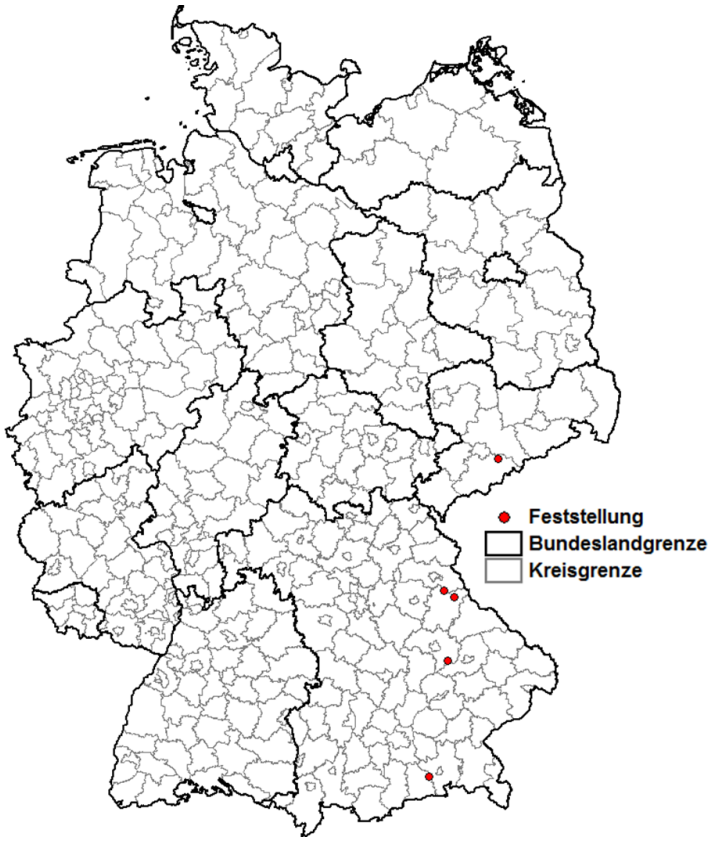


Abb. 2: Geografische Verteilung der von EIA betroffenen Betriebe in Deutschland im Jahr 2015 (Quelle: TSN, Stand 31.12.2015)

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

Bergmann, S. M., Fischer, U., Kotterba, G.

Summary

Koi herpesvirus disease (KHVD) has spread worldwide by trade with infected koi and with other infected, but not clinically diseased, carrier fish. All over the world, KHVD represents a fatal disease, which poses risk to carp and koi industry. In 2015, a total of 4 KHVD outbreaks in carp farms and 63 outbreaks or virus detections in koi facilities were confirmed by the regional veterinary authorities in the German federal states. During the past years, Germany has produced approximately 5 000 t carp annually in 5 791 carp farms, of which the majority is located in Bavaria, Lower Saxony and Saxony. In terms of KHV diagnostic procedures, the major focus is on the development of a safe, generally accepted and stable method. Considering these requirements, the method of choice for routine diagnostics as well as for confirmation and clarification of ambiguous cases by the National Reference Laboratory is the real-time PCR (Gilad et al., 2004). Unfortunately, recent data suggest that some KHV varieties with clear clinical manifestations inducing KHVD with up to 100% mortality were not detectable by routinely used PCRs according to Gilad et al., 2004 or Bercovier et al., 2005. Alternatively, a PCR recognizing the viral DNA polymerase gene is recommended to discriminate different cyprinid herpesviruses (Engelsma et al. 2013) in combination with sequence analysis of the respective PCR or nested PCR product.

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 2015, 5 791 carp farms with carp and/or koi were categorized according 2006/88/EG. Worldwide, only the federal state Saxony implemented an eradication program against KHVD, which came to an end in 2014. KHV notification is based on the Directive 2006/88/EC on “European Union animal health requirements for aquaculture animals and products and recently, a new diagnostic handbook has been introduced based on the “COMMISSION IMPLEMENTING DECISION (EU) 2015/1554 of 11 September 2015 laying down rules for the application of Directive 2006/88/EC as regards requirements for surveillance and diagnostic methods”.

Zusammenfassung

In den 90er Jahren verursachte ein Virus massenhafte Verluste bei Nutzkarpfen und Koi (*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 Viruträgern, 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. Die KHV-Diagnostik basiert in Europa auf der RICHTLINIE 2006/88/EG DES RATES vom 24. Oktober 2006 mit Gesundheits- und Hygiene-vorschriften für Tiere in Aquakultur und Aqua-kulturerzeugnisse und zur Verhütung und

Bekämpfung bestimmter Wassertierkrankheiten. Am 1. April 2016 trat ein neues Diagnostikhandbuch in Kraft, dessen Grundlage der „DURCHFÜHRUNGS-BESCHLUSS (EU) 2015/1554 DER KOMMISSION vom 11. September 2015 mit Durchführungsbestimmungen zur Richtlinie 2006/88/EG hinsichtlich der Anforderungen an die Überwachung und der Diagnosemethoden“ ist.

Tabelle 1: KHV-I-Neuausbrüche/Nachweise im Jahr 2015 in Deutschland (TSN)

Bundesland	Nutzkarpfen	Koi
Baden-Württemberg	1	7
Bayern	0	3
Berlin/ Brandenburg	0	0
Bremen	0	0
Hamburg	0	1
Hessen	0	0
Mecklenburg-Vorpommern	0	1
Niedersachsen	0	14
Nordrhein-Westfalen	0	17
Rheinland-Pfalz	0	8
Saarland	0	1
Sachsen	3	3
Sachsen-Anhalt	0	6
Schleswig-Holstein	0	1
Thüringen	0	1
Gesamt	**4**	**63**

Labordiagnostische Untersuchungen

Im Jahr 2015 wurden in Deutschland vier Ausbrüche der KHV-I bei Nutzkarpfen (und anderen Zypriniden) und 63 Ausbrüche/Nachweise beim Koi in 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.

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 das Auftreten eines Falles anzuzeigen, wenn folgende Voraussetzungen für die amtstierärztliche Feststellung vorliegen:

- Genomnachweis

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

- für den Genomnachweis
  - real-time (q)PCR (Gilad etal. 2004) oder PCR (Bercovier et al. 2005)
  - PCR und nested PCR mit Sequenzanalyse (Engelsma et al. 2013).

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 Fischspezies (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 aus, wie auch schon bei Einsatz der PCR nach Bercovier et al. (2005), da bei Ausbrüchen mit KHV-I-Klinik Virusgenom mit diesen Methoden nicht immer nachgewiesen werden konnte. Es wird daher zusätzlich die Verwendung einer PAN-CyHV-PCR mit einer nested PCR empfohlen (Engelsma et al. 2013), deren Produkte nach einer Sequenzanalyse mit Datenbanksequenzen von CyHV-3 verglichen werden, wobei Homologien von mindestens 98 % vorliegen müssen.

Im Falle eines KHV-I-Ausbruchs sind von zehn frisch verendeten oder moribund getöteten Fischen Teile der Kiemen und der Niere zu entnehmen und in Pools à maximal fünf Tiere (bei Brütlingen zwei Pools à zehn Tiere) gekühlt zu versenden. Beim Monitoring zum Ausschluss des KHV sollen die Organe von maximal zwei Fischen im Pool (Kiemen- und Nierenteile) geprüft werden. Für die Probennahme 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 der Probennahme 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 oft nur mit verfeinerten Methoden nachweisen, die zum Teil auf der Detektion weiterer Gene des KHV beruhen (z. B. virales Polymerase-, Kapsid- oder Glykoprotein-Gene). Bei Einwirkung von Stressoren wird das KHV reaktiviert. Das Virus wird dann massiv vermehrt und auch erneut ausgeschieden. Als Folge kann es wieder 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 Probennahme 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 Probennahme für 24 bis 48 Stunden, jedoch nicht länger als drei Tage, separat gehältert werden. Innerhalb der

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

Im Jahr 2015 wurden in den regionalen Untersuchungsämtern 2 797 und im NRL 27 Proben auf das KHV untersucht. Insgesamt waren davon 384 Proben in einer oder mehreren der PCRn positiv.

Statistische Angaben

Herkunft der Daten

Es wird auf Datenmaterial des jährlich vom Nationalen Referenz Labor 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 und auf Angaben des TSN zurückgegriffen. Die Daten für den Bericht wurden entsprechend §§ 23 und 27 TierGG von den für das Veterinärwesen zuständigen obersten 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

2015 wurden in Deutschland in 5 791 Betrieben, und damit in 345 Betrieben weniger als im Jahr 2014, Karpfen produziert. Der Produktionsumfang war in den letzten Jahren insgesamt gleichbleibend bei etwa 5 000 t Karpfen pro Jahr. Deutschlands größte Karpfenproduzenten sind die Bundesländer Bayern, Niedersachsen 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	30
Bayern	4 720
Berlin/Brandenburg	38
Bremen	0
Hamburg	0
Hessen	0
Mecklenburg-Vorpommern	59
Niedersachsen	387
Nordrhein-Westfalen	76
Rheinland-Pfalz	11
Saarland	164
Sachsen	227
Sachsen-Anhalt	23
Schleswig-Holstein	42
Thüringen	14
Gesamt	**5 791**

Nach der Erteilung einer Genehmigung sind Aquakulturbetriebe laut Fischseuchenverordnung den Kategorien I bis V zuzuordnen. In Deutschland wurden nach der vorläufigen, noch nicht gänzlich abgeschlossenen Kategorisierung bisher keine nachweislich KHV-freien Fischhaltungsbetriebe (nach EU-Richtlinie 2006/88/EG) in die Kategorie I (amtlich seuchenfrei) bzw. in die Kategorie II (Überwachungsprogramm) eingeordnet. 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 waren offenbar die meisten Karpfenbetriebe dieser Kategorie zugeordnet. In

Betrieben der Kategorie IV sind Infektionen mit Fischseuchenerregern bekannt, es wird aber ein genehmigtes Tilgungsprogramm realisiert. In Deutschland wurde 2015 kein Betrieb in diese Kategorie eingeordnet. In Betrieben der Kategorie V sind Infektionen bekannt, es werden aber nur die festgelegten Mindestmaßnahmen zur Bekämpfung durchgeführt. Dies trifft auf mindestens vier Karpfenteichbetriebe zu.
Bis 2015 wurden in Deutschland nahezu alle Karpfenbetriebe 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 Betriebe mit einem gleichen oder niedrigeren Kategoriestatus (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.

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

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, da in infizierten Karpfen das KHV lebenslang (latent) erhalten bleibt und bei Belastungssituationen, z. B. Transport, schlechte Wasserqualität, Temperaturschwankungen, hormonelle Veränderungen, Futterumstellung oder anderen Krankheiten [SVC, zunehmend auch das „Carp Edema Virus“ (CEV, piszines Pockenvirus)], reaktiviert werden kann.

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

Staatliche Maßnahmen
Die Zielstellung bei der Bekämpfung der KHV-I besteht in der Freihaltung der Nutzkarpfenbestände. Durch die lückenlose Kontrolle des Zierfischhandels könnte die Einfuhr KHV-infizierter Kois verhindert werden.
Zur Verhütung und Bekämpfung der KHV-I werden folgende Vorbeugemaßnahmen empfohlen:

- Beim Zukauf von Zierfischen sollte zumindest auf der Ebene des Großhandels eine geeignete Quarantänisierung und KHV-Untersuchung der empfänglichen Arten erfolgen. Im Einzelhandel mit Zierfischen kann auf diese Maßnahme verzichtet werden, sofern empfängliche Arten ausschließlich von Großhändlern zugekauft werden, die eine Quarantänisierung und Untersuchung der entsprechenden Zukaufschargen schriftlich bestätigen (Rückverfolgbarkeit).
- Die Probennahme für die virologische Untersuchung (auch für die Abstriche bzw. für die Leukozytenseparation) sollte bei den quarantänisierten Fischen 24 Stunden bis maximal 3 Tage nach Ankunft im Bestand erfolgen. Die Wassertemperatur ist dabei

unerheblich, höhere Wassertemperaturen (> 15 °C) scheinen sich aber günstiger auf den Virusnachweis auszuwirken. Die Serumgewinnung sollte spätestens am Folgetag nach der Ankunft erfolgen, besser jedoch am Tag der Einstallung.

- Bei Nutzfischen ist die Quarantänisierung und Untersuchung vor dem Besatz ebenfalls anzustreben. Der Besatz sollte mit nachweislich „KHV-freien" Fischen erfolgen.
- Eine strikte seuchenhygienische Trennung der Zierfische (z. B. Kois, Orfen, Goldfische, Grascarpfen) 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 Fischseuchenverordnung hat der Betreiber eines Fischhaltungsbetriebes seinen Fischbestand entsprechend der Einstufung in die verschiedenen Kategorien „passiv" (Besichtigung /Adspektion der Anlagen und Teiche), „aktiv" (Probennahme 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 hiervon zu unterrichten.

Der 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 Gesetzlichkeiten 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 ist,
- die Meldung erhöhter Mortalität an die zuständige Behörde realisierbar erscheint,
- 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 war es, den Status „KHV-unverdächtiger Betrieb“ zu bescheinigen. Beim Nachweis des KHV wurden von der sächsischen Tierseuchenkasse bei Vorlage eines Konzeptes zur Bekämpfung der KHV-I Härtefallbeihilfen in Aussicht gestellt. Die Zielstellung des Programms war auch die Sanierung infizierter Bestände und die Tilgung der KHV-I vom sächsischen Territorium.

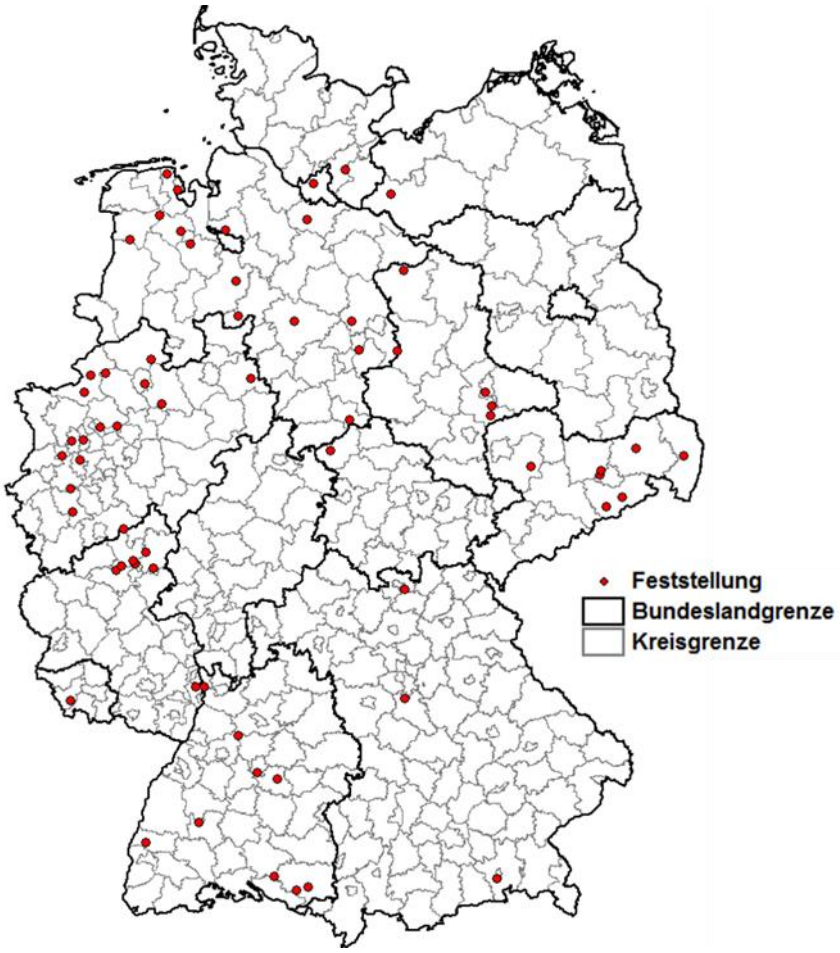


Abb. 1: Geografische Verteilung der im Jahr 2015 in Deutschland gemeldeten KHV-I-Ausbrüche (Quelle: TSN)

14. Lungenseuche der Rinder – Contagious Bovine Pleuropneumoniae (CBPP)

Heller, M., Schubert, E., Schnee, C.

Summary

Contagious Bovine Pleuropneumonia (CBPP) caused by *Mycoplasma mycoides* subsp. *mycoides (Mmm)* is a highly contagious respiratory disease.

Anorexia, fever, and massive respiratory signs in adult animals as well as arthritis in joints of calves and young cattle are characteristic for an acute course of CBPP. The existence of symptomless carriers in the field is well known, some of which may be in the sub-acute or chronic phase of infection presenting a major problem in combating the disease. The last outbreak of CBPP among European cattle was in 1999. Since then, no new cases have been reported in Europe. In 2015, as in the years before, the National Reference Laboratory for CBPP played an active role in updating the federal "Manual of Epizootic Diseases" (chapter CBPP) in the context of the convened task force "Control of Epizootic Diseases". The following report provides information on the current epidemiological situation worldwide and describes recent research projects of the National Reference Laboratory.

Zusammenfassung

Die Lungenseuche der Rinder wird verursacht durch *Mycoplasma mycoides* subsp. *mycoides (Mmm)*. Es handelt sich bei der Lungenseuche um eine hochkontagiöse fibrinöse Pleuropneumonie. Außerdem treten Anorexie und Fieber sowie, bei akutem Verlauf bei Kälbern und jüngeren Tieren, Arthritis auf. Es gibt neben akut erkrankten Tieren immer symptomlose Erregerausscheider. Die chronisch oder subakut erkrankten Rinder stellen als mögliche Überträger des Erregers ein großes Problem bei der Bekämpfung dieser Tierseuche dar. Der folgende Bericht informiert über die derzeitige epidemiologische Situation sowie über aktuelle Forschungsprojekte zu verbesserten diagnostischen Testsystemen und wirksameren Impfstoffen.

Epidemiologie

Die Lungenseuche ist in Afrika weit verbreitet und führt in den betroffenen Ländern zu großen wirtschaftlichen Verlusten. An der Verbreitung der Lungenseuche hat sich im Berichtszeitraum nichts geändert. Der Verbreitungsschwerpunkt liegt im Afrika südlich der Sahara. In einigen Ländern laufen Bekämpfungsprogramme insbesondere durch Impfung, wenngleich unsichere politische Situationen, wie zum Beispiel in Somalia und Mali, in der Vergangenheit öfter zum Stillstand bzw. zu Rückschlägen bei den Bekämpfungsmaßnahmen führten. Den letzten Ausbruch in Deutschland gab es 1926 und in Europa 1999 in Portugal.

Labordiagnostische Untersuchungen

Im Berichtszeitraum wurden zwei Proben bzw. Isolate eingeschickt, bei denen eine Ausschlussdiagnostik für Lungenseuche durchgeführt werden sollte. Die Proben stammten aus verendeten Tieren, bei denen das pathologische Bild einer massiven fibrinösen Bronchopneumonie vorlag. Nach Untersuchungen im Referenzlabor am FLI in Jena konnte in einem Fall *Mycoplasma bovis* als Ursache der Infektion ermittelt werden. Bei der anderen Einsendung war *Mannheimia haemolytica* Auslöser der Erkrankung. *Mycoplasma bovis* spielt neben *Mannheimia haemolytica* erst in jüngerer Zeit als differentialdiagnostisch für die Lungenseuche bedeutsamer Erreger bei erwachsenen Rindern mit fibrinöser Bronchopneumonie eine Rolle.

Es gab im Berichtszeitraum keine amtliche Anzeige eines Lungenseucheverdachts. Die letzte amtliche

Verdachtsprobe wurde im Mai 2014 eingesandt und untersucht. Dieses Tier war aber nicht mit Mykoplasmen infiziert, sondern es wurde *Mannheimia haemolytica* nachgewiesen.

Forschung

Zur Verbesserung der serologischen Diagnostik wurden in Verbundprojekten (gefördert durch das Bundeministerium für wirtschaftliche Zusammenarbeit und Entwicklung – BMZ mit Partnern aus Afrika (International Livestock Research Institute, Nairobi, Kenia und Central Veterinary Laboratory, Windhoek, Namibia) und Deutschland (FLI Jena und FLI Insel Riems sowie mit der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover) neue Testverfahren entwickelt. Im Rahmen eines Anfang 2014 abgeschlossenen Projektes wurde ein indirekter ELISA zum Nachweis von spezifischen Antikörpern gegen den Lungenseucheerreger unter Verwendung von rekombinanten Proteinen aufgebaut. Dazu wurden die zwei besten Kandidaten von 20 unterschiedlich spezifischen rekombinanten Proteinen ausgewählt, die in einem Cocktail zur Beschichtung von Mikrotiterplatten verwendet wurden. Die Validierung des Testes erfolgte mit etwa 100 gut charakterisierten, positiven und negativen Seren. Die ermittelte Spezifität von 96,4 % bzw. Sensitivität von 85,6 % ist mit der Spezifität und Sensitivität bisher verwendeter serologischer Testverfahren (KBR und kompetitiver ELISA) vergleichbar. Vorteil des neu entwickelten ELISAs ist dessen größere Robustheit, leichtere Durchführbarkeit und Eignung für die Einzeltierdiagnose.

In einem noch laufenden Verbundprojekt (ebenfalls gefördert durch das BMZ wird in Zusammenarbeit mit der Senova GmbH in Weimar ein Schnelltest auf der Basis der Lateral-Flow-Technik entwickelt, bei dem drei spezifische rekombinante Proteine zur Beschichtung verwendet werden. Der Test befindet sich momentan in der Validierungsphase. Es deutet sich an, dass er eine vergleichbare Sensitivität und Spezifität zum indirekten ELISA hat. Der Test soll als Schnelltest im Stall einsetzbar sein, um eine schnelle Aussage über das Vorhandensein von spezifischen Antikörpern gegen *Mmm* beim Einzeltier treffen zu können. Die gesamte Testdauer beträgt maximal 25 Minuten. Dies ermöglicht ein zügiges Erkennen und Isolieren von infizierten Tieren in den Beständen.

Andere Verbundpartner beschäftigen sich mit der Entwicklung verbesserter Impfstoffe ebenfalls auf der Grundlage von rekombinanten Proteinen. Der aktuell verfügbare Lebendimpfstoff führt nur zu einer Schutzwirkung von maximal einem Jahr und bei etlichen Tieren zu massiven Nebenwirkungen. Außerdem ist für dessen Handhabung eine sichere Kühlkette erforderlich, die nicht unterbrochen werden darf.

Staatliche Maßnahmen

Unter der Leitung des Nationalen Referenzlabors „Lungenseuche der Rinder“ wurde auch im Jahr 2015 die Aktualisierung des bundeseinheitlichen Tierseuchenbekämpfungshandbuches im Rahmen der Task Force Tierseuchenbekämpfung vorangebracht. Das jährliche Arbeitstreffen dieser Arbeitsgruppe fand im Juni in Erfurt statt.

15. Paratuberkulose – Paratuberculosis

Köhler, H., Möbius, P.

Summary

Paratuberculosis is distributed in cattle herds all over Germany, goat and sheep flocks as well as zoo ruminants are also affected. In 2015, 563 cases in ruminants were reported. Data about the prevalence on individual animal as well as herd level and on the proportion of infected zoo animals are not available.

Mycobacterium avium subsp. *paratuberculosis* (MAP) is divided into two major groups based on phenotypic and genotypic characteristics, cattle type (MAP-C or MAP-Type II) and sheep type (MAP-S or MAP-Type I/III). MAP-C isolates predominate in Germany. They were recovered from cattle, goats, sheep and free-ranging deer. MAP-S which is thought to be associated with sheep and small ruminants was isolated from 8 sheep and 2 cattle only. The isolates belonged to MAP-Type III.

In 2015, the licensing process for one real-time PCR for the detection of MAP in faecal and tissue samples and for one ELISA for antibody detection in serum and plasma was ongoing. Submissions for laboratory diagnosis focussed on faeces and tissue samples from small ruminants and from wild ruminants in zoological gardens.

Current research at the FLI aims at the identification and characterization of early diagnostic biomarkers for paratuberculosis and the investigation of virulence factors and characteristics of MAP.

The national recommendations for hygienic requirements in ruminant husbandry, which contain special recommendations for measures against paratuberculosis in cattle husbandry, continue to apply.

Zusammenfassung

Die Paratuberkulose ist in Rinderbeständen in ganz Deutschland verbreitet (Abb. 1), betrifft aber ebenso Schaf- und Ziegenbestände und Wiederkäuer in zoologischen Gärten. Im Jahr 2015 wurden in TSN 563 Fälle bei Wiederkäuern erfasst. Eine systematische bundesweite Untersuchung der Prävalenz der Erkrankung auf Herden- und Einzeltierebene bzw. innerhalb von zoologischen Gärten existiert bisher nicht.

Basierend auf phänotypischen und genotypischen Merkmalen wird der Erreger *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) in zwei große Gruppen unterteilt: Rindertyp (MAP-C, bzw. MAP-Typ-II) und Schaftyp (MAP-S, bzw. MAP-Typ-I/III). Der Rindertyp ist der in Deutschland vorwiegend vorkommende MAP-Typ. Er wurde bei Rindern, aber auch bei Ziegen, Schafen, und frei lebendem Rotwild gefunden. Der Schaftyp, der durch eine Wirtsassoziation zu Schafen bzw. zu kleinen Wiederkäuern charakterisiert ist, wurde in Deutschland bisher nur bei acht Schafen und zwei Rindern detektiert. Es handelte sich dabei um den MAP-Typ-III.

Im Jahr 2015 fanden experimentelle Untersuchungen im Rahmen der Zulassung eines Real-time PCR Kits zum MAP-Nachweis in Kot- und Gewebeproben und eines ELISA zum Nachweis von Antikörpern gegen MAP in Serum und Plasmaproben statt. 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.

Aktuelle Forschungsvorhaben des FLI zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung früher diagnostischer Biomarker für die Paratuberkulose

und die Untersuchung von Virulenzfakoren bzw. Virulenzeigenschaften von MAP ab.
Die „Empfehlungen für hygienische Anforderungen an das Halten von Wiederkäuern“, die „Maßnahmen zum Schutz gegen die Paratuberkulose in Rinderhaltungen“ enthalten, gelten weiterhin.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Primärdiagnostik der Paratuberkulose erfolgt in Deutschland in den Untersuchungsämtern der Länder bzw. der Tiergesundheitsdienste. Das Nationale Referenzlabor (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 2015 fanden experimentelle Untersuchungen im Rahmen der Zulassung eines Real-time PCR-Kits zum MAP-Nachweis in Kot- und Gewebeproben und eines ELISA zum Nachweis von Antikörpern gegen MAP in Serum und Plasmaproben statt. Außerdem fand im Berichtszeitraum eine vom NRL organisierte Laborvergleichsuntersuchung zum Nachweis von MAP in Kotproben von Rindern ihren Abschluss, an der 25 Labors aus dem In- und Ausland sowie das NRL selbst, teilnahmen. Die Teilnehmer waren aufgefordert, die bereitgestellten Proben mit den in ihrem Haus etablierten Kulturverfahren und/ oder Direkt-PCR-Verfahren zum Nachweis von MAP in Kotproben zu untersuchen. Für die Studie wurden 17 MAP-positive und fünf MAP-negative native Kotproben von Rindern vorbereitet. Im Ergebnis kann festgestellt werden, dass sich die Effektivität des Nachweises von MAP in Kotproben in den beteiligten Labors seit der letzten Laborvergleichsuntersuchung in den Jahren 2008/2009 deutlich verbessert hat. Sowohl mit der kulturellen Anzüchtung als auch mit der Direkt-PCR erkannten jeweils 65 % der beteiligten Labore mindestens 14 der positiven Proben (> 82 %) als positiv. Die Nachweisrate sank mit abnehmender MAP-Belastung der Proben ab. Unbefriedigende Ergebnisse bei der kulturellen Anzüchtung scheinen überwiegend durch die praktische Durchführung der Methoden und die Erfahrung des Personals bedingt zu sein. Bei der Verwendung zugelassener PCR-Kits in Kombination mit einer vom Hersteller empfohlenen DNA-Extraktionsmethode werden bei der Direkt-PCR hohe Nachweisraten erzielt.
Die labordiagnostischen Untersuchungen konzentrierten sich auch weiterhin 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 2015 wurden beim Rind 536 Fälle erfasst (Tab. 1). Darunter befanden sich auch Nachweise bei vier Kälbern, die jünger als sechs 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

Im Verlauf der letzten 15 Jahre wurde am FLI in Zusammenarbeit mit den Untersuchungsämtern der Bundesländer eine umfangreiche Sammlung an MAP-Isolaten aus ganz Deutschland zusammengestellt. Diese bildet die Grundlage für molekularepidemiologische Untersuchungen. Mit Hilfe von drei verschiedenen Methoden der Genotypisierung („fingerprinting“ mittels IS*900*-RFLP, MIRU-VNTR und MLSSR) wurden die Isolate charakterisiert, verschiedene Bakterienstämme identifiziert und

mögliche Übertragungswege verfolgt. Die dadurch mögliche Unterscheidung der Isolate geht über eine Zuordnung zu den beiden großen Gruppen Rindertyp (MAP-C, bzw. MAP-Typ II) bzw. Schaftyp (MAP-S, bzw. MAP-Typ I und Typ III) deutlich hinaus.

Es wurden insgesamt ca. 450 Isolate aus zwölf Bundesländern in Deutschland genotypisiert. Der größte Anteil stammte von Rindern aus ca. 230 Beständen, nur 10 % von Schaf, Ziege, Esel, und Rotwild - in privater Haltung, aus zoologischen Gärten oder wild lebend. Zusätzlich wurde ein humanes Isolat untersucht. Eine derart detaillierte Übersicht über das Vorkommen verschiedener MAP Genotypen innerhalb eines Landes ist einmalig.

Bei den Rinderisolaten wurden insgesamt 77 Genotypen gefunden, 22 Genotypen bei Isolaten der anderen Wirte. 14 dieser 22 Genotypen wurden ebenso bei Rindern detektiert, acht nur bei Schaf, Rotwild, Esel und Mensch. Fast alle Isolate gehörten dem MAP-Typ II an, nur zehn Isolate dem MAP-Typ III.

Bei der Genotypisierung und der damit verbundenen Auswertung von 14 Zielregionen („multitarget genotyping“) traten vier Genotypen am häufigsten auf, fünf weitere häufig, über 50 % der Genotypen wurde nur in einem Bestand gefunden. 15 Einzelprofile waren neu, d. h. weltweit noch nicht zuvor publiziert. In den Bundesländern, in denen die Paratuberkulose bereits seit Jarhzehnten endemisch vorkommt, wurde die größte Anzahl an derartig einmalig auftretenden Genotypen beobachtet. Jedoch wurden in den einzelnen Bundesländern jeweils andere Genotypen am häufigsten detektiert. Zukünftige Gesamtgenomuntersuchungen werden aufklären, mit welcher Geschwindigkeit und an welchen Genomsequenzen sich dieser Erreger mit seiner extrem langen Generationszeit durch fortwährende Tierpassagen und potentiell langes Überleben in der Umwelt verändert.

Mittels kombinierter Genotypisierung können MAP-Isolate so gut differenziert werden, dass Übertragungswege selbst bei dieser chronischen Erkrankung mit sehr langen Inkubationszeiten verfolgbar sind. Die detektierte Verteilung der am häufigsten auftretenden Genotypen auf die verschiedenen Bundesländer spiegelt die traditionellen Handelswege zwischen den Bundesländern wieder. Die Ergebnisse lassen nicht auf eine höhere Virulenz der am häufigsten auftretenden Genotypen schließen. In einem Naturschutzgebiet in Nordrhein-Westfalen wurden bei Rindern und Rotwild identische MAP-Genotypen gefunden, die nirgendwo sonst in Deutschland auftraten. Als Ursachen für die mutmaßliche Übertragung des Erregers werden gemeinsam genutzte bzw. mit Rindergülle gedüngte Weideflächen angesehen. Bei einem Esel aus einer Hobbyhaltung in Sachsen wurde einer der weltweit bisher äußerst seltenen Fälle von Paratuberkulose diagnostiziert. Die Erkrankung ließ sich neben dem nicht mehr aufzuklärenden individuellen Immunstatus auf eine von Geburt an 11-monatige gemeinsame Haltung dieses Tieres mit an Paratuberkulose erkrankten Rindern im Herkunftsbetrieb in Frankreich zurückführen.

Forschung

Aktuelle Forschungsvorhaben des FLI zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung früher diagnostischer Biomarker für die Paratuberkulose und die Untersuchung von Virulenzfakoren bzw. Virulenzeigenschaften von MAP ab.

In einem von der DFG geförderten Forschungsvorhaben wird untersucht, ob über tierische Proben oder bakterielle Kulturen spezifische Profile flüchtiger organischer Substanzen (VOC) nachweisbar sind und ob diese Profile diagnostisch genutzt werden können. Inzwischen konnten mehr als 30 VOCs identifiziert werden, die von *in vitro* wachsenden MAP emittiert werden. Es zeigte sich jedoch auch, dass die VOC-Profile über MAP-

Kulturen von biologischen und methodischen Faktoren beeinflusst werden sowie von der Bakteriendichte und den verwendeten Kulturmedien. Es sind noch umfangreiche Untersuchungen zu weiteren Einflussfaktoren und zur biologischen Variabilität erforderlich, bevor verlässliche VOC-Muster für diagnostische Zwecke definiert werden können.

In einer Studie wurde anhand von Rinderisolaten untersucht, ob es einen Zusammenhang zwischen dem Auftreten oder Fehlen von Paratuberkulose-spezifischen makroskopischen Veränderungen im Darm des Wirtes und dem Genotyp des infizierenden Stammes innerhalb der Rindertyp-Gruppe (MAP-Typ II) gibt. Es wurden insgesamt 88 MAP Isolate von klinisch gesunden, jedoch mit MAP infizierten, Kühen gesammelt. In Abhängigkeit vom Auftreten makroskopisch sichtbarer pathologischer Veränderungen im Darm wurden die Isolate zwei Gruppen (A und B) zugeteilt. Kühe der Gruppe A wiesen Paratuberkulose typische Veränderungen auf, Kühe der Gruppe B nicht. Die Tiere stammten aus verschiedenen Betrieben und zeigten eine übereinstimmende Altersverteilung. Die MAP-Isolate wurden mit Hilfe der MIRU-VNTR- und der IS*900*-RFLP-Analyse charakterisiert. Eine mögliche Assoziation der detektierten Genotypen mit dem Vorhandensein von makroskopischen Veränderungen wurde statistisch überprüft. Die MAP Isolate beider Gruppen zeigten eine ähnliche Diversität: 20 bzw. 18 kombinierte Genotypen wurden gefunden, insgesamt 32. Es konnte keine Assoziation zwischen bestimmten kombinierten Genotypen und dem Auftreten makroskopischer intestinaler Veränderungen festgestellt werden. Bei Isolaten der Gruppe A wurde der IS*900*-RFLP-(BstEII)-Typ C1 (ohne Berücksichtigung der MIRU-VNTR-Ergebnisse) häufiger detektiert als in Gruppe B ($p<0,01$). Dieser IS*900*-RFLP-Typ tritt in Europa, den Vereinigten Staaten und Neuseeland am häufigsten auf. Insgesamt ergaben die Daten jedoch keine eindeutigen Hinweise auf Virulenzunterschiede von Isolaten mit bestimmten (kombinierten) Genotypen innerhalb der Rindertyp-Gruppe. In folgenden Untersuchungen ist abzuklären, ob IS*900*-RFLP-Typ-C1 Isolate besondere Virulenzeigenschaften aufweisen.

Staatliche Maßnahmen

Die Paratuberkulose ist nicht bekämpfungspflichtig. Die „Empfehlungen für hygienische Anforderungen an das Halten von Wiederkäuern“ enthalten die deutschlandweite Bekämpfungsstrategie, die in den „Maßnahmen zum Schutz gegen die Paratuberkulose in Rinderhaltungen“ formuliert ist. 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: In TSN gemeldete Paratuberkulose-Fälle 2015

Jahr	Rind	Schaf	Ziege	Andere Tierarten/Boviden	Gesamt
2015	536	11	14	2	563

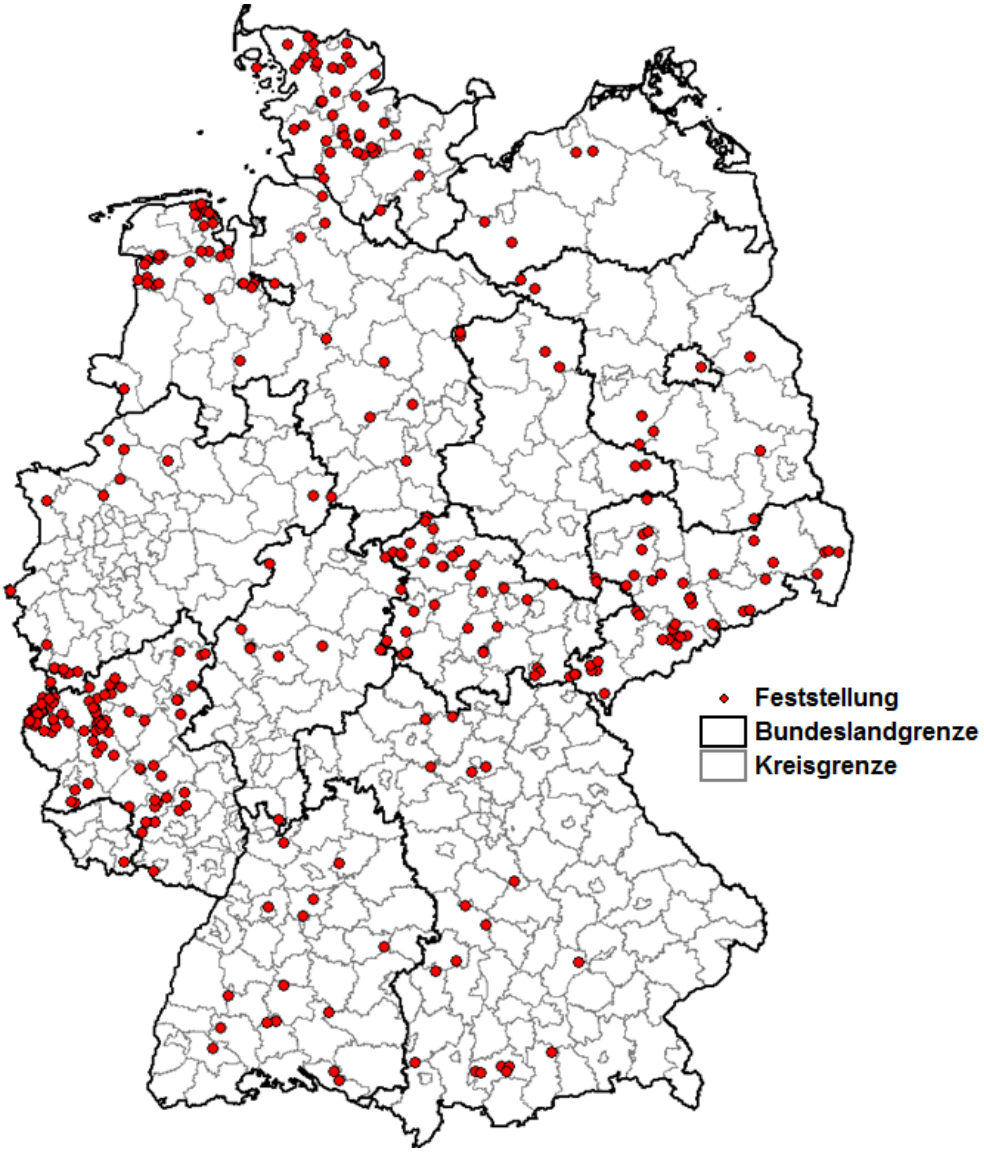


Abb. 1: Regionale Verteilung der im Jahr 2015 in Deutschland gemeldeten Paratuberkulosefälle (Quelle: TSN)

16. Porzine epidemische Diarrhoe – Porcine epidemic diarrhea

Blome S., Pohlmann, A., Homeier-Bachmann, T., Beer, M.

Summary

Porcine epidemic diarrhea (PED) is an acute and highly contagious enteric disease of swine that results in severe enteritis, diarrhea, vomiting, and dehydration. Especially in suckling pigs, mortality can be very high. The causative agent, Porcine epidemic diarrhea virus (PEDV), is an enveloped positive single-stranded RNA virus that belongs to the family *Coronaviridae*, genus *Alphacoronavirus*. After its first recognition in Europe in the 1970s, the disease caused considerable economic losses, especially in Asia. In May 2013, a highly virulent PEDV variant emerged in the United States (US), with swine farms experiencing explosive epidemics affecting all age classes of animals, with a mortality of up to 95% in suckling pigs. Since May 2014, several cases of PED have been reported from the southern and western part of Germany with numbers of cases rising in winter. In most cases, fattening pigs were affected showing high morbidity with almost non-existent mortality. However, some breeding herds reported high mortality rates with up to 85% losses in suckling piglets. Despite the fact that the overall impact seems to be low, problems remain, especially with complete eradication of the disease from affected farms.

Allgemeine Informationen

Die epizootische Virusdiarrhoe des Schweins (engl. *porcine epidemic diarrhea*; PED) wird durch ein Coronavirus verursacht, das u. a. mit dem Virus der Transmissiblen Gastroenteritis (TGEV) verwandt ist. Die hochansteckende Erkrankung ist durch eine schwere Darmentzündung, wässrigen Durchfall (siehe Abb. 1), Erbrechen und Dehydrierung gekennzeichnet. Während alle Altersklassen von Schweinen erkranken können, sinkt die Sterblichkeit mit zunehmendem Alter. Bei Saugferkeln kann die Infektion mit dem Virus der PED (PEDV) zu hohen Verlusten (bis 100 %) führen.

Abb. 1: PED erkranktes Ferkel mit gelblichem Durchfall

Die Erkrankung trat erstmals 1971 in Europa auf und verursachte in den darauffolgenden Jahren große Verluste, insbesondere in Asien, wo sich die Infektion in der Schweinepopulation rasant ausbreitete. Seit Mai 2013 sorgte eine anscheinend besonders schwere Form der PED in den USA für Aufsehen. Sie führte in vielen Schweinebetrieben zu explosionsartigen Epidemien, die alle Altersklassen von Schweinen betrafen. Bei Saugferkeln wurde eine bis zu 95%ige Mortalität beobachtet. Die Sequenzierung der beteiligten Virusisolate zeigte eine hohe Verwandtschaft zu asiatischen Stämmen. Dennoch sind geringgradige Besonderheiten auf Gesamtgenombasis zu finden (unterschiedliche Sequenzmuster, insbesondere im Spike-Protein). Kürzlich wurde auch von sehr verlustreichen Ausbrüchen in ukrainischen Schweinebetrieben berichtet. Diese gingen mit 100 % Verlusten im Saugferkelbereich, schweren Symp-

tomen bei älteren Tieren und Aborten bei bis zu 30 % der tragenden Sauen einher. Dieses Virus ist sehr eng mit den hochvirulenten US-amerikanischen Stämmen verwandt.

Auch in Deutschland sind seit Mai 2014 PED-Fälle aufgetreten, mit steigenden Fallzahlen im Winter. In den meisten Fällen stehen sehr hohen Erkrankungsraten geringen Verlustraten gegenüber. Einige Betriebe berichten jedoch auch von hohen Verlustraten in jungen Saugferkeln (> 80 %). Der Zusammenhang zwischen Schwere der PED-Erkrankung und Sekundärinfektionen wird derzeit geprüft.

Zur Beantwortung der Frage, ob es sich bei den in Deutschland vorkommenden Virusstämmen um Stämme handelt, die den US-amerikanischen ähneln, wurden diverse PEDV-Volllängensequenzen mittels Hochdurchsatzsequenzierung (*next-generation sequencing*) erstellt und vergleichenden Analysen unterzogen. Basierend auf diesen Daten kann man folgende Aussagen treffen: a) die bisher charakterisierten PEDV-Stämme aus Deutschland sind eng miteinander verwandt und bilden eine Gruppe, die sich von den historischen PEDV-Stämmen deutlich unterscheidet, b) ähnliche Viren wurden u.a. in Italien, Frankreich, Österreich und den Niederlanden charakterisiert, c) es existiert eine deutliche Abgrenzung zu den hochvirulenten US-amerikanischen und asiatischen Stämmen, d) eine hohe Ähnlichkeit besteht jedoch mit einem Stamm, der ebenfalls in den USA in Fällen mit milderer Klinik beschrieben wurde. Weiterführenden Untersuchungen sind angezeigt, um diese Befunde besser einzuordnen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Der diagnostische Nachweis kann in einigen kommerziellen Laboren, den veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen in den Bundesländern und bestätigend auch am FLI erfolgen.

Es besteht die Möglichkeit, das Genom der Viren mittels real-time Polymerasekettenreaktion nachzuweisen. Auf diese Weise kann auch eine Differenzierung zwischen PEDV und TGEV erfolgen (es wurde eine multiplex RT-PCR zugelassen).

Es besteht generell die Möglichkeit, Kotproben elektronenmikroskopisch auf Coronaviren zu untersuchen. Darüber hinaus kann eine Anzucht auf empfänglichen Zellen versucht werden, diese gelingt jedoch nur selten.

Für den serologischen Nachweis sind kommerzielle ELISAs verfügbar, die jedoch eine sehr variable Sensitivität und Spezifität besitzen.

Statistische Angaben

Die PED unterliegt weder der Anzeige- noch der Meldepflicht, so dass es keine offizielle Statistik der Fälle und Untersuchungen gibt. Nichtsdestotrotz lässt sich sagen, dass die PED eindeutig eine „emerging disease“ ist, deren „impact“ in Deutschland jedoch bisher überschaubar ausfiel.

Staatliche Maßnahmen

Zur Bekämpfung stehen nur veterinärhygienische Maßnahmen zur Verfügung, da bislang keine Impfstoffe in Europa zugelassen sind.

17. Q-Fieber – Q-Fever

Henning, K., Gerlach, C., Mertens, 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. For some reasons, the agent must be isolated by cell culture. Over the last decades, between 46 and 416 human cases were annually reported 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.

Phone: +49(0)3641-804 2327
E-mail: Klaus.Henning@fli.de

Zusammenfassung

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). Die Zahl der Q-Fieber-Erkrankungen beim Menschen lag 2015 bei 321 Fällen (Quelle: Robert Koch-Institut). Für das Rind wurden 2016 (Stand 07.10.2016) 291 Fälle gemeldet, für die Ziege zwei Fälle und das Schaf 16 Fälle.

Das durch den zoonotischen Erreger *Coxiella burnetii* verursachte Q-Fieber kommt mit Ausnahme von Neuseeland weltweit vor. Aufgrund der geringen minimalen Infektionsdosis und der Übertragung über Aerosole gilt *C. burnetii* als Biowaffenagens (Oyston et al., 2011). In Menschen verläuft Q-Fieber in etwa 50 % der Infektionen symptomlos, während bei der anderen Hälfte eine akute, grippeähnliche Erkrankung auftritt. Bei einem bis fünf Prozent der Fälle kann sich eine lebensbedrohliche, chronische Krankheit (Endokarditis, Hepatitis) entwickeln.

Q-Fieber-Ausbrüche stellen eine ernsthafte Bedrohung für die öffentliche Gesundheit dar mit bis zu 415 bestätigten humanen Infektionen pro Ausbruch (Roest et al., 2013). Der große Q-Fieber Ausbruch in den Niederlanden von 2007 bis 2010 hatte 4 000 akute und 284 chronische Erkrankungen zur Folge, wobei die Sterblichkeitsrate der chronisch-Infizierten bei 19,1 % lag (Kampschreur et al., 2014).

Übertragen wird der Erreger meist durch infizierte, trächtige Schafe und Ziegen. Eine Infektion in den Tieren verläuft meist symptomlos oder es treten Aborte und Totgeburten auf. Dabei, aber auch bei Geburten gesunder Nachkommen, werden die Erreger massiv ausgeschieden. Das Fehlen von spezifischen Symptomen und die suboptimale Sensitivität der Q-Fieber-Diagnostik in Tieren, 84,6 % nach einer Bayes'schen Studie (Paul et al., 2013), sind u. a. Ursachen für das wiederholte Auftreten von Ausbrüchen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Im Jahre 2015 wurden 1 648 Proben mittels real time PCR auf *Coxiella burnetii*-DNA untersucht. Bei diesen Proben handelte es sich um Organproben

(Nachgeburten, Lunge, Niere, Leber, Hirn) von Rindern, Ziegen und Schafen sowie um DNA-Proben von Zecken. Insgesamt konnte der Erreger in 169 Proben nachgewiesen werden. Des Weiteren wurden 652 Serum- und Plasmaproben zur Untersuchung eingesandt.

Das Nationale Referenzlabor (NRL) für Q-Fieber ist an der Zulassung und Chargenfreigabe serologischer und molekularbiologischer Q-Fieber-Tests (ELISA bzw. qPCR) beteiligt. Im Jahre 2015 wurden aufgrund der Prüfungsergebnisse vier Chargen Q-Fieber-ELISA sowie eine Charge eines qPCR-Test-Kits zum Nachweis von *Coxiella burnetii* freigegeben. Des Weiteren erfolgte eine Prüfung zwecks Zulassung eines qPCR-Test-Kits.

Workshops

Ein wichtiges Anliegen des NRL für Q-Fieber ist die Kommunikation unter den Wissenschaftlern. Am 24. und 25. Februar 2015 fand im Konferenzsaal des Tiergesundheitsdienstes Bayern e.V. (TGD), Grub, die Tagung „Diagnostik Dialog Q-Fieber“, statt, eine Gemeinschaftsveranstaltung des TGD Bayern e.V., des Nationalen Referenzlabors für Q-Fieber am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Jena und der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft e.V., Fachgruppe AVID. Organisiert wurde die Veranstaltung von Herrn Dr. Jens Böttcher, Leiter des Zentralinstituts des Tiergesundheitsdienstes Bayern e.V. und seiner Arbeitsgruppe. An der Tagung nahmen 109 Personen, vorrangig aus Deutschland, aber auch Wissenschaftler aus Südtirol, Österreich, der Schweiz und Polen teil.

Am 1. April 2015 fand im Universitätsklinikum Jena-Lobeda der 2. Jenaer Q-Fieber-Workshop statt. Diese wurde als Gemeinschaftsveranstaltung der Nationalen Forschungsplattform für Zoonosen, des Universitätsklinikums Jena sowie der Landestierärztekammer Thüringen durchgeführt. Die Veranstaltung, für die sich 75 Kolleginnen und Kollegen angemeldet hatten, war für Humanmediziner, Veterinärmediziner und Biologen ausgelegt.

Am 29. und 30. September 2015 fand im Konferenzraum des Fraunhofer Institut für Zelltherapie und Immunologie (IZI) die Tagung „Workshop on Arthropod-Borne Diseases“ statt, eine Gemeinschaftsveranstaltung des IZI und des Nationalen Referenzlabors für Q-Fieber am FLI in Jena. Ein Thema dieses Workshops war auch das Q-Fieber (Resistenztest für die Testung des Q-Fieber-Erregers gegenüber verschiedener Antibiotika; *Coxiella burnetii* in kenianischen Zecken). An diesem Workshop nahmen 27 Kolleginnen und Kollegen teil.

Forschung

Identifizierung von *Coxiella burnetii* B-Zell-epitopen zur Entwicklung eines hochsensitiven und spezifischen Diagnostikassays

Gerlach, C.

Ziel dieses Projektes ist die Entwicklung eines neuen Ansatzes zur serologischen Diagnostik. Die aktuelle serologische Diagnostik beruht auf Ganzzellextrakten des Referenzstammes. Dadurch bietet sie aufgrund der erheblichen Proteinheterogenität zwischen *C. burnetii*-Stämmen (Beare et al., 2009) keine große Sicherheit. Außerdem eignet sich die aktuelle Diagnostik nicht zur Differenzierung von geimpften und infizierten Tieren. Dies ist jedoch zur Isolation von infektiösen Ausscheidern wichtig.

Der neue Diagnostikansatz beruht auf einzelnen, ausgewählten immunogenen und *C. burnetii*-spezifischen Peptiden. Dieser Ansatz ermöglicht eine hohe Sensitivität und Spezifität, da die Peptide aller sequenzierten Stämme detektiert und zugleich Kreuzreaktionen durch ähnliche Erreger ausgeschlossen werden können.

Entwicklungen, ähnlich zur angestrebten Diagnostikmethode, zeigen vielversprechende Ergebnisse in der Unterscheidung neun verschiedener Chlamydienarten sowie Serovar-Typen (Rahman et al., 2015) und werden aktuell vom Institut für molekulare Pathogenese des Friedrich-Loeffler-Instituts im Mircroarray-Format getestet.

Zur Realisierung eines entsprechenden Assays für *C. burnetii* wurde 2015 mit der *in silico* Analyse von immunogenen Proteinen begonnen. Die Analysen umfassen Algorithmen zur Epitop-Vorhersage und Sequenz-Alignments zur stringenten Auswahl von Peptiden.

Im Weiteren soll die strenge Selektion der Peptide experimentell anhand von ELISAs mit Seren von Q-Fierber- sowie Chlamydien-, Campylobacter- und Brucellose-infizierten Tieren als Kontrollen erfolgen.

Literatur

- Beare, P. A., et al. (2009). "Comparative genomics reveal extensive transposon-mediated genomic plasticity and diversity among potential effector proteins within the genus *Coxiella*." Infect Immun 77(2): 642-656.
- Kampschreur, L. M., et al. (2014). "Chronic Q fever in the Netherlands 5 years after the start of the Q fever epidemic: results from the Dutch chronic Q fever database." J Clin Microbiol 52(5): 1637-1643.
- Oyston, P.C., Davies, C. (2011) “Q fever: the ne-glected biothreat agent.” J Med Microbiol 60(Pt 1): 9-21.
- Paul, S., et al. (2013). "Bayesian estimation of sensitivity and specificity of *Coxiella burnetii* antibody ELISA tests in bovine blood and milk." Prev Vet Med 109(3-4): 258-263.
- Rahman, K. S., et al. (2015). "Defining species-specific immunodominant B cell epitopes for molecular serology of *Chlamydia* species." Clin Vaccine Immunol 22(5): 539-552.
- Roest, H. I., et al. (2013). "Q fever diagnosis and control in domestic ruminants." Dev Biol (Basel) 135: 183-189.

Lipopolysaccharid (LPS) – Struktur, Biosynthese und Funktion

Mertens, K.

Dem Lipopolysaccharid (LPS), als dominantes Oberflächenantigen von *Coxiella burnetii*, wird eine wichtige Rolle bei der Entstehung der protektiven Immunantwort zugeschrieben (Zhang et al., 2007, Vishwanath et al., 1988). Auf zellulärer Ebene spielt das LPS während der Rezeptor-vermittelten Phagozytose durch Monozyten/Makrophagen via des $\alpha_v\beta_3$ Integrin-Rezeptors eine wichtige Rolle und wirkt antagonistisch auf eine TLR4-vermittelte Zellaktivierung [Shannon et al., 2005, Capo et al., 2003, Zamboni et al., 2004).

Die Struktur des LPS ist nur fragmentarisch aufgeklärt. Der Lipid A-Anker besteht aus einem typischen bi-phosphoryliertem ß-(1,6)-verknüpften D-Glucosamin-Disaccharid, welches im Gegensatz zum typischen hexa-acyliertem enterobakteriellem Lipid A nur tetra-acyliert ist. Dieser strukturelle Unterschied könnte u.a. die Ursache für die schwache endotoxische Wirkung des LPS von *C. burnetii* sein (Toman et al., 2004, Vadovic et al., 2009). Das Lipid A ist durch drei 3-deoxy-α-D-manno-oct-2-Ulopyranosid-Reste (Kdo) an das innere Kernoligosaccharid geknüpft, welches aus zwei D-glycero-D-manno-Heptose-Resten (D,D-Hep), terminal substituiert mit D-Mannose (D-Man), besteht. Die Struktur des äußeren Kernoligosaccharids, welches sich aus Heptose und Mannose zusammensetzt, ist nicht bekannt (Toman et al, 1996). Die O-spezifische Polysaccharidkette besteht aus Mannose, Glucose, N-Acetylglucosamin, N-Acetyl-galactosamin sowie den ungewöhnlichen Zuckerresten ß-D-Virenose (6-deoxy-3-C-methyl-gulose) und L-Dihydroxystreptose (3-C-

(hydroxymethyl)-lyxose) (Toman et al., 1998, Vadovic et al., 2005).

Mehrfaches Passagieren von *C. burnetii* in immun-inkompetenten Wirten (z.B. embryoniertes Hühnerei) führt zu einem sogenannten Phasenwechsel, welcher mit dem Verlust der O-spezifischen Polysaccharidkette einhergeht (Ftacek et al., 2000, Stoker et al., 1956). Von dem *C. burnetii* Nine Mile Isolat gibt es zwei Klone: Phase I RSA 493 (Klon 7) und Phase II RSA 439 (Klon 4). Der Klon RSA 439 weist eine chromosomale Deletion von ca. 30kb auf und es wird angenommen, dass diese Region für Enzyme kodiert, die in die Synthese des O-spezifischen Zuckers Virenose involviert sind (Hoover et al., 2002, Narasaki et al., 2011). Weitere bekannte Phase II-Isolate weisen diese chromosomale Deletion nicht auf und der zugrunde liegende Mechanismus ist unbekannt. Durch Selektion von spontanen LPS-Mutanten sollen Strukturanalysen mit genetischer Information verknüpft werden, um den Biosyntheseweg der O-spezifischen Polysaccharidkette zu entschlüsseln. Der Einfluss des LPS auf die Pathogen-Wirts-Interaktion soll durch Analysen der LPS-Mutanten in verschiedenen Zellkulturmodellen charakterisiert werden.

Literatur

- Capo, C., et al., *Coxiella burnetii* avoids macrophage phagocytosis by interfering with spatial distribution of complement receptor 3. J Immunol, 2003. 170(8): p. 4217-25.
- Ftacek, P., L. Skultety, and R. Toman, Phase variation of *Coxiella burnetii* strain Priscilla: influence of this phenomenon on biochemical features of its lipopolysaccharide. J Endotoxin Res, 2000. 6(5): p. 369-76.
- Hoover, T.A., et al., Chromosomal DNA deletions explain phenotypic characteristics of two antigenic variants, phase II and RSA 514 (crazy), of the *Coxiella burnetii* nine mile strain. Infect Immun, 2002. 70(12): p. 6726-33.
- Narasaki, C.T., K. Mertens, and J.E. Samuel, Characterization of the GDP-D-mannose biosynthesis pathway in *Coxiella burnetii*: the initial steps for GDP-beta-D-virenose biosynthesis. PLoS One, 2011. 6(10): p. e25514.
- Shannon, J.G., D. Howe, and R.A. Heinzen, Virulent *Coxiella burnetii* does not activate human dendritic cells: role of lipopolysaccharide as a shielding molecule. Proc Natl Acad Sci U S A, 2005. 102(24): p. 8722-7.
- Stoker, M.G. and P. Fiset, Phase variation of the Nine Mile and other strains of *Rickettsia burneti*. Can J Microbiol, 1956. 2(3): p. 310-21.
- Toman, R. and L. Skultety, Structural study on a lipopolysaccharide from *Coxiella burnetii* strain Nine Mile in avirulent phase II. Carbohydr Res, 1996. 283: p. 175-85.
- Toman, R., et al., NMR study of virenose and dihydrohydroxystreptose isolated from *Coxiella burnetii* phase I lipopolysaccharide. Carbohydr Res, 1998. 306(1-2): p. 291-6.
- Toman, R., et al., Physicochemical characterization of the endotoxins from *Coxiella burnetii* strain Priscilla in relation to their bioactivities. BMC Biochem, 2004. 5: p. 1.
- Vadovic, P., et al., Structural and functional characterization of the glycan antigens involved in immunobiology of Q fever. Ann N Y Acad Sci, 2005. 1063: p. 149-53.
- Vadovic, P., et al., Structural studies of lipid A from a lipopolysaccharide of the *Coxiella burnetii* isolate RSA 514 (Crazy). Clin Microbiol Infect, 2009. 15 Suppl 2: p. 198-9.
- Vishwanath, S. and T. Hackstadt, Lipopolysaccharide phase variation determines the complement-mediated serum susceptibility of *Coxiella burnetii*. Infect Immun, 1988. 56(1): p. 40-4.

- Zhang, G., et al., Mechanisms of vaccine-induced protective immunity against *Coxiella burnetii* infection in BALB/c mice. J Immunol, 2007. 179(12): p. 8372-80.
- Zamboni, D.S., et al., Stimulation of toll-like receptor 2 by *Coxiella burnetii* is required for macrophage production of pro-inflammatory cytokines and resistance to infection. J Biol Chem, 2004. 279(52): p. 54405-15.

18. 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 have to be considered in differential diagnosis.

Since 1950, which marked the beginning of the statistical recording of blackleg outbreaks, a downward trend in the yearly number of outbreaks was observed till the 1990s (Tab.1, Tab. 2). In 2015, a total of three outbreaks were recorded.

Zusammenfassung

Seit 1950, dem Beginn der statistischen Erfassung der Rauschbrandausbrüche in Deutschland konnte bis in die 1990er Jahre ein tendenzieller Rückgang der jährlichen Ausbruchszahlen beobachtet werden (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2015 wurden drei Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

Epidemiologie

Der Rauschbrand ist eine seuchenhaft und akut verlaufende, infektiöse, aber nicht kontagiöse Gasödemkrankheit, die meist junge Rinder sowie gelegentlich Schafe bzw. Ziegen befällt. Die metastatische Bildung von Gasödemen in den großen Muskelpartien ist dabei charakteristisch. Erreger des Rauschbrandes ist *Clostridium (C.) chauvoei*. Der seuchenhafte Verlauf beim Rind begründet die vorrangige Bekämpfung des Rauschbrandes verglichen mit anderen Clostridieninfektionen. In Deutschland tritt der Rauschbrand als bodengebundene Krankheit fast ausschließlich in den küstennahen Weidegebieten der norddeutschen Tiefebene und in der Voralpenregion auf. In den so genannten Rauschbranddistrikten kann die Krankheit beim Weidevieh jährlich unterschiedliche, in Ausnahmejahren auch erhebliche, Verluste verursachen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Bei den Gasödeminfektionen sind weitere Clostridienspezies, wie *C. novyi*, *C. perfringens*, *C. histolyticum*, *C. sordellii* und *C. fallax* differentialdiagnostisch zu berücksichtigen, darüber hinaus ist Milzbrand auszuschließen. Die Abgrenzung von *C. chauvoei* und *C. septicum* mit traditionellen mikrobiologischen Methoden ist problematisch, da sich die beiden Erreger in vielen Eigenschaften gleichen. Eine Differenzierung ist über die Wuchsform 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 real-time 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 2015 wurden drei Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

Tabelle 1: Rauschbrandausbrüche 1950 bis 2009

Rauschbrand	1950-1959	1960-1969	1970-1979	1980-1989	1990-1999	2000-2009
$\overline{x}$ Neuausbrüche/Jahr	64,1	64,9	64,8	29,7	18,1	19,9

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 31.12.2015)

Tabelle 2: Rauschbrandausbrüche 2004 bis 2015

Rauschbrand	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Neuausbrüche	48	23	34	14	22	13	10	6	6	3

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 31.12.2015)

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.

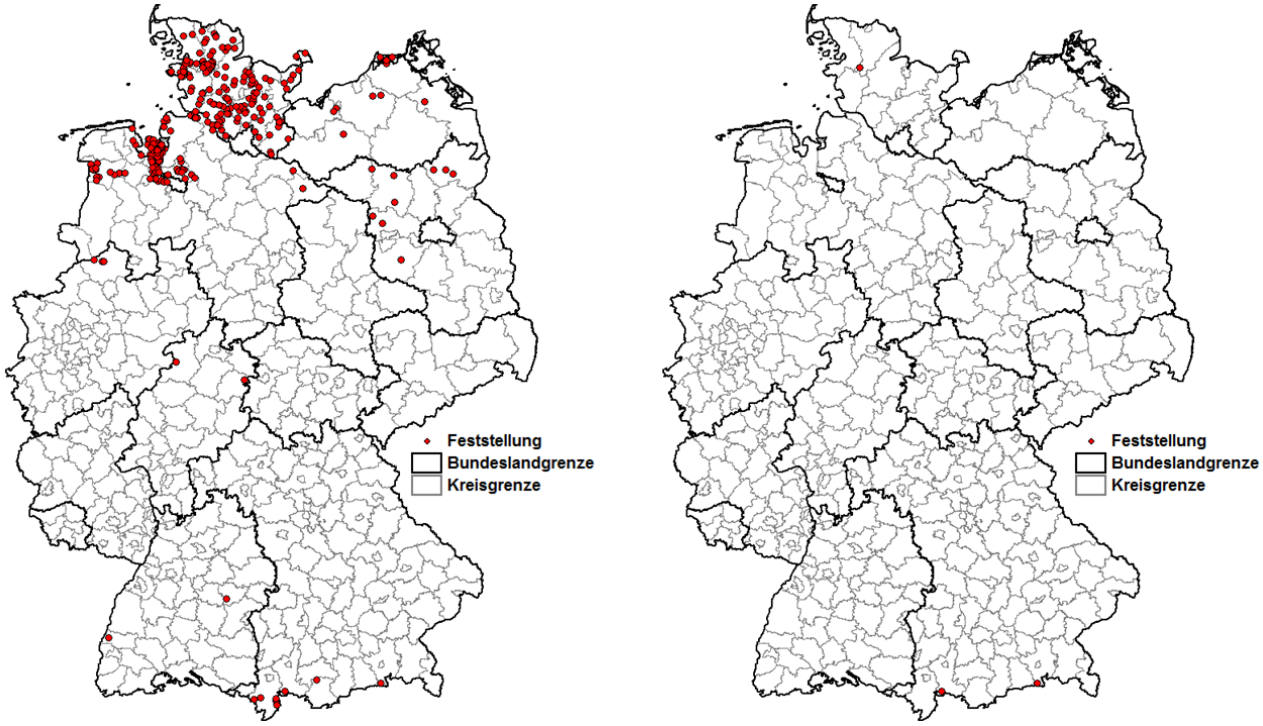


Abb. 1: Räumliche Verteilung der Rauschbrandausbrüche (n = 337) 01.01.1995 bis 31.12.2015 (linke Karte) und im Berichtszeitraum (n = 3) 01.01.2015 bis 31.12.2015 (rechte Karte)

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). Ein weiteres Forschungsziel ist 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 worden 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 Schutzmaßregeln gegen den Rauschbrand vor. In den letzten Jahren wurde teilweise von der möglichen Anordnung der Impfung für Tiere, die auf so genannte Rauschbrandalpen oder -weiden in der Voralpenregion aufgetrieben werden sollten, Gebrauch gemacht. Seit 01.01.2015 wird die Rauschbrand-

impfung in Bayern nicht mehr angeordnet und die Kosten nicht mehr von der Bayerischen Tierseuchenkasse erstattet.

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 entercolitis caused by Clostridium chauvoei in the United States: tip of the iceberg? J Infect. 2012 Feb;64(2):225-7. Epub 2011 Sep 16.

19. Rotz – Glanders

Elschner, M.C., Liebler-Tenorio, E., Homeier-Bachmann, T.

Summary

Western European countries were free from glanders since the 1960s. In 2015, glanders was notified in a German horse resulting in restrictions in international trade of equids and their products for six months. The animal was confirmed several times to be serologically positive without obvious clinical signs. All tissue samples collected from internal organs during the diagnostic necropsy proved negative in microbiological and molecular biological anaylses. Only in skin lesions the presence of *B. mallei*-specific DNA was confirmed by real-time PCR.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Rotz für Exportbescheinigungen werden in den Untersuchungsämtern oder Privatlaboren durchgeführt. Das Nationale Referenzlabor (NRL) wird zur Abklärung verdächtiger oder positiver serologischer Befunde einbezogen. Die hierbei verwendeten serologischen, mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung aufgeführt.

Nach serologisch positivem Ergebnis bei einer Exportuntersuchung in einem Privatlabor im November 2014, wurde ein Pferd, welches in die USA exportiert werden sollte, wiederholt im NRL serologisch positiv auf Rotz befundet. Dabei erfolgte die Bestätigung der positiven KBR-Befunde jeweils mittels Westernblot. Am lebenden Tier gibt es keine sicheren Verfahren, den Erreger *Burkholderia mallei* auszuschließen. Die diagnostische Tötung des Tieres wurde angeordnet. Die pathologischen Untersuchungen ergaben an den inneren Organen keine Veränderungen, wie sie für Rotz beschrieben sind. Die mikrobiologischen Anzuchtversuche aus Organmaterialien sowie die molekularbiologischen Analysen verliefen negativ. Einige verschorfte Hautveränderungen an den Gliedmaßen und im Halsbereich wurden für histologische Untersuchungen entnommen. In diesen entzündlichen Hautläsionen erfolgten immun-histologische Analysen mittels *B.mallei*-Antiserum. Die dabei festgestellten Markierungen, denen keine Bakterien zugeordnet werden konnten, veranlassten eine molekularbiologische Untersuchung der Hautveränderungen. Die PCR ergab für die beiden target-Regionen des *fliP*- und *bimA*-Gens positive Ergebnisse. Am 27.01.2015 erfolgte die amtliche Feststellung des Rotz-Falles.

Statistische Angaben

Deutschland war offiziell seit 1955 frei von Rotz.

Epidemiologische Untersuchungen

Das Pferd (geb. am 11.05.2008 in Schleswig-Holstein) wurde in verschiedenen Beständen in Schleswig-Holstein, Nordrhein-Westfalen und Niedersachsen gehalten bzw. trainiert und hat Deutschland nie verlassen. Es wurde jedoch ermittelt, dass andere Pferde aus dem Bestand zum Turnier in Brasilien waren bzw. wurden Pferde aus Brasilien eingeführt. Nach der Bestandssperre wurden alle Pferde dreimal mit negativem Ergebnis im Abstand von jeweils zwei Wochen untersucht. Insgesamt wurden 398 Kontaktpferde in weiteren Beständen in Niedersachsen und in zehn anderen Bundesländern (Schleswig-Holstein, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, Hessen, Brandenburg, Berlin, Bayern, Baden-Württemberg, Sachsen und Sachsen-Anhalt) ermittelt. Die Ergebnisse der Untersuchungen dieser Kontaktpferde waren allesamt negativ im Hinblick auf das Vorliegen von Rotz. Darüber hinaus wurden 2014

bis 2015 bundesweit im Rahmen von Untersuchungen zwecks Ausfuhr in Drittländern ca. 7000 Pferde negativ im Hinblick auf das Vorliegen von Rotz getestet. Die Ursache für die Einschleppung der Erkrankung ist ungeklärt.

Forschung

Das Nationale Referenzlabor arbeitet an der Verbesserung der serologischen Rotzdiagnostik. Die weitere Validierung des Westernblots als Bestätigungstest sowie weiterer neuer serologischer Methoden sind Gegenstand eines internationalen Forschungsprojektes, welches durch die OIE 2016 bis 2017 gefördert wird.

Staatliche Maßnahmen

Rotz ist anzeigepflichtig. Die Vorgaben der Richtlinie 2009/156/EG im Hinblick auf das innergemeinschaftliche Verbringen von Einhufern, nach der registrierte und andere Equiden innergemeinschaftlich nur verbracht werden dürfen, wenn bestätigt werden kann, dass der zu verbringende Equide in den letzten sechs Monaten nicht in einem wegen Rotz gemaßregelten Bestand gehalten wurde, wurden angewendet; diese Maßnahme gilt für sechs Monate nach Tötung des betroffenen Tieres. Infolge des Rotzfalles haben einige Länder den Import von Pferden bzw. entsprechenden Produkten ausgesetzt.

Tabelle 1: Rotz-Anzeigen bei der OIE 2007 - 2015

2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Brasilien	Brasilien	Brasilien	Bahrain	Afghanistan	Afghanistan	Brasilien	Brasilien	Brasilien
Indien	Indien	Indien	Brasilien	Bahrain	Brasilien	Indien	Indien	Indien
Iran	Iran	Iran	Eritrea	Brasilien	Indien	Iran	Iran	Iran
Mongolei	Mongolei	Kuwait	Indien	Indien	Iran	Pakistan	Irak	
Russland		Mongolei	Iran	Iran	Pakistan	Russland	Deutsch-	
		Myanmar	Kuwait	Libanon			land	
			Mongolei	Myanmar				
			Myanmar	Pakistan				
			Pakistan					

Quelle: OIE World Animal Health Information System Online im Internet:
http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Diseaseinformation/Diseasetimelines; Stand: 05.01.2016

20. 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 2015, 65 outbreaks of bovine salmonellosis were recorded (Table 1). The number of outbreaks in the federal states (Länder) between 2011 and 2015 is shown in table 2. The regional distribution of salmonellosis outbreaks in cattle herds between 2012 and 2015 is presented in figure 1.

Between 1995 and 2002, the serovar *Salmonella* (*S.*) Typhimurium caused ca. 50% of the annually reported outbreaks of salmonellosis and thus, represented the most important serovar. In 2003 and 2004, this percentage dropped to ca. 38% or 39%, respectively. In the following years, the number of *S.* Typhimurium outbreaks rose again, until in 2015, the level of 37% was reached (Table 3). The share of outbreaks caused by the host-adapted serovar *S.* Dublin amounted to ca. 28% in 2015. About 2% of the reported outbreaks in 2015 were caused by the serovar *S.* Abony and ca. 14% by *S.* Enteritidis. The summarised group of all other serovars was the reason for about 20% of all outbreaks of salmonellosis in cattle. The distribution of the serovars in the reported outbreaks reveals considerable differences between the Länder in Germany. The finding that the host-adapted serovar *S.* Dublin is not detected in some 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 2015 insgesamt 65 Ausbrüche (Stand: 01.04.2016) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die Anzahl der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2011 bis 2015 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 2015 ca. 37 %. Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 28 % aller Salmonellose-Ausbrüche und war damit die dominierende Serovar. Der Anteil der durch *S.* Abony hervorgerufenen Ausbrüche betrug im Jahr 2015 ca. 2 %. Der Anteil der *S.* Enteritidis-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig; im Jahr 2015 wurden jedoch wieder neun Ausbrüche durch diese Serovar angezeigt. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf. Im Jahr 2015 wurden durch diese Gruppe 20 % aller Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist.

Die Verteilung der *Salmonella*-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche

regionale Unterschiede hin. Während die Serovar S. Typhimurium sowohl 2014 als auch 2015 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 nationalen Referenzlabor (NRL) Salmonellose der Rinder in Jena durchgeführt. Im Jahr 2015 wurden insgesamt 212 eingesandte *Salmonella*-Stämme typisiert. Weitere Aufgaben umfassen die Beratung bei Ausbrüchen an Salmonellose der Rinder. So veröffentlichte das NRL den Artikel „Salmonellose der Rinder: Empfehlungen zur Vorgehensweise nach Feststellung eines Ausbruchs“ in der Zeitschrift Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle (4/2012, 253-260). Darüber hinaus erfolgen durch das NRL umfangreiche Chargenprüfungen sowie Untersuchungen zur Zulassung von Diagnostika. Im Jahr 2015 wurden insgesamt 27 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 2015 insgesamt 65 Ausbrüche (Stand: 01.04.2016) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche von 2012 bis 2015 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.

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 2015 verursachte die Serovar S. Typhimurium 37 % aller angezeigten Ausbrüche (Tab. 3). Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 28 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Der Anteil der durch die Serovar S. Abony hervorgerufenen Ausbrüche betrug im Jahr 2015 ca. 2 %. Die Anzahl der S. Enteritidis-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, im Jahr 2014 wurden jedoch wieder

fünf und im Jahr 2015 neun Ausbrüche durch diese Serovar angezeigt.

Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf. Im Jahr 2015 wurden durch diese Gruppe 20 % aller Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist. Es wird eher beobachtet, dass die Serovaren in dieser Gruppe nahezu jährlich wechseln.

Eine Übersicht über die Verteilung der *Salmonella*-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche regionale Unterschiede hin (Tab. 4). Während die Serovar S. Typhimurium sowohl 2014 als auch 2015 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. 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 Gruppe der anderen Serovaren verursachte nach einem Rückgang im Jahr 2014 auf nur sieben Ausbrüche im Jahr 2015 wiederum 13 Ausbrüche an Rinder-Salmonellose. Dabei traten jedoch jährliche Schwankungen zwischen den Bundesländern sowohl hinsichtlich der ausbruchsverursachenden Serovaren als auch deren prozentualer Anteile auf. Eine zunehmende Tendenz einzelner Serovaren aus dieser Gruppe ist jedoch 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 Inaktivatimpfstoff eingesetzt werden. Darüber hinaus besteht bei anderen *Salmonella*-Serovaren die Möglichkeit, stallspezifische Inaktivatimpfstoffe herstellen zu lassen. Grundsätzlich sollten Impfungen gegen die Salmonellose der Rinder prophylaktisch durchgeführt werden, um die Widerstandsfähigkeit der Tiere gegen eine Infektion zu erhöhen.

In der Praxis wird die Immunisierung jedoch in vielen Fällen erst nach der Feststellung einer Salmonellose in einem Bestand als Interventionsmaßnahme eingesetzt. Die Angaben aus TSN lassen jedoch keine gesicherten Rückschlüsse auf die Durchführung einer Immunisierung nach einem festgestellten Rinder-Salmonellose-Ausbruch zu. 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 2015 wurden durch das NRL in Zusammenarbeit mit den zuständigen Veterinärbehörden und den Untersuchungsämtern fünf 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 Barrieresysteme einzurichten. Es hat sich klar gezeigt, dass eine wirksame Bekämpfung der Salmonellose der Rinder eine kritische Analyse der hygienischen Bedingungen im Betrieb und die Etablierung bzw. Wieder-Etablierung von effektiven Hygieneregimen zur nachhaltigen Unterbrechung der betriebsinternen *Salmonella*-Ausbreitungswege erfordert.

Zoonosenpotential

Salmonellen gehören weltweit zu den wichtigsten von Tieren auf den Menschen übertragbaren Krankheitserregern. Anteilmäßig besitzen dabei die durch kontaminierte Lebensmittel hervorgerufenen Infektionen die größte Bedeutung. Nach dem bis zum Jahr 1992 erfolgten Anstieg (ca. 195 000 gemeldete Infektionen) der Salmonellosen beim Menschen in der Bundesrepublik Deutschland hat sich die Anzahl der Infektionen bis zum Jahr 2015 (ca. 13 784) 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 zehn Jahren die prozentualen Häufigkeiten der krankheitsverursachenden *Salmonella*-Serovaren beim Menschen. Im Jahr 2014 wurden 23 % der humanen Infektionen durch S. Enteritidis, 34 % durch S. Typhimurium und 43 % durch die Gruppe aller anderen Serovaren verursacht.

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

Salmonella-Infektionen des Menschen durch vom Rind stammende Lebensmittel sind glücklicherweise von geringer Bedeutung. Es muss jedoch darauf hingewiesen werden, dass zum Rohverzehr bestimmte Lebensmittel (insbesondere Rohmilch, Rohkäse) aus Rinderbeständen 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

2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
153	107	120	99	120	81	95	109	102	77	68	65

Tabelle 2: Anzahl angezeigter Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2011 bis 2015

Bundesland	2011	2012	2013	2014	2015
Berlin	-	-	1	-	-
Brandenburg	10	3	-	1	1
Baden-Württemberg	9	11	9	8	7
Bayern	15	18	14	20	11
Hessen	4	2	1	1	2
Mecklenburg-Vorpommern	5	3	3	1	1
Niedersachsen	19	26	18	13	14
Nordrhein-Westfalen	12	6	9	5	10
Rheinland-Pfalz	3	6	-	4	4
Saarland	-	-	-	-	-
Schleswig-Holstein	14	13	11	9	7
Sachsen	7	4	1	2	3
Sachsen-Anhalt	5	4	6	3	1
Thüringen	6	6	4	1	4
Gesamt	**109**	**102**	**77**	**68**	**65**

Tabelle 3: Nachgewiesene *Salmonella*-Serovaren bei Ausbrüchen in den Jahren 2013 bis 2015 in der Bundesrepublik Deutschland

***Salmonella*-Serovaren**	**2013** Anzahl Ausbrüche	%	**2014** Anzahl Ausbrüche	%	**2015** Anzahl Ausbrüche	%
Typhimurium	26	33,7	22	32,4	24	36,9
Dublin	22	28,6	31	45,6	18	27,8
Abony	5	7,8	3	4,4	1	1,5
Enteritidis	1	1,3	5	7,3	9	13,8
Salmonella ssp.	23	28,6	7	10,3	13	20,0

Tabelle 4: Anteil von *Salmonella*-Serovaren an angezeigten Ausbrüchen in den Bundesländern in den Jahren 2014 und 2015

Bundes-land	Anzahl (n) Ausbrüche gesamt		*Salmonella*-Serovaren									
			Typhimurium		Dublin		Abony		Enteritidis		S. ssp.	
	2014	2015	2014	2015	2014	2015	2014	2015	2014	2015	2014	2015
BE	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BB	1	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-
BW	8	7	4	6	1	-	-	-	2	1	1	-
BY	20	11	5	2	12	6	-	-	1	1	2	2
HE	1	2	1	2	-	-	-	-	-	-	-	-
MV	1	1	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-
NI	13	14	5	4	4	6	2	1	-	-	2	3
NW	5	10	1	7	2	-	-	-	-	1	2	2
RP	4	4	2	-	-	-	-	-	2	4	-	-
SL	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SH	9	7	-	1	8	5	1	-	-	1	-	-
SN	2	3	1	-	1	-	-	-	-	1	-	2
ST	3	1	2	-	1	-	-	-	-	-	-	1
TH	1	4	-	-	1	1	-	-	-	-	-	3
Gesamt	**68**	**65**	**22**	**24**	**31**	**18**	**3**	**1**	**5**	**9**	**7**	**13**

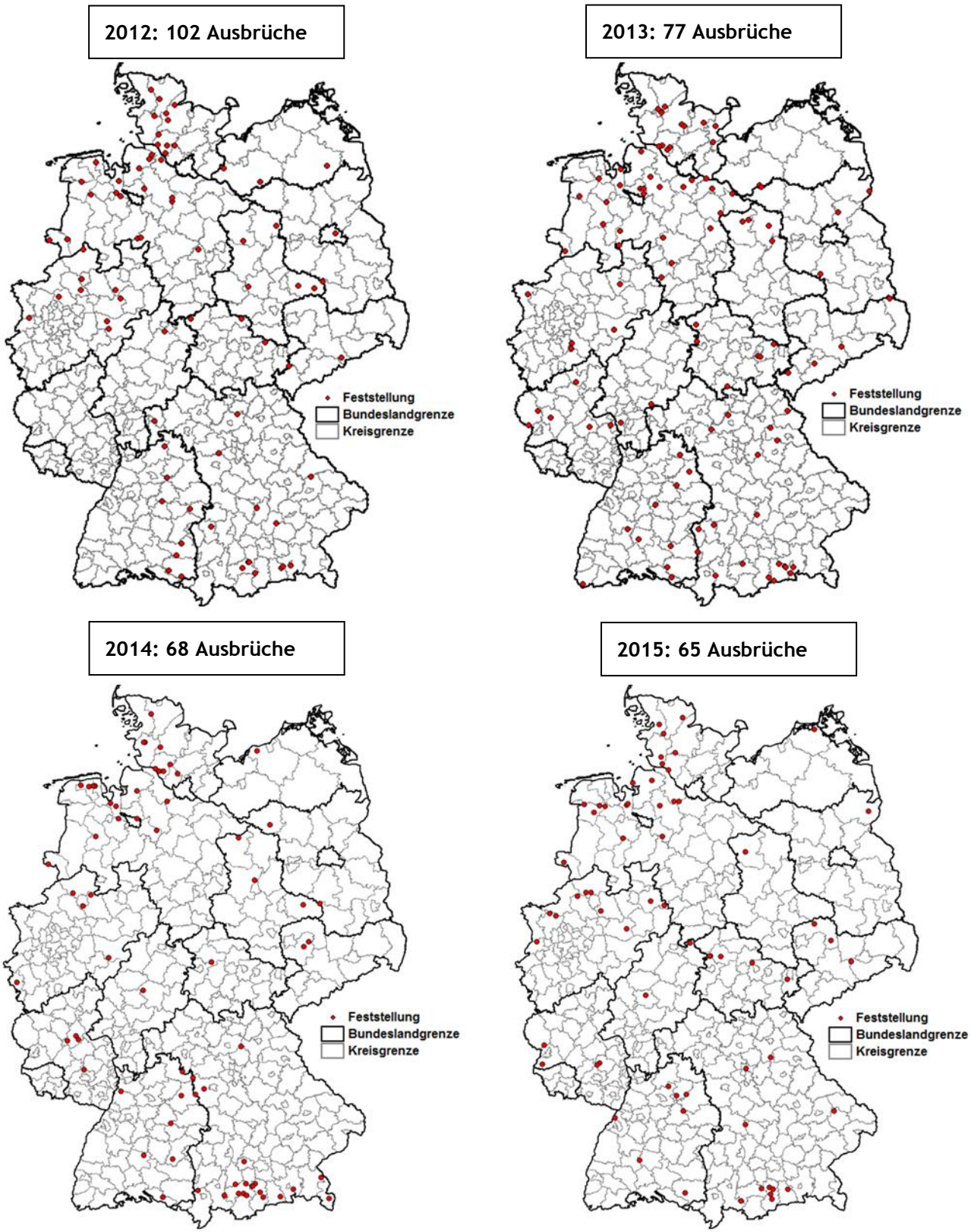


Abb. 1: Regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in der Bundesrepublik Deutschland in den Jahren 2012 bis 2015

21. Tollwut – Rabies

Müller, T., Freuling, C.

Summary

Since eight years (2008) Germany has been officially recognized as being free from terrestrial rabies. Following the international requirements of the World Organistaion of animal Health (OIE) for the maintenance of a rabies free status, Germany has established targeted surveillance. Based on available data in 2015, a total of 4 887 animals (thereof 3 206 foxes) were submitted nationwide for rabies routine diagnosis. Rabies surveillance and diagnosis follows international recommendations as laid down in the Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals (*Terrestrial Manual*) of the OIE and the national legislation on rabies control as amended and promulgated on 4 October 2010 (BGBl. I S. 1313).

In 2015, a total of 13 rabies cases in bats were reported originating from the federal states of Berlin, Bavaria, Lower Saxony, Brandenburg, and North Rhine-Westphalia.

Zusammenfassung

Seit 9 Jahren (2008) ist Deutschland offiziell anerkannt frei von terrestrischer Tollwut. Gemäß internationaler Anforderungen der OIE zur Aufrechterhaltung des freien Status wird in Deutschland eine gezielte Tollwutsurveillance durchgeführt. Im Jahr 2015 wurden nach den dem FLI vorliegenden Daten bundesweit insgesamt 6 148 Tiere (davon 4 022 Füchse) auf Tollwut getestet. Die Tollwutsurveillance und -routinediagnostik basiert auf Empfehlungen des Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals (Terrestrial Manual) der OIE sowie der Tollwut-Schutzverordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 4. Oktober 2010 (BGBl. I S. 1313).

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 13 Fledermaustollwutfälle aus den Bundesländern Berlin, Bayern, Niedersachsen, Brandenburg und Nordrhein-Westfalen gemeldet. Während bei allen anderen Fällen European Bat Lyssavirus (EBLV)-1 isoliert wurde, wurde in Bayern neben EBLV-1 auch EBLV-2 und Bokeloh Bat Lyssavirus (BBLV) nachgewiesen.

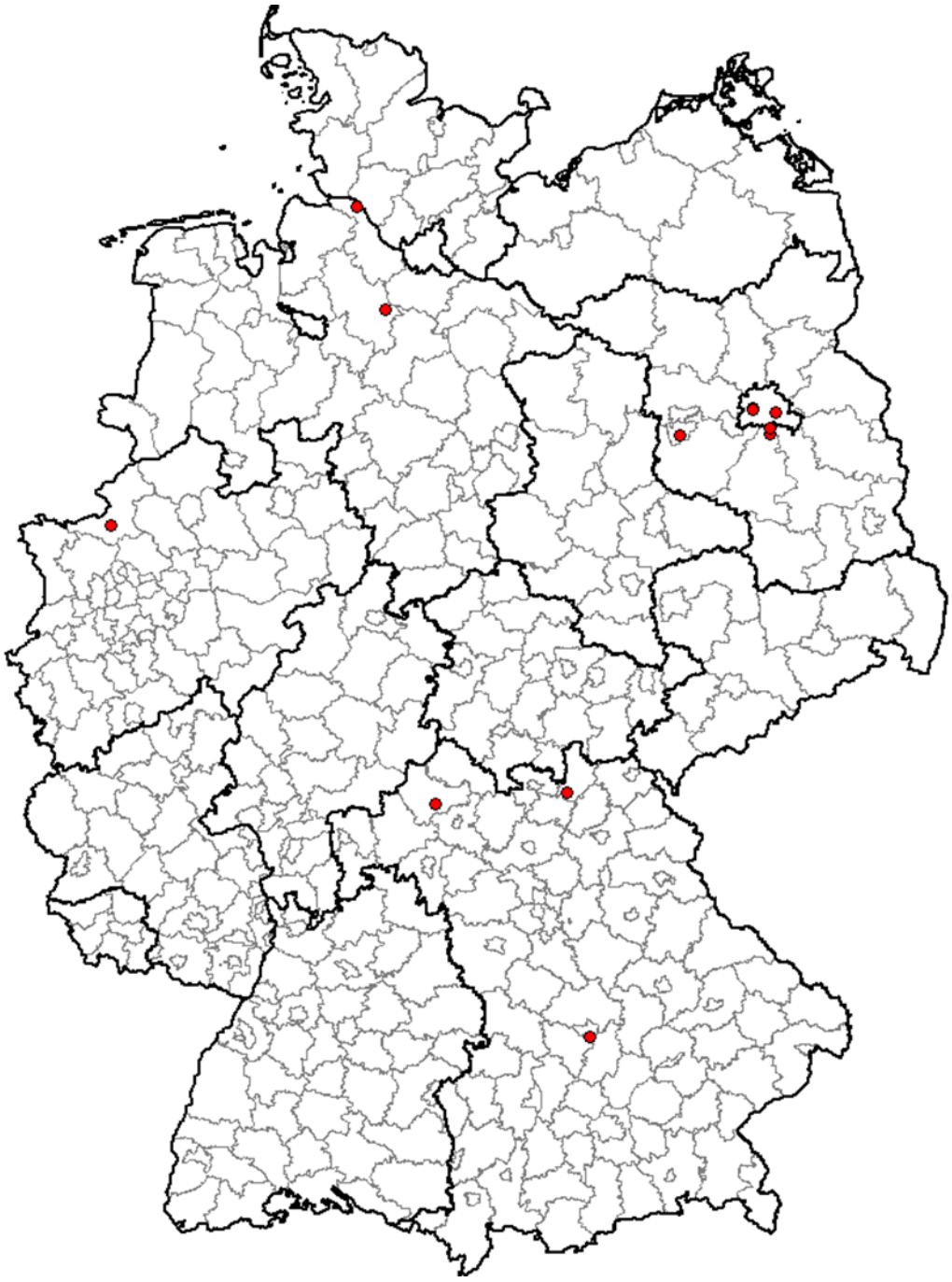


Abb. 1: Nachweise von Fledermaustollwut in Deutschland 01.01.2015 – 31.12.2015

22. Toxoplasmose – Toxoplasmosis

Schares, G., Conraths, F. J.

Summary

Toxoplasmosis is a reportable animal disease in Germany. In 2015, a total of 32 cases were reported (6 in cats; in a goat; 16 in sheep; in a rabbit; 8 in monkeys). However, there are indications of under-reporting. The regional distribution of the reported cases is similar to earlier published data for *T. gondii* positive feline fecal samples (HERRMANN et al. 2010).

Einleitung

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

Epidemiologische Untersuchungen

An das Nationale Referenzlabor (NRL) 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 NRL für Toxoplasmose beteiligte sich an internationalen Studien, um eigene serologische Verfahren validieren zu können (PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012; MORÉ et al., 2012).

Labordiagnostische Untersuchungen

Infektionen lassen sich bei der histologischen oder koproskopischen 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 NRL 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 2015 sind in der Tabelle angegeben.

	Anzahl
Einsendungen	472
Erregernachweise	20 von 43
Antikörpernachweise	76 von 429

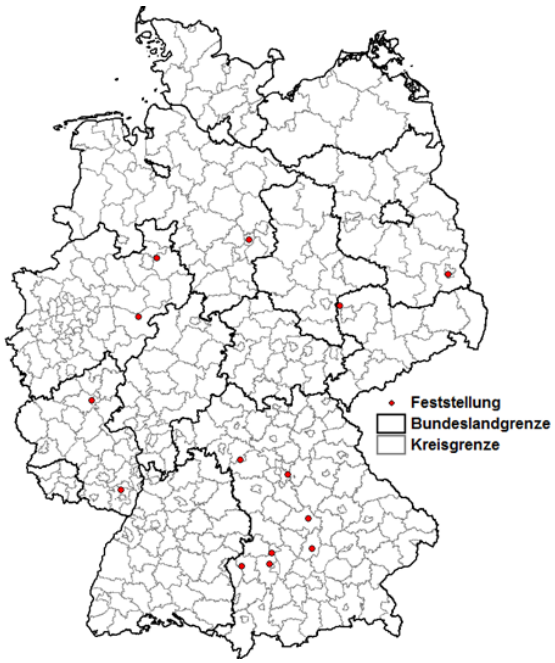


Abb. 1: Im Jahr 2015 über TSN mitgeteilte Toxoplasmose-Fälle (n = 32; Stand 18.08.2016)

Statistische Angaben

Gemäß der im Tierseuchennachrichtensystem hinterlegten Falldefinition gelten folgende Voraussetzungen für die Feststellung der Toxoplasmose:

1. Histologischer Erregernachweis mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen oder 2. kulturelle Erregerisolierung mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen oder 3. koproskopischer Erregernachweis bei Endwirten (Feliden) mit Bestätigung der Erregeridentität oder 4. indirekter Nachweis der Infektion bei Tieren, die der Lebensmittelgewinnung dienen. Im Jahr 2015 wurden 32 Fälle gemeldet (6 bei Katzen; 1 bei Ziegen; 16 bei Schafen; 1 bei einem Wildkaninchen; 8 bei Affen). Die Verteilung der gemeldeten Fälle in Deutschland ist heterogen (Abbildung 1). 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 Toxoplasmose führt epidemiologische Untersuchungen zum Vorkommen der Toxoplasmose bei Tieren durch, deren Ergebnisse teilweise bereits veröffentlicht sind (MAKSIMOV et al. 2011; MORÉ et al., 2012; PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012). Serologische und direkte Nachweisverfahren werden weiterentwickelt (HERRMANN et al. 2011). Das NRL Toxoplasmose 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 Toxoplasmose 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 Toxoplasmose. Eine primäre, während der Schwangerschaft erworbene Infektion kann den Föten schwer schädigen. Bei immunsupprimierten Patienten kann eine Reaktivierung latenter Infektionen zu lebensbedrohlichen Enzephalitiden führen. Der Nachweis kongenital erworbener Toxoplasmosen des Menschen ist nach § 7 Abs. 3 Nr. 6 des Infektionsschutzgesetzes zu melden. In einigen Bundesländern sind auch postnatal erworbene Toxoplasmosen meldepflichtig.

Literatur

- Herrmann et al. 2010. Atypical *Toxoplasma gondii* genotypes identified in oocysts shed by cats in Germany, Int. J. Parasitol. 40, 285-292.
- Herrmann et al. 2011. Comparison of different commercial DNA extraction kits to detect *Toxoplasma gondii*-like oocysts in cat faeces. Berl. Muench. Tieraerztl. Wochenschr. 124, 497-502.
- Herrmann et al. 2012a. *Toxoplasma gondii* in foxes and rodents from the German federal states of Brandenburg and Saxony-Anhalt: Seroprevalence and genotypes. Vet. Parasitol. 185:78-85.
- Herrmann et al. 2012b. Genetic characterisation of *Toxoplasma gondii* isolates from European beavers (*Castor fiber*) and European wildcats (*Felis silvestris silvestris*). Vet Parasitol. 191:108-11.
- Maksimov et al. 2011. Serological survey and risk factors for *Toxoplasma gondii* in domestic ducks and geese in Lower Saxony, Germany. Vet. Parasitol. 182, 140– 149.
- Moré et al. 2012. *Toxoplasma gondii* infection in sentinel and free-range chickens from Argentina. Vet. Parasitol. 184, 116–121.
- Tsanidakis et al. 2012. *Toxoplasma gondii* in sheep and goats: seroprevalence and potential risk factors in Greece. Vet. Parasitol. 190:340-8.
- Pardini et al. 2012. Evaluation of an in-house TgSAG1 (P30) IgG ELISA for diagnosis of naturally acquired *Toxoplasma gondii* infection in pigs. Vet. Parasitol. 189:204-10.
- Schlüter et al. 2014. Animals are key to human toxoplasmosis. Int. J. Med. Microbiol. 304: 917-29.

23. 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 2015, 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). This situation shows that the BSE eradication measures, namely the disposal of specified risk material (SRM), the rapid testing of all slaughtered animals and risk animals over a certain age limit, and the feed ban for mammalian meat and bone meal, mammalian fat and fishmeal to ruminants, which have been in place since January 2001, were efficient. A retrospective study of all BSE cases over six years of age performed throughout the EU revealed one additional L-BSE case in Germany, adding up to 5 atypical cases (2 H-BSE, 3 L-BSE) altogether.

Labordiagnostische Untersuchungen

Seit April 2015 ist die Untersuchungspflicht gesund-geschlachteter Rinder aufgehoben (siehe Kapitel Staatliche Maßnahmen). Weiterhin besteht allerdings die Untersuchungspflicht für Risikotiere (gefallene, krank- oder notgeschlachtete Tiere) über 48 Monaten mittels eines für die Untersuchung von Rinderproben zugelassenen Testverfahrens. Durch diese Änderung hat sich die Zahl der untersuchten Rinder im Vergleich zum Vorjahr mehr als halbiert (Tab. 2). 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 Western Blot als auch die immunhistochemische Untersuchung. BSE-positive Fälle werden weitergehend auf das Vorliegen von klassischer oder atypischer BSE differenzierend untersucht.

Im Jahr 2015 wurde eine EU-weite retrospektive Untersuchung der bisher diagnostizierten BSE-Fälle bei Rindern über sechs Jahren durchgeführt, um die tatsächlichen Zahlen atypischer BSE-Fälle zu ermitteln. In Deutschland wurden im Rahmen dieser Studie 178 Fälle einer diskriminierenden Untersuchung unterzogen, wobei ein weiterer Fall der L-BSE festgestellt wurde. Somit wurden in Deutschland bisher insgesamt fünf atypische BSE-Fälle diagnostiziert, davon zwei H-BSE-Fälle und drei L-BSE-Fälle.

Statistische Angaben

Im Zeitraum vom 26.11.2000 bis zum 31.12.2015 wurde in der Bundesrepublik Deutschland bei 415 Rindern BSE diagnostiziert. Seit 2004 halbierte sich die Anzahl der Fälle jährlich (Tab. 1). Im Jahr 2015 wurde in Deutschland kein BSE-Fall festgestellt.

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. Wie oben beschrieben, wurde mit dem Inkrafttreten der Verordnung zur Änderung der TSE-Überwachungsverordnung und zur Aufhebung der BSE-Untersuchungsverordnung die Untersuchungspflicht gesund geschlachteter Rinder aufgehoben. Weiterhin besteht allerdings die Untersuchungspflicht für Risikotiere (gefallene, krank- oder notgeschlachtete Tiere) über 48 Monaten.

Tabelle 1: Anzahl der bestätigten BSE-Fälle 2002 bis 2015

	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
BSE-Fälle	106	54	65	32	16	4	2	2	0	0	0	0	2*	0

* atypische BSE

Tabelle 2: Vergleich der Untersuchungszahlen auf BSE in den Jahren 2014 und 2015

Zielgruppe	Anzahl der untersuchten Rinder 2014	positiv 2014	Anzahl der untersuchten Rinder 2015	positiv 2015
verendete Tiere	137 791	0	143 095	0
Notgeschlachtete Tiere	7 717	0	8 285	0
krank geschlachtete Tiere	0	0	0	0
Tiere mit klinischen BSE-Erscheinungen	0	0	1	0
gesund geschlachtete Tiere	217 318	2	67 019	0
Getötete Tiere im Rahmen der BSE-Ausmerzung – Bestandstötung	0	0	0	0
Getötete Tiere im Rahmen der BSE-Ausmerzung – Kohortentötung	8	0	0	0
Verdachtsfälle zur Bestätigung durch Laboruntersuchung	457	0	500	0
Gesamt	**496 382**	**0**	**218 900**	**0**

2. Scrapie bei Schaf und Ziege – Scrapie in sheep and goats

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

Summary

In 2015, 11 atypical and no classical scrapie cases were confirmed. Since the implementation of the active Transmissible Spongiform Encephalopathy (TSE) surveillance program for small ruminants according to regulation (EC) No. 999/2001 in January 2002, 248 scrapie cases were diagnosed until December 2015 (Tab. 1).

In accordance with regulation (EC) No. 56/2013, 10,000 healthy slaughtered and 10,000 fallen sheep and 1,500 healthy slaughtered and 1,500 fallen 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 und Ziegen über 18 Monaten mittels eines für die Untersuchung von Proben kleiner Wiederkäuer zugelassenen Testverfahrens und nach dem in der Verordnung 999/2001 in ihrer aktuellen Version festgelegten Stichprobenschlüssel von mindestens 10.000 gesund geschlachteten und 10.000 verendeten Schafen und mindestens 1.500 gesund geschlachteten und 1.500 verendeten Ziegen.

Diese Untersuchungen werden in den staatlichen Untersuchungsämtern durchgeführt.

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

Statistische Angaben

Im Jahr 2015 wurden elf Scrapie-Fälle amtlich festgestellt, wobei es sich ausschließlich um atypische Scrapie handelte. Seit Einführung der amtlichen TSE-Untersuchungen für kleine Wiederkäuer (2002) wurden im Rahmen der aktiven Überwachung bis zum Dezember 2015 insgesamt 248 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 betroffener Herden zu bestimmen. Die Genotypisierung der TSE-positiven Schafe wird von dem Unternehmen AGROBIOGEN GmbH in Hilgertshausen im Auftrag des Friedrich-Loeffler-Instituts durchgeführt; die Ergebnisse der Bestimmung werden den zuständigen Länderbehörden zeitnah mitgeteilt.

Tabelle 1: Anzahl der bestätigten Scrapie-Fälle (betroffene Herden) in den Jahren 2002 bis 2015

	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Scrapie-Fälle	16	23	43	27	25	26	7	12	13	18	9	7	11	11

Tabelle 2: Untersuchungen von Schafen (Ziegen) auf TSE im Jahr 2015

Zielgruppe	Untersuchungen gesamt	positiv	negativ	über 18 Monate	unter 18 Monate	ohne Altersangaben
Überwachung der für den menschlichen Verzehr und der nicht für den menschlichen Verzehr geschlachteten Tiere						
gesund und notgeschlachtete Tiere	7 453 (301)	2 (0)	7 451 (301)	7 321 (298)	36 (0)	96 (3)
verendete Tiere	10 511 (1 301)	9 (0)	10 502 (1 301)	10 487 (1 287)	8 (11)	16 (3)
Verdachtsfälle, bei denen eine Laboruntersuchung durchgeführt wurde						
Tiere mit klinischen TSE-Erscheinungen	1 (0)	0 (0)	1 (0)	1 (0)	0 (0)	0 (0)
Verdachtsfälle zur Bestätigung durch Laboruntersuchungen	34 (4)	0 (0)	34 (4)	34 (4)	0 (0)	0 (0)
Maßnahmen bei Bestätigung von TSE: Überwachung in Haltungsbetrieben, die von Maßnahmen zur Bekämpfung und Tilgung von TSE betroffen sind						
Feststellung von BSE	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
Feststellung von klassischer Scrapie	4 (0)	0 (0)	4 (0)	0 (0)	0 (0)	4 (0)
Feststellung von atypischer Scrapie	97 (6)	0 (0)	97 (6)	94 (6)	0 (0)	3 (0)
Gesamt	**18 100 (1 612)**	**11 (0)**	**18 089 (1 612)**	**17 937 (1 595)**	**44 (11)**	**119 (6)**

24. Trichomonadenseuche des Rindes – Trichomoniasis in cattle

Henning, K.

Summary

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

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

Samples can be sent to the National Reference Laboratory for investigation. Please contact the laboratory before sending in samples.

Phone: +49(0)3641-804 2327
E-mail: Klaus.Henning@fli.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 Nationale Referenzlabor (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.de) anmeldet.

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

Tabelle 1: Diagnostische Arbeiten am Referenzlabor für die Trichomonadenseuche des Rindes (TSN; Stichtag: 02.05.2016)

Untersuchungen 2015	Anzahl	davon positiv für *T. foetus*	nicht auswertbar
Untersuchungen zum Erregernachweis	31	0	2
Gesamt	31	0	2

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 al-pha. Veterinary Parasitology 185 (2-4), 138-144.

25. Tuberkulose der Rinder – Bovine Tuberculosis

Moser, I.

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 are taxonomically very closely related. Due to differences in host specificity and biochemical characteristics, *M. bovis* was the first to be separated from *M. tuberculosis* and recognized as an 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 are applied to differentiate members of the MTC (RD [region of difference]-typing, spoligotyping). RFLP (restriction fragment length polymorphism) analysis based on IS*6110*, the formerly most frequently used method to differentiate *M. tuberculosis,* has its limitation for differentiation of *M. bovis* due to the fact that normally less than five IS*6110* copies are present in *M. bovis*. Spoligotyping and MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit / variable number of tandem repeat) typing are nowadays the most frequently used methods for molecular epidemiology of MTC members.

All members of the MTC possess zoonotic potential, since they may cause tuberculosis not only in their primary hosts, but also in other mammalian species, occasionally even in pet birds (psittacids). The most crucial feature for disease transmission is the chronic, long lasting (weeks, months, years) subclinical course of the disease still with possible excretion of the pathogen during this stage. Therefore, pasteurization of milk, regular meat inspection, immunological monitoring, culling of positive cattle as well as attention to clinical symptoms compatible with tuberculosis in cattle and other animal species (companion animals, zoo animals, captive and free-ranging wild animals) are prerequisites for efficient control of zoonotic tuberculosis.

During the first half of the 20th century up to 63% of cattle farms harbored tuberculosis-positive cattle and approximately 45% of all slaughtered cattle showed lesions compatible with tuberculosis. Due to a consequent eradication campaign between 1952 and 1961 (West) and 1959 and 1978 (East), based on tuberculin skin reaction, Germany became a country practically free from bovine tuberculosis. In 1996, Germany was declared officially free from bovine tuberculosis (Commission decision 97/76/EC), which means that at least 99.9% of the cattle holdings per year are TB-free and since then, this status has been maintained.

At the end of the year 2015, 12 635 456 cattle were kept in 151 175 farms. Similar to 2014 with 13 outbreaks, 12 outbreaks were notified in 2015 in the federal states of Bavaria (8), Baden-Württemberg (near to the Bavarian border; 1), Lower Saxony (2) and in Mecklenburg-Western Pomerania (1). The three cases in northern Germany were epidemiologically linked due to animal contact. Four cases were detected by an inspection of animals intended for slaughter, three by meat inspection, three cases by contact tracing,

one case upon clinical suspect, and anoter case by compulsary testing (not specified).

Allgemeine Angaben

Die Tuberkulose der Rinder ist eine anzeigepflichtige Tierseuche, hervorgerufen durch *Mycobacterium (M.) bovis* oder *M. caprae*. Beide sind Angehörige 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. Mit *M. orygis* (Antilope), *M. suricattae* (Erdmännchen), *M. mungi* (Mungo) und dem Dassie bacillus (Klippschliefer) wurden in jüngerer Zeit weitere exotische Mitglieder des MTC beschrieben. Die Angehörigen des MTC unterscheiden sich nicht in ihrer 16S rDNA. Aufgrund der Unterschiede in der Wirtsspezifität sowie biochemischer Marker wurde zunächst mit *M. bovis* (Karlson und Jessel 1970) eine eigene Spezies neben *M. tuberculosis* (Zopf 1883; Lehmann and Neumann 1896) geschaffen. Später wurde auch für die meisten anderen MTC-Erreger die Einstufung als eigene Spezies vorgeschlagen. Diese taxonomischen Einteilungen sind im Fluss und werden unterschiedlich gehandhabt.

Bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts war in Deutschland ein großer Teil der Rinderbestände, d. h. bis zu 63 % der Betriebe bzw. bis zu 45 % der Schlachtrinder, tuberkulosepositiv. Der Zweite Weltkrieg trug erheblich zur Verschärfung der Lage bei. Durch konsequente Bekämpfung auf Basis der Tuberkulin-Reaktion wurde in Deutschland zwischen den Jahren 1952 und 1961 (West) bzw. 1959 und 1978 (Ost) der Status der amtlich anerkannten Freiheit von Tuberkulose erreicht. Nach der Vereinigung im Jahr 1990 wurde der Status am 17. Dezember 1996 durch EU-Entscheidung (Entscheidung der Kommission 97/76/EG) bestätigt. Deutschland ist auf Grund dieser Entscheidung seit dem 1. Juli 1996 amtlich anerkannt frei von Rindertuberkulose, da pro Jahr in weniger als 0,1 % der Rinderhaltungsbetriebe Tuberkulose amtlich festgestellt wird.

Statistische Angaben

Zum Stichtag 3. November 2015 wurden in Deutschland 12 635 456 Rinder in 151 175 Betrieben gezählt (Statistisches Bundesamt, Viehbestand, Fachserie 3 Reihe 4.1). Im Vergleich zum Jahr 2014 mit 13 Ausbrüchen ging die Anzahl im Jahr 2015 auf zwölf Ausbrüche in den Bundesländern Bayern (BY; 8), Baden-Württemberg (BW; 1), Niedersachsen (NI; 2) und Mecklenburg-Vorpommern (MV; 1) zurück. Für die drei Ausbrüche in NI und MV wurde ein epidemiologischer Zusammenhang nachgewiesen. Insgesamt wurden vier Ausbrüche im Zuge von Schlachttieruntersuchungen, drei bei der amtlichen Fleischuntersuchung, drei bei Kontaktuntersuchungen, ein Ausbruch auf Grund klinischer Symptome und einer bei einer nicht näher definierten Pflichtuntersuchung entdeckt.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,007 %. Dies liegt weit unterhalb des gegenwärtig gemäß Anhang A Abs. 1 Nr. 4. a der Richtlinie 64/432/EWG, geändert durch die Richtlinie 98/46/EG, festgelegten Grenzwertes von 0,1 %. Tabelle 1 zeigt die Anzahl der Ausbrüche in Deutschland in den Jahren 2005 bis 2015.

Tabelle 1: Tuberkulose-Ausbrüche in den Jahren 2005 bis 2015 (ohne Verdachtsmeldungen) (TSN-Abfrage 27.Mai 2016)

Bundesland	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
Brandenburg					2						
Bayern	3	2	7	8	18	5	2	20	35	9	8
Baden-Württemberg	2	2	2						7		1
Hessen						1					
Mecklenburg-Vorpommern											1
Niedersachsen			3	13	3	4	3	3	4	2	2
Nordrhein-Westfalen				1				1			
Schleswig-Holstein				1		1					
Sachsen										2	
Sachsen-Anhalt											
Thüringen		1									
Gesamt	**5**	**5**	**12**	**23**	**23**	**11**	**5**	**24**	**46**	**13**	**12**

Labordiagnostische Untersuchungen

Aufgrund ihrer engen Verwandtschaft können die einzelnen Spezies bzw. Subspezies des MTC nur durch komplexe Typisierungsmethoden voneinander unterschieden werden, z. B. mittels Spoligotypisierung, DNA-Sequenzanalyse des *gyrB*-Gens auf der Basis von definierten Punktmutationen (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) oder auf der Basis hochspezifischer PCR-Reaktionen (RD [region of difference]-Typisierung). 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 molekularepidemiologischem Hintergrund stehen verschiedene Methoden zur Verfügung. Die Spoligotypisierung (spacer – oligo) basiert auf der Analyse der Direct-Repeat-Region (DR), einer Region im Genom von MTC-Erregern, die durch das Vorkommen von kurzen repetitiven DNA-Sequenzen, unterbrochen durch ebenso kurze nicht repetitive Sequenzen (Spacer), charakterisiert ist. 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 werden spezies-spezifische Signalmuster generiert, welche durch das Vorhandensein oder Fehlen von Spacer-Sequenzen charakterisiert sind. In der Regel werden die Spacer 1 bis 43 zur Charakterisierung herangezogen. Das Ergebnis kann als numerischer

Code dargestellt werden. Durch Variationen innerhalb dieser Muster ist eine begrenzte Möglichkeit der Differenzierung unterhalb der Spezies-Ebene gegeben. Insgesamt ist die DR-Region jedoch relativ stabil.

Eine weitere Methode, die Analyse des Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus, basiert auf der Charakterisierung der Verteilung der Insertionssequenz (IS) *6110* im Genom, die bei allen Mitgliedern des MTC in unterschiedlich großer Kopienzahl vorkommt. Da das IS*6110* bei *M. bovis* meist nur in sehr geringer Kopienzahl vorliegt, eignet sich diese Methode jedoch nicht sehr gut für die Differenzierung dieser Isolate. Darüber hinaus können die Ergebnisse nicht in einen numerischen Code übersetzt werden, so dass die Methode für globale Vergleichsuntersuchungen wenig geeignet ist. 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 Repetitionen an einem definierten Locus. Diese Methode ist ausschließlich PCR-basiert, automatisierbar und generiert einen numerischen Code als Ergebnis. Heute gewinnt jedoch die Sequenzierung ganzer Genome bzw. der SNPs (single nucleotide polymorphisms) auf dem Gesamtgenom zur Beantwortung molekular-epidemiologischer Fragestellungen mehr und mehr an Bedeutung.

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

Die im Nationalen Referenzlabor (NRL) angewandten diagnostischen Methoden umfassen:

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

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

Tabelle 2: Ergebnisse der Speziesbestimmung von Mykobakterien-Isolaten im Jahr 2015

Eingesandte Proben	Anzahl (x Proben von n Tieren)	Erreger (Tiere)			
		MTC	*M. avium* ssp. *hominissuis*	*M. avium* ssp. *avium*	andere
Rind	52/17	20	1	0	2
Schwein	2/2	0	2	0	0
Geflügel / Vögel	27/16	0	4	12	0
Katze, Hund	11/7	1	1	0	1
Zootiere	51/28	1	4	0	4
Wild (Gehege)	62/18	3	0	0	0
Heimtiere	8/2	0	7	0	0
Wechselwarme	6/4	0	0	0	6
Gesamt	**219/94**	**25**	**19**	**12**	**13**

Bei Blutproben von zwei Wisenten wurde im Rahmen der Diagnostik ein Gamma-Interferon-Freisetzungstest durchgeführt. Bei beiden Tieren wurde ein negatives Ergebnis erzielt.

Staatliche Bekämpfungsmaßnahmen

Die Zunahme der Tuberkulose-Ausbrüche zwischen 2009 und 2013 hatten zu einer lebhaften Diskussion über die Effizienz der amtlichen Tuberkulose-Diagnostik und zu einer Überarbeitung der Tuberkulose-Verordnung geführt. Die wesentlichste Veränderung, welche die Feststellung der Tuberkulose beim Rind betrifft, ist die Anordnung, dass positive und fragliche Ergebnisse des Tuberkulin-Hauttests und des Gamma-Interferon-Freisetzungstests eine diagnostische Tötung der betroffenen Tiere nach sich ziehen und ein standardisiertes Panel von elf Gewebeproben molekularbiologisch und, bei Bedarf, bakteriologisch untersucht wird. Nur durch direkten Nachweis des Erregers oder seiner DNA wird ein positiver Befund verifiziert. Damit soll ausgeschlossen werden, dass Landwirte durch fragliche oder falsch positive Ergebnisse immunologischer Tests langfristig ungerechtfertigten Restriktionen unterworfen werden und der Status von Deutschland als amtlich anerkannt frei von Rindertuberkulose (OTF) gefährdet wird. Als sensitivste und verlässlichste, aber auch langwierigste Nachweismethode (Goldstandard) gilt bei der Tuberkulose nach wie vor die Isolierung und Kultivierung des Erregers im bakteriologischen Labor. Durch die neue Tuberkulose-Verordnung hat sie in der amtlichen Diagnostik wieder an Gewicht gewonnen. Das 2013/2014 bundesweit durchgeführte einmalige Monitoring ergab, dass der OTF-Status auch mehr als 15 Jahre nach Beendigung der regelmäßigen und flächendeckenden Tuberkulinisierung der Rinder nicht gefährdet ist. Der seltene, aber dennoch in jüngerer Zeit wiederholt aufgetretene Fall, dass *M. tuberculosis* bei hauttestpositiven Rindern nachgewiesen bzw. vermutet wurde, macht deutlich, dass weitere Festlegungen zum amtlichen Umgang mit derartigen Ausnahmebefunden getroffen werden müssen.

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 Ansiedelung des Erregers und zur Ausbildung eines Primärkomplexes ohne Ausbreitung in andere Organsysteme. Zu Hochzeiten 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 heute auf zwischen 1 % und 2 % aller Tuberkulosefälle reduziert. Dabei handelt es sich wohl häufig um Reaktivierungen alter Infektionen bei Menschen in höherem Lebensalter oder Menschen mit Migrationshintergrund. Neuinfektionen sind jedoch auch heute, vor allem bei Personen mit engem Bezug zur Landwirtschaft nicht ausgeschlossen.

Weitere Infektionsquellen für den Menschen können andere Nutztierarten als das Rind, kleine Haustiere, wie Hund und Katze oder Zootiere und Gehegewild, 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 Tröpfcheninfektion oder den oralen Infektionsweg handelt, kann es eher zur Lungentuberkulose oder zu einer extrapulmonalen Manifestation kommen.

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

Forschung

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

Das Auftreten von Mykobakterieninfektionen bei anderen Tierarten als beim Rind (kleinen Haustieren, Tieren zoologischer Einrichtungen, Gehegewild sowie frei lebenden Wildtieren) wird wegen ihrer Bedeutung als potenzielle Infektions-

quelle für den Menschen und das Rind ebenfalls untersucht.

Ein weiterer Schwerpunkt der Forschung lag auf Untersuchungen zum Vorkommen und zur molekularen Epidemiologie der Tuberkulose und anderen Mykobakterieninfektionen des Menschen im Nordosten Tansanias. Eine große Zahl phylogenetischer Linien von *M. tuberculosis* sowie verschiedene Spezies nicht-tuberkulöser Mykobakterien, isoliert aus Sputumproben von Patienten mit Tuberkuloseverdacht, wurde identifiziert. *M. bovis* war bei diesen Patienten nicht nachzuweisen.

26. 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 2013 and 2014 within the same area. In August 2015, a new USUV isolate was detected in the northeast of Germany in two captive juvenile owls (*Strix nebulosa*). Phylogenetic analyses demonstrated a close relationship with a Spanish mosquito isolate from 2006 and showed that the new USUV strain, named USUV-Berlin, was introduced separately to northeast Germany. Besides the other two strains (USUV-Germany and USUV-Bonn) circulating in Germany is this the third independent introduction of an USUV strain to Germany.

Zusammenfassung

Das Usutu-Virus (USUV) ist ein Arbo-Virus (Abkürzung für *„arthropod borne“*), mit einzelsträngiger RNA und zugehörig zur Japan-Enzephalitis-Virus-Serogruppe in der Familie der *Flaviviridae*. Nach dem Auftreten von USUV in einem Mückenpool in Weinheim 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, gefolgt von einem deutlichen Rückgang der Erkrankungszahlen in den Jahren 2013 und 2014 bei gleichbleibendem Verbreitungsgebiet in Südwestdeutschland. Im August 2015 jedoch wurde erstmals eine USUV-Erkrankung bei zwei Bartkauz-Jungtieren im Raum Berlin nachgewiesen. Phylogenetisch wurde eine enge Verwandtschaft zu einem spanischem Moskito-Isolat aus 2006 hergestellt. Damit wurde erstmals ein separater USUV-Eintrag so weit nordöstlich von Deutschland festgestellt (Tab. 1, Abb. 1).

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.

Auch ein Viruseintrag in Belgien bzw. Tschechien konnte 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 hochempfänglichen Vogelspezies wie Amseln oder Bartkäuzen häufig auch eine deutliche klinische Symptomatik, vorrangig neurologisch, gefolgt von Todesfällen auf (Becker et al., 2012; Ziegler et al. 2016).

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 Säugetieren wie auch bei Stechmücken durchgeführt. Besonderes Interesse galt dabei WNV, welches ein höheres zoonotisches Potenzial aufweist und schon seit über 60 Jahren in den Mittelmeer-Anrainerstaaten nachgewiesen wurde.

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 (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 Neckartales (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, gleichzeitig sind die Bemühungen verstärkt worden, die Untersuchungen der Wildvogelpopulationen deutschlandweit auszudehnen. Es bleibt anzumerken, dass neben der Untersuchung auf WNV-spezifische Antikörper auch immer auf USUV-spezifische Antikörper untersucht wird (Seidowski et al., 2010; Ziegler et al., 2012; 2015). 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 konnten zwei separate Neueinträge innerhalb Deutschlands für das USUV nachgewiesen werden; einmal in den Raum Bonn („USUV Africa 3 lineage“) und einmal in den Raum Berlin („USUV Africa 2 lineage“) (Cadar et al., 2015; Ziegler et al., 2016).

Ausblick

Es ist davon auszugehen, dass sich USUV dauerhaft in Mitteleuropa etabliert hat. Ein Überleben dieses Virus in Stechmücken auch bei strengen Wintern wurde für Deutschland mehrfach nachgewiesen. Deshalb sind Moskito-Monitoringprogramme und deutschlandweit aufgestellte Wildvogel-Surveil-

lance-Programme zur Untersuchung auf die verschiedensten Arboviren unerlässlich als Frühwarnsystem für neue Epidemien.
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 können. Deshalb werden auch entsprechende Monitoring-Untersuchungen vom FLI und seinen Kooperationspartnern auf das Vorkommen dieser Arboviren weiterhin durchgeführt.

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. 15:481-488.
- Ziegler, U., Fast, C.,Eiden, M., Bock, S., Schulze, C., Höper, D., Ochs, A., Schlieben, P., Keller, M., Zielke, D.E., Luehken, R., Cadar, D., Walther, D. and J. Schmidt-Chanasit (2016). Eividence for an independent third

Usutu virus introduction into Germany. Vet. Microbiol., accepted.

Tabelle 1: Nachgewiesene USUV-Fälle bei Vögeln in Deutschland von 2011 bis 2015

Jahr	**Anzahl USUV RNA positiver Vögel**	**betroffene Vogelarten** (i.d.R. freilebend, in kursiv = Volierenhaltung/Zootier)	**betroffene Bundesländer**
2011	87	Amsel, Star, Haussperling, Eisvogel, *Bartkauz*, *Kanarienvogel*	BW, RP, HE
2012	95	Amsel, Drossel, Waldohreule, Grünspecht, *Inkaseeschwalbe*	BW, RP, HE, NW
2013	26	Amsel, *Bartkauz*, *Sperbereule*	BW, RP, HE
2014	7	Amsel	BW, HE, NW
2015	15	Amsel, Wacholderdrossel, Kohlmeise, Blaumeise, *Bartkauz*	BE, BW,HE,NW
Gesamt	**230**	Amsel, Drossel/Wacholderdrossel, Waldohreule, Grünspecht, Star, Haussperling, Kohlmeise, Blaumeise, Eisvogel, *Bartkauz*, *Kanarienvogel*, *Inkaseeschwalbe*, *Sperbereule*	BE, BW, RP, HE, NW

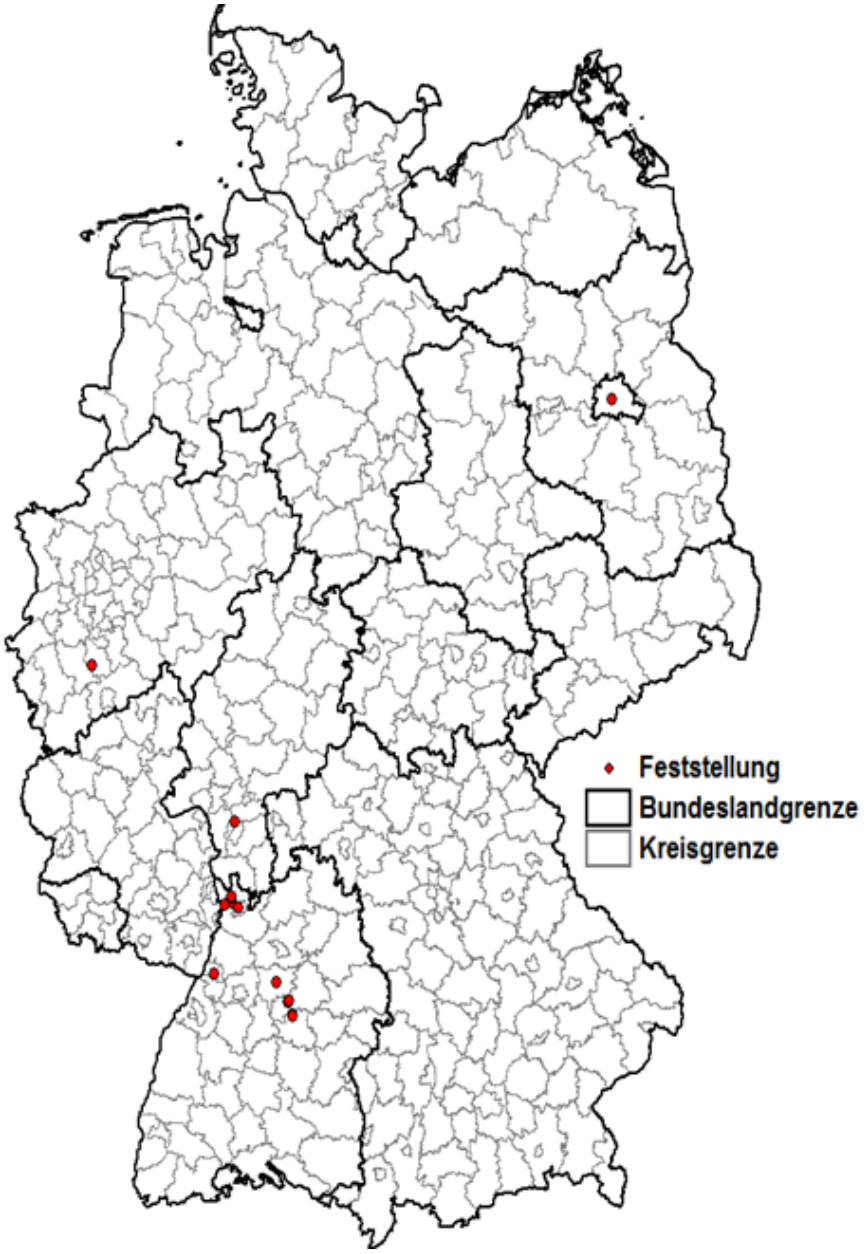


Abb. 1: Geografische Verbreitung der USUV-Fälle bei Vögeln in Deutschland im Jahr 2015

27. 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 laboratories for fish diseases at the Institute of Infectology, Friedrich-Loeffler-Institut (FLI), Federal Research Institute for Animal Health, are responsible for the annual data collection and analysis from the diagnostic laboratories of all German federal states and report the results to the European Community Reference Laboratory, located in Copenhagen, Denmark. This annual report contains 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.

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 § 23 des TierGesG von den für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden der Bundesländer (Daten aus den Untersuchungslaboren und von den Fischgesundheitsdiensten) zugearbeitet und aus dem TierSeuchen-Nachrichten-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 sowie Erhebungen des statistischen Bundesamtes zurückgegriffen.

Allgemeine Angaben

Laut Statistischem Bundesamt wurden 2015 ca. 18 953 t Fisch in 3 261 Aquakulturbetrieben produziert. Dies entspricht im Vergleich zum Vorjahreszeitraum einem Rückgang von ca. 9,5 % (~ 2 000 t) in der erzeugten Menge Fisch. Die Anzahl der Aquakulturbetriebe (Süßwasser) war um 45 % reduziert (Abb.1).

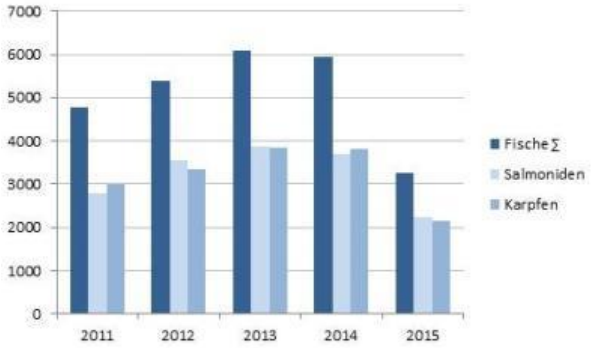


Abb. 1: Anzahl der Aquakulturbetriebe zur Produktion von Fisch im Süßwasser ohne Aquarien- und Zierarten und ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.6, 2011, 2012, 2013, 2014 und 2015)

Höchste Produktionsverluste sind bei den Regenbogenforellen mit ca. 17 % zu verbuchen. Auch die Karpfenproduktion war im Vergleich zum Vorjahr mit 7 % rückläufig. Dennoch bleiben Salmoniden mit ca. 10 600 t und Karpfen mit ca. 4 900 t erzeugter Menge die Haupterwerbsquelle in der Fischproduktion Deutschlands.

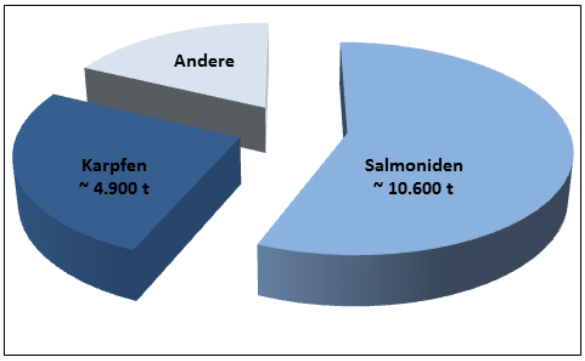


Abb.2: Fischproduktion in Deutschland im Jahr 2015 (Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.6, 2013, 2015)

Führend in der Erzeugung von Salmoniden sind die Bundesländer Bayern mit ca. 2 978 t und Baden-Württemberg mit ca. 2 305 t. Hauptproduzenten von Karpfen waren im Jahr 2015 die Bundesländer Bayern mit ca. 1 920 t und Sachsen mit ca. 1 730 t (Abb. 3).

Als Ursache für die rückläufige Entwicklung werden Wassermangel bedingt durch den heißen Sommer sowie die Fischseuchen insbesondere IHN und VHS diskutiert.

Die Erkrankungen IHN und VHS verursachen große wirtschaftliche Schäden in der Aquakultur und sind deshalb in der EU-Richtlinie 2006/88/EG als anzeige- und bekämpfungspflichtige, nicht exotische Krankheiten gelistet.

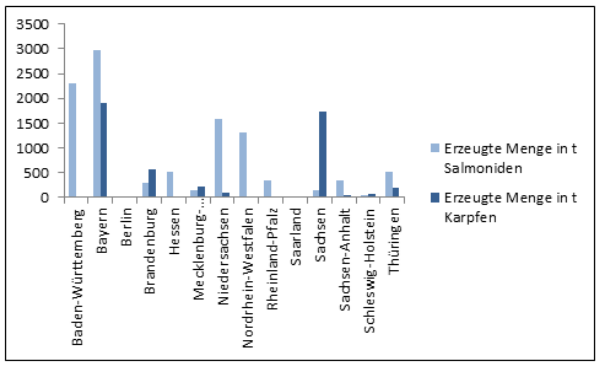


Abb. 3: Erzeugte Menge in Tonnen (t) von Salmoniden (insgesamt) und Karpfen im Jahr 2015 in den Bundesländern ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.6, 2015)

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 anerkannt 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.
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.
Laut Umfrage des EU Referenzlabors für Fischkrankheiten waren 2015 in Deutschland 83 VHS-freie bzw. 71 IHN-freie Fischhaltungsbetriebe mit empfänglichen Arten gemäß Teil 2 Anhang IV der EU-Richtlinie 2006/88/EG in der Kategorie I registriert. Acht Betriebe wurden im Rahmen eines genehmigten Überwachungsprogramms zur Erreichung der VHS- und IHN-Freiheit untersucht (Kategorie II). Programme zur Tilgung der IHN bzw. VHS (Kategorie IV) wurden 2015 nicht realisiert. Festgelegte Mindestmaßnahmen zur Bekämpfung der VHS bzw. IHN wurden in drei Betrieben durchgeführt (Kategorie V). In den anderen Teichwirtschaften sind Infektionen mit IHN bzw. VHS nicht bekannt, und die Betriebe unterliegen keinem genehmigten Überwachungsprogramm (Kategorie III).

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 abgeben oder an örtliche Einzelhandelsunternehmen liefern, die diese Erzeugnisse wiederum direkt an den Endver-

braucher 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, Probennahmen bei Verdacht sowie auch die Meldung des Verdachts und des Auftretens beinhalten. Im Rahmen der amtlichen Überwachung erfolgt gegebenenfalls zusätzlich eine verbindliche Probennahme 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“ (Probennahme 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 VHS, 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 u.a. eine unvollständige Erregereliminierung durch mangelhafte Desinfektion, Verbleib infizierter Fische in der Anlage, eine Übertragung durch Wildfische sowie ein Neubesatz mit nicht oder unsachgemäß untersuchten, infizierten Fischen.

Angaben zur Epizootiologie

Seit 2012 ist trotz intensiver Seuchenbekämpfungsmaßnahmen wieder ein leichter Anstieg der gemeldeten VHS-Fälle zu verzeichnen (Abbildung 4). Die meisten Fälle wurden in Bundesländern mit einem relativ hohen Forellenbesatz, wie Bayern (9), Baden-Württemberg (4) und Sachsen (5) festgestellt. Von den insgesamt 24 gemeldeten VHS-Ausbrüchen (TSN) sind acht Fälle als Sekundärausbrüche deklariert. Von der Seuche waren Betriebe mit einem Forellenbesatz von 150 bis 150 000 betroffen. In einem Fall wurde der Erreger der VHS aus Regenbogenforellen im Wildbestand isoliert.
Der Erreger der IHN hat im Berichtzeitraum insgesamt zu 21 Ausbrüchen in Betrieben der Kategorie I geführt (Quelle: TSN; Abbildung 4). Dies entspricht einer deutlichen Zunahme der IHN-Fälle in Deutschland seit dem Erstausbruch dieser Erkrankung im Jahr 1992. Betroffen waren vorwiegend Anlagen in den Bundesländern Baden-Württemberg (15) und Bayern (4). Die IHN wurde 2015 sowohl in kleinen Betrieben mit einer Besatzgröße von 100 bis 100 000 Forellen als auch in großen Aquakulturanlagen mit mehr als 500 000 Tieren nachgewiesen. Symptomatik und Mortalität variierten von negativ- bis hochgradig.
Im Zuge der Seuchenbekämpfung führten die Infektionen mit diesen anzeigepflichtigen Erkrankungen zu enormen Verlusten. Da auch Bruthaus- (z. B. mit mehr als 1,4 Mio. Setzlingen) und Mastanlagen (z. B. mit 450 t Fisch) im Jahr 2015 insbesondere von der IHN betroffen waren, wurden Probleme in

einer sicheren Entsorgung der hohen Tierbestände sowie die Beschaffung von Forellen der Kategorie I für einen Neubesatz erkennbar.

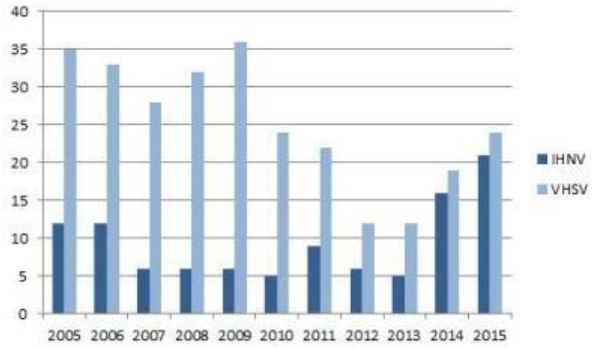


Abb. 4: Anzahl der VHS- und IHN-Ausbrüche in Deutschland von 2005 bis 2015 (Quelle: TSN)

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 der VHS und IHN, festgelegt. Dabei sind die anzuwendenden Methoden zum Nachweis der beiden genannten Fischseuchen identisch.

Der Entwurf zum diagnostischen Handbuch "Draft COMMISSION DECISION of Diagnostic Manual for certain aquatic animal diseases (SANCO/6084/2009)" wurde von den Mitgliedsstaaten überarbeitet und ist seit dem 01.04.2016 gültig. Alternativ zur Zellkultur ist der Genomnachweis mit molekularbiologischen Methoden (RT-qPCR und RT-PCR) zum Nachweis von VHS und IHN Erregern zulässig. Auf der Grundlage dieser Entscheidung wurde die Anleitung für die Diagnostik der IHN und VHS in der „Amtlichen Methodensammlung" aktualisiert. Verfahren zur Diagnose dieser beiden Fischseuchen und weiterer, gegebenenfalls differentialdiagnostisch abzugrenzender Fischkrankheiten sind auch in der aktuellen Ausgabe des "Aquatic Animal Health Code and Manual of Diagnostic Tests for Aquatic Animals" der OIE zu finden.

Bei erhöhten Fischverlusten, die nicht eindeutig auf Haltungsbedingungen oder Transportbedingungen zurückzuführen sind, besteht die Pflicht der Betreiber von Aquakulturbetrieben bzw. der entsprechend verantwortlichen Personen, die zuständigen Behörden 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.

Bedingt durch die gestiegene Anzahl der IHN- und VHS-Ausbrüche im letzten Jahr, wurden viele Proben zur Erregerdiagnostik an die Landesuntersuchungsämter eingeschickt.

Im letzten Jahr wurden in Deutschland ca. 3 400 Proben auf IHNV und etwa 3 000 auf VHSV untersucht. Hervorzuheben ist der enorme Arbeitsaufwand, da der Genomnachweis 2015 noch nicht als diagnostisches Nachweisverfahren zugelassen war, und jede Probe über die Zellkultur mit den entsprechenden Bestätigungsverfahren, wie Enzymimmuntest (ELISA), Neutralisationstest (NT) oder Immunfluoreszenztest (IFT) abgeklärt werden musste.

Ergänzend zu den in der EU-Gesetzgebung gegenwärtig vorgeschriebenen Nachweismethoden wurden zur Bestätigung der Befunde am NRL die

RT-PCR mit anschließender Sequenzanalyse eingesetzt.

Genetische Charakterisierung

Auf Grundlage der Richtlinie 2006/88/EG wurden zur Aufklärung der IHN- bzw. VHS-Krankheitsgeschehen entsprechende epidemiologische Nachforschungen eingeleitet. Die Untersuchungen zur Ermittlung von Verbreitungs- und Einschleppungswegen 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. Das Interesse an der genetischen Charakterisierung der Erreger ist bei den Mitarbeitern der Fischgesundheitsdienste und den Behörden der Bundesländer in den letzten Jahren deutlich gestiegen. Sowohl IHN- als auch VHS-Erreger, die in den letzten Jahren in Deutschland Ausbrüche verursachten, wurden genetisch charakterisiert. Die FLI Datenbanken umfassen inzwischen mehr als 900 VHSV- sowie ca. 350 IHNV-Einträge. Regelmäßig erfolgt ein Abgleich mit international verfügbaren Daten.

Im Jahr 2015 wurden insgesamt 32 VHSV-Isolate und 73 IHNV-Isolate genetisch charakterisiert. Die Erreger stammen sowohl von VHS- und IHN-Geschehen in Aquakulturbetrieben (TSN-Meldungen) als auch von Wildwasserfischen, die im Rahmen epidemiologischer Nachforschungen nach Elektroabfischung virologisch untersucht wurden. Zusätzlich wurden auch Erreger aus Nachfolgeuntersuchungen im Rahmen der Sanierung oder nach Neubesatz analysiert.

Alle charakterisierten IHN- und VHS-Viren, die 2015 in Deutschland isoliert wurden, sind der europäischen Genogruppe zuzuordnen.

Untersuchungen von mehreren Proben eines infizierten Bestandes ergaben sowohl für IHNV als auch VHSV keine bzw. nur eine sehr geringe genetische Varianz innerhalb des analysierten Bereiches des jeweiligen Erregers.

Genetische Verwandtschaft von VHSV-Isolaten innerhalb Deutschlands

Alle untersuchten VHS-Isolate des Jahres 2015 sind der Subgenogruppe Ia (Europa) zuzuordnen. Die Ergebnisse der Untersuchungen bestätigen eine enge genetische Verwandtschaft aktueller VHS-Erreger innerhalb Deutschlands.

Die meisten VHS-Ausbrüche im Jahr 2015 wurden von Viren verursacht, die in den vorangegangenen Jahren in Deutschland isoliert wurden. Genetisch identische bzw. sehr nah verwandte Erreger wurden sowohl innerhalb eines Bundeslandes als auch in verschiedenen Bundesländern isoliert.

So verursachten z. B. genetisch identische Erreger in verschiedenen Landkreisen Sachsens 2014 und 2015 die VHS (TSN: 14-801-00012, 15-801-00009).

Mitte Februar 2015 wurde in einem Produktionsbetrieb in Bayern die VHS festgestellt (TSN 15-801-00003). Der entsprechende Erreger ist genetisch identisch mit VHSV, das Ende August 2014 in einem anderen Landkreis Bayerns im Rahmen eines Krankheitsgeschehens isoliert wurde (TSN 14-801-00014).

Häufig war auch die Verbreitung von genetisch nah verwandten bzw. identischen VHS-Erregern über die Grenzen der Bundesländer hinweg festzustellen. VHS-Ausbrüche in Rheinland-Pfalz (TSN 15-801-00012) und Thüringen (TSN 15-801-00021) wurden von Erregern verursacht, die sich nur in einem Nukleotid innerhalb des G-Gens unterscheiden. Bei einem anderen VHS-Geschehen in Rheinland-Pfalz (TSN 15-801-00019) wurde im November 2015 ein Erreger isoliert, der bereits im Frühjahr infolge eines Ausbruchs in Bayern (TSN 15-801-00007) charakterisiert wurde.

Genetisch eng verwandtes VHSV, das 2014 in Sachsen (TSN 14-801-00003) isoliert wurde, verursachte im Jahr 2015 einen Ausbruch in Bayern (TSN 15-801-00005). Die Erreger wiesen im analysierten

Bereich eine Identität von 99,87 % auf. Dies entspricht einem Austausch von zwei Nukleotiden.
In Brandenburg wurde im Rahmen eines Ausbruchsgeschehens (TSN 15-801-00016) ein Erreger isoliert, der sich lediglich in drei Nukleotiden von einem Virus unterschied, das 2013 für die VHS in Bayern (13-801-00007) verantwortlich war.
Wie schon im Jahr zuvor in verschiedenen Bundesländern diagnostiziert, wurde 2015 die VHS erneut durch Erreger verursacht, die genetisch sehr eng verwandt sind mit einem Virus, das 2012 in einem Angelteich in Hamburg isoliert wurde.
Diese Beispiele verdeutlichen, dass Erreger der VHS innerhalb Deutschlands trotz strenger Vorgaben zur Seuchenbekämpfung nach wie vor weiter Verbreitung finden und Ausbrüche verursachen.

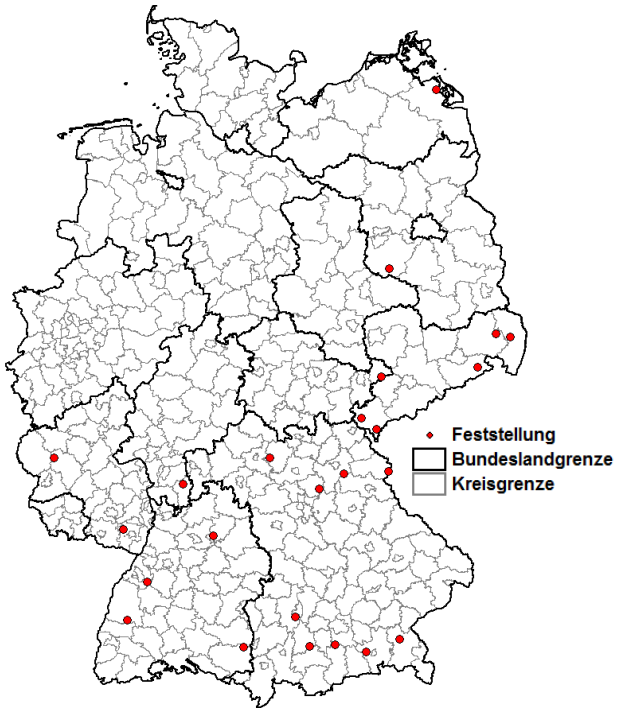


Abb. 5: Im Jahr 2015 gemeldete VHS-Ausbrüche (Quelle: TSN)

Genetische Verwandtschaft von IHNV-Isolaten innerhalb Deutschlands

Zur Unterstützung epidemiologischer Nachforschungen wurden die Isolate aller in TSN registrierten IHN-Geschehen molekularbiologisch analysiert.

Auf Grund genetischer Analysen ist zu vermuten, dass alle IHN-Ausbrüche im Jahr 2015 durch einen Erreger verursacht wurden, der seit 2013 in Deutschland isoliert wurde. Betroffen waren anfänglich die Bundesländer Sachsen-Anhalt (TSN 13-027-00001) und Sachsen (TSN 13-027-00002). Zwei Monate später wurde der Erreger auch in Baden-Württemberg isoliert (TSN 13-027-00005). Im Jahr 2014 wurden genetisch sehr eng verwandte Erreger im niedersächsischen Kontaktbetrieb (TSN 14-027-00008 und -00009) und in den Bundesländern Nordrhein-Westfalen (TSN 14-027-00006) und Baden-Württemberg (TSN 14-027-00014) isoliert. Die untersuchten Viren der 21 registrierten IHN-Geschehen (TSN-Meldungen) des Jahres 2015 und die genetisch verwandten Erreger aus den Jahren 2013 und 2014 blieben in ihrer genetischen Zusammensetzung relativ stabil. Es bestehen keine bis maximal vier Nukleotidaustausche innerhalb des G-Gens. Das entspricht einer ermittelten Mutationsrate von null bis zwei Nukleotiden pro Jahr innerhalb des G-Gens.
In Europa meldeten neben Deutschland auch Italien (5 Fälle), die Schweiz (2 Fälle), Kroatien (1 Fall), Polen (1 Fall) und Belgien (1 Fall) Ausbrüche der IHN (Quelle: Animal Disease Notification System, ADNS). Inwieweit ein epidemiologischer Zusammenhang bzw. eine genetische Verwandtschaft der Erreger dieser IHN-Geschehen besteht, bleibt vorerst ungeklärt, da diesbezüglich keine Informationen vorliegen.

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.

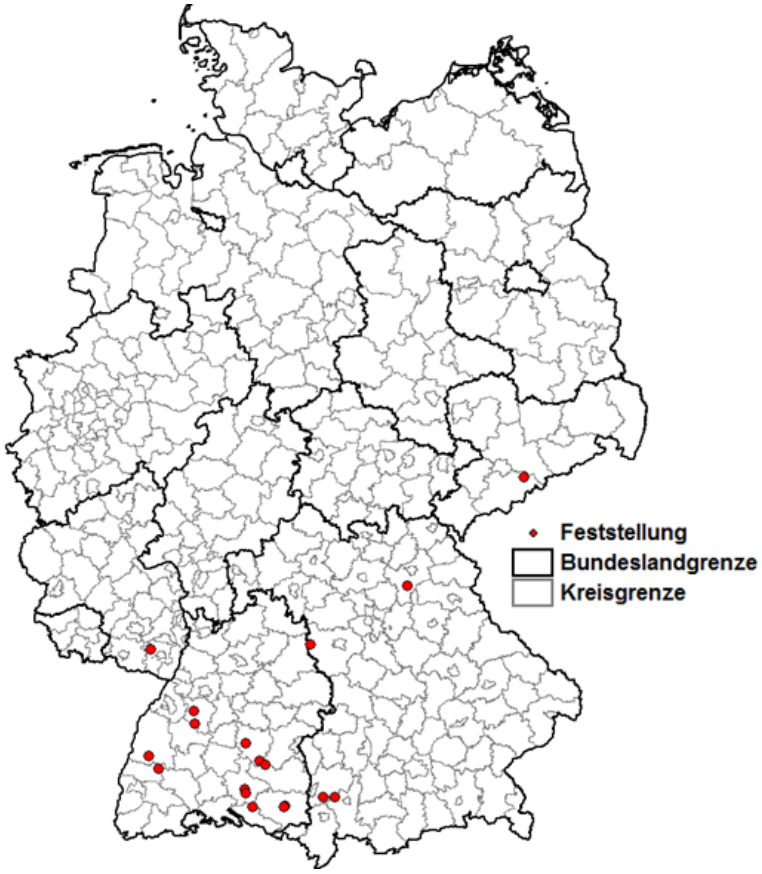


Abb. 6: Alle in Deutschland charakterisierten IHNV-Isolate sind der Genogruppe Europa zuzuordnen.

28. 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.

WNV infections in birds and horses are notifiable diseases in Germany. Germany is officially free from WNV 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 übertragenes 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 tödlichem Ausgang entwickeln.

Die WNV-Infektion von Vogel und Pferd ist eine anzeigepflichtige Tierseuche in Deutschland. Bisher gilt Deutschland offiziell als WNV frei. Denn in umfassenden nationalen Überwachungsprogrammen wurden in den letzten Jahren WNV-Erkrankungsfälle weder in Pferden noch in Vögeln (Wildvögel bzw. Wirtschaftsgeflügel) in Deutschland nachgewiesen.

Epidemiologie / Erreger

Den Namen erhielt das Virus nach seinem erstmaligen Isolierungsort 1937 im West-Nil-Distrikt in Uganda/Afrika. Das West-Nil-Virus gehört zur Familie der *Flaviviridae,* zu der auch eine große Zahl anderer für den Menschen gefährlicher Krankheitserreger zählen: z. B. Gelbfieber-Virus, Dengue-Virus 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 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 % der infizierten Tiere kann die Erkrankung tödlich verlaufen.

Die Infektion beim **Menschen** verläuft bei 80 % der Infizierten ohne Symptome. Nur etwa 20 % der Infizierten zeigen leichte Krankheitssymptome, wie Fieber und grippeähnliche Erscheinungen. Diese Erkrankungsform wird deshalb auch als „West-Nil-Fieber“ bezeichnet und gilt als klassischer Verlauf der Krankheit. In weniger als einem Prozent der Fälle kann allerdings auch ein schwerer, hoch fieberhafter 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.

Im Jahr 2015 wurden die Standorte zur Sammlung von Wildvogelproben deutlich ausgeweitet und ein sog. deutschlandweites Wildvogelnetzwerk im Rahmen eines DZIF-Projektes aufgebaut. Hierbei konnten über 750 verschiedene Wildvogelproben gewonnen werden, deren Untersuchungen auf das Vorkommen von verschiedenen Arboviren derzeit noch andauern.

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 können 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 und mit Hilfe von zwei deutchlandweiten Projekten, einmal zum Stechmücken-Monitoring (CuliMo) und zum anderen zu Stechmücken und von Stechmücken übertragende Zoonosen (CuliFo), wissenschaftlich vorangetrieben.

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. 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.
- Klaus C, Ziegler U, Kalthoff D, Hoffmann B, Beer M (2014). Tick-borne encephalitis virus (TBEV) - find-ings on cross reactivity and

longevity of TBEV anti-bodies 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/ijerph10083112.
- 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, 15:481-488.

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: November 2016)

Nationale Referenzlaboratorien für anzeigepflichtige Tierseuchen:

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

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Ansteckende Blutarmut der Lachse (Infektiöse Anämie der Lachse)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.de
Aujeszkysche Krankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.de
Befall mit Kleinem Bienenbeutenkäfer (*Aethina tumida*)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.de
Befall mit Tropilaelaps-Milbe	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.de
Beschälseuche der Pferde	Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** Dr. G. Schares Email: gereon.schares@fli.de
Blauzungenkrankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de

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

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

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Lumpy-skin-Krankheit (Dermatitis nodularis)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiterin:** Dr. D. Hoffmann E-Mail: donata.hoffmann@fli.de
Lungenseuche der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Dr. M. Heller E-Mail: martin.heller@fli.de
Maul- und Klauenseuche	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. M. Eschbaumer E-Mail: michael.eschbaumer@fli.de
Milzbrand	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. M. Elschner E-Mail: mandy.elschner@fli.de
Muschelkrankheiten Infektion mit *Bonamia exitosa*, Infektion mit *Bonamia ostreae*, Infektion mit *Marteilia refringens*, Infektion mit *Microcytos mackini*, Infektion mit *Perkinsus marinus*	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. habil. S. Bergmann E-Mail: sven.bergmann@fli.de
Newcastle-Krankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** PD Dr. C. Grund E-Mail: christian.grund@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems **Leiter:** Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.de
Pest der kleinen Wiederkäuer	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Pferdeenzephalomyelitis (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. M. Keller E-Mail: markus.keller@fli.de
Pockenseuche der Schafe und Ziegen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiterin:** Dr. D. Hoffmann E-Mail: donata.hoffmann@fli.de
Rauschbrand	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Dr. C. Seyboldt E-Mail: christian.seyboldt@fli.de
Rifttal-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. M. Eiden E-Mail: martin.eiden@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Rinderpest	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Rotz	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. M. Elschner E-Mail: mandy.elschner@fli.de
Salmonellose der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** PD Dr. U. Methner E-Mail: ulrich.methner@fli.de
Schweinepest (Klassische Schweinepest)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiterin:** Dr. S. Blome E-Mail: sandra.blome@fli.de
Stomatitis vesicularis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Taura-Syndrom (exotisch)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Tollwut	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.de
Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** PD Dr. A. Balkema-Buschmann E-Mail: anne.buschmann@fli.de
Trichomonadenseuche der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Dr. K. Henning E-Mail: klaus.henning@fli.de
Tuberkulose der Rinder (*Mykobakterium bovis, M. caprae*)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. S. Barth E-Mail: stefanie.barth@fli.de
Vesikuläre Schweinekrankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Vibrionenseuche der Rinder (bovine genitale Campylobacteriose)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Dr. H. Hotzel E-Mail: helmut.hotzel@fli.de

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

Nationale Referenzlaboratorien für meldepflichtige Tierkrankheiten:

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

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Chlamydiose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. C. Schnee E-Mail: christiane.schnee@fli.de
Echinokokkose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Prof. Dr. F. J. Conraths E-Mail: franz.conraths@fli.de
Equine Virus-Arteritis-Infektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald -Insel Riems **Leiterin:** Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald -Insel Riems **Leiter:** Dr. W. Fuchs E-Mail: walter.fuchs@fli.de
Maedi/Visna	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** Dipl.-Vet.-Med. G. Kotterba E-Mail: guenter.kotterba@fli.de
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems **Leiter:** Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Paratuberkulose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. H. Köhler E-Mail: heike.koehler@fli.de
Q-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Dr. K. Henning E-Mail: klaus.henning@fli.de
Schmallenberg Virus Infektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems **Leiterin:** Dr. K. Wernike E-Mail: kerstin.wernike@fli.de
Toxoplasmose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems **Leiter:** Dr. G. Schares E-Mail: gereon.schares@fli.de
Tularämie	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** PD Dr. H. Tomaso E-Mail: herbert.tomaso@fli.de
Verotoxin bildende Escherichia coli	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Dr. L. Geue E-Mail: lutz.geue@fli.de

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

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Bunyavirale Erkrankungen (inklusive Hanta-Virus Infektion)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** PD Dr. R. Ulrich E-Mail: rainer.ulrich@fli.de
Caprine Arthritis und Enzephalitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** Dipl.-Vet.-Med. G. Kotterba E-Mail: guenter.kotterba@fli.de
Japanische Enzephalitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.de
Krebstierkrankheiten (Crustaceen): 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 **Leiter:** Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.de
Krim-Kongo-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Muschelkrankheiten (Bilvalvia): *Perkinsus olseni*, *Xenohalitiosis californiensis*, Abalone Virussterblichkeit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. habil. S. Bergmann E-Mail: sven.bergmann@fli.de
Nipah-/Hendra-Virusinfektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiterin:** PD Dr. A. Balkema-Buschmann E-Mail: anne.buschmann@fli.de
durch Zecken übertragene Krankheiten (ZÜK)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. C. Klaus E-Mail: christine.klaus@fli.de

Anlage 2: 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	Aujeszkysche Krankheit
AKV	Virus der Aujeszkyschen Krankheit
ASE	Agrarstrukturerhebung
ATLAS	**A**utonomes-**T**ierseuchen-**La**b-on-a-Chip-**S**ystem
BAnz.	Bundesanzeiger
BBLV	Bokeloh Bat Lyssavirus
BGBl.	Bundesgesetzblatt
bgC	Bovine genitale Campylobakteriose
BHV-1	Bovines Herpesvirus Typ 1
BKV	Berufskrankheiten-Verordnung
BLV	Bovines Leukosevirus
BMBF	Bundesministerium für Bildung und Forschung
BMEL	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
BMG	Bundesministerium für Gesundheit
BmTierSSchV	Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung
BMVg	Bundesministerium der Verteidigung
BNI	Bernhard-Nocht-Institut
bp	Basenpaar
BSE	Bovine Spongiforme Encephalopathie
BTV	Bluetongue-Virus
BVL	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit
CEM	Ansteckende Metritis des Pferdes
CFT	Complement fixation test
cp	cytopathogen
CVO	Chief Veterinary Officer

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-Immunosorbent-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 Anaplasmose
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	*In situ*-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	*Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis*
MIRU	Mycobacterial interspersed repetitive unit
MLSSR	multi-locus short sequence repeat
MLST	Multi Locus Sequence Typing
MTC	*M. tuberculosis*-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

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: presse@fli.de