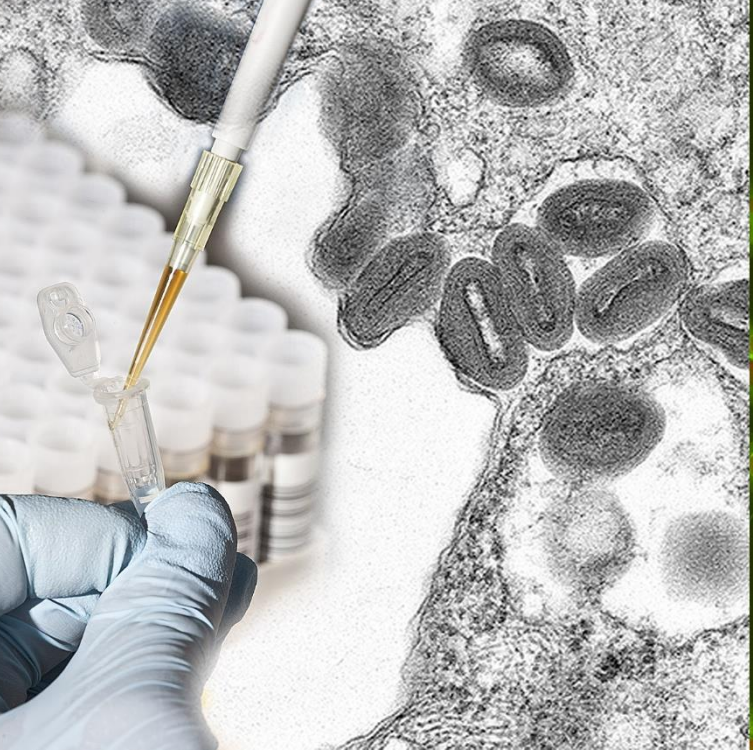

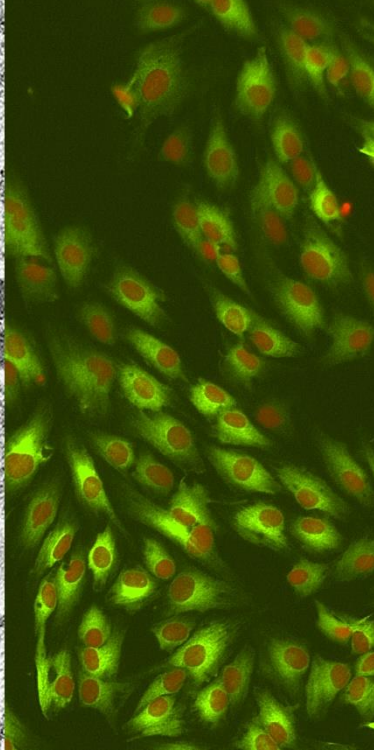

8. Riemser Diagnostiktage

30. November bis 1. Dezember 2017
Greifswald - Insel Riems

AVID Arbeitskreis für veterinärmedizinische Infektionsdiagnostik

DVG

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

Programm

Donnerstag, 30. November

ab 08:00 **Registrierung**

08:45-09:00
Begrüßung
(M. Beer, Leiter Institut für Virusdiagnostik;
B. Hoffmann, AVID-Vorstandsvorsitzender)

09:00-09:30
Themenkomplex „Tierseuchengesetzgebung“
(Moderation: B. Hoffmann)

9:00 **Tiergesundheitsrecht – was sollte man wissen?**
(H. J. Bätza, BMEL, Bonn)

09:30-10:30
Themenkomplex „Aviäre Influenza — Alte Bekannte und neue Viren“ (Moderation: B. Hoffmann)

09:30 **Diagnostik der Influenza: Wechselnde Gegner – angepasste Maßnahmen**
(T. Harder, FLI, Insel Riems)

09:40 **HPAI H5N8 2016/17: Erfahrungen und Beobachtungen aus Bayern**
(A. Neubauer-Juric, LGL Bayern, Oberschleißheim)

09:50 **Den Influenzaviren auf der Spur - Möglichkeiten und Grenzen sequenzbasierter Ausbruchsanalysen**
(A. Pohlmann, FLI, Insel Riems)

10:00 **Aktuelle Ergebnisse des deutschen Wildvogelmonitorings auf Aviäre Influenza**
(A. Globig, FLI, Insel Riems)

10:10 **Blockdiskussion**

10:30-11:00 Tee-/Kaffeepause

11:00-12:00
Themenkomplex „Berichte aus den Referenzlaboratorien“
(Moderation: A. Hlinak)

11:00	**Lumpy Skin Disease – Studien zur Entwicklung einer inaktivierten Vakzine** (B. Hoffmann, FLI, Insel Riems)
11:15	**Ergänzende Studien zum KSP-Markerimpfstoff CP7_E2alf** (J. Henke, FLI, Insel Riems)
11:30	**BVD und SBV: Was sagen uns die Ringteste?** (K. Wernike, FLI, Insel Riems)
11:45	**Aktuelles aus dem NRL für Enzootische Rinderleukose, Maedi Visna und CAE** (G. Kotterba, FLI, Insel Riems)

12:00-13:30 Mittagsimbiss

13:30-14:30
Themenkomplex „Berichte aus den Referenzlaboratorien“
(Moderation: K. Wernike)

13:30	**Untersuchungen zur Stabilität von Newcastle-Krankheit-Impfviren und Implikation für die Diagnostik** (C. Grund, FLI, Insel Riems)
14:00	**Equine Infektiöse Anämie - Aktuelle Situation** (P. König, FLI, Insel Riems)
14:15	**Lyssaviren, Surveillance und Diagnostik – Quo vadis?** (T. Müller, FLI, Insel Riems)

14:30-15:30
Themenkomplex „Afrikanische Schweinepest“
(Moderation: A. Neubauer-Juric)

14:30	**Afrikanische Schweinepest: Eine Seuche, die das Lehrbuch nicht gelesen hat?** (S. Blome, FLI, Insel Riems)
14:40	**ASP-Maßnahmen im Seuchenfall: am Schreibtisch und in der Praxis** (C. Sauter-Louis, FLI, Insel Riems)
14:50	**Afrikanische Schweinepest: Update zum Antikörpernachweis** (L. Zani, FLI, Insel Riems)
15:00	**Blockdiskussion**

15:15-16:00 Tee-/Kaffeepause

16:00-18:00
Themenkomplex „Von Steinzeitvirologie bis Rocket Science“
(Moderation: M. Beer und A. Hlinak)

16:00	**Elektronenmikroskopie in der Diagnostik - Auslaufmodell oder sinnvolle Ergänzung** (K. Franzke, FLI, Insel Riems)
16:15	**Die Bio-Bank des FLI** (S. Reiche, FLI, Insel Riems)
16:30	**Klassische und molekulare diagnostische Methoden auf der roten Liste** (D. Höper, FLI, Insel Riems)
16:45	**Serologische und molekularbiologische Trends in der humanmedizinischen Diagnostik von Zoonosen** (D. Tappe, Bernhard-Nocht-Institut, Hamburg)
17:15	**Podiumsdiskussion**

19:30 Gemeinsames Abendessen im „Theatercafé“ Greifswald

Freitag, 01. Dezember

08:30-10:30
Themenkomplex
„Alte und neue Pathogene bei Schwein, Rind und Biene“
(Moderation: T. C. Mettenleiter)

08:30	**Detektion und Genotypisierung von porzinem Rotavirus A und C in verschiedenen Probenmatrices aus ausgewählten EU-Ländern** (M. Liman, AniCon Labor GmbH, Hoeltinghausen)
08:45	**Untersuchungen zum Einfluss maternaler Antikörper auf eine Infektion der Ferkel mit Salmonella Typhimurium** (S. Springer, IDT Biologika GmbH, Dessau-Roßlau)
09:00	**Neue Porcine Circoviren in Deutschland und der Welt** (C. Gaunitz, QIAGEN Leipzig GmbH, Leipzig)
09:15	**Porzine Epidemische Diarrhoe – Aktuelles aus Stall und Labor** (S. Leidenberger, FLI, Insel Riems)
09:30	**BHV-1 Untersuchungen: Mastbullen kann man nicht beproben, oder doch?** (B. Thoms, LAVES Niedersachsen, Braunschweig)
09:45	**Prävalenz von BVDV-Antikörpern nach Detektion von PI-Tieren in bayerischen Herden** (V. Turowski, TGD Bayern e.V., Poing)
10:00	**Hat das Trächtigkeitsstadium eines Rindes einen Einfluss auf die Coxiellose-Impfung?** (J. Böttcher, TGD Bayern e.V., Poing)
10:15	**Bienenkrankheiten – was muss der Diagnostiker wissen?** (M. Schäfer, FLI, Insel Riems)

10:30-11:00 Tee-/Kaffeepause

11:00-12:30
Themenkomplex „Exotische Tierseuchen - vektorübertragene Krankheiten - Zoonosen“
(Moderation: J. Böttcher)

11:00	**Untersuchungen zum Vorkommen von Batai-Virus in Wiederkäuern in Deutschland** (U. Ziegler, FLI, Insel Riems)
11:15	**Vektorkompetente Stechmückenarten in Mitteleuropa? Experimentelle Laboruntersuchungen am Beispiel zoonotischer Filarien** (C. Silaghi, FLI, Insel Riems)
11:30	**Immunantwort nach Vakzinierung von Wiederkäuern mit einer kommerziellen BTV-4 Vakzine unter Feldbedingungen** (A. Steinrigl, AGES Mödling, Österreich)
11:45	**Identifizierung eines neuen Picornavirus in Lämmern mit Polioenzephalitis** (L. Forth, FLI, Insel Riems)
12:00	**Astroviren als Ursache von Enzephalitiden bei Wiederkäuern** (K. Schlottau, FLI, Insel Riems)
12:15	**Bornavirus-Update** (D. Hoffmann, FLI, Insel Riems)
12:30	**Abschlussdiskussion**

12:55-13:00
Schlusswort
(T. C. Mettenleiter, Präsident Friedrich-Loeffler-Institut;
M. Beer, Leiter Institut für Virusdiagnostik)

13:00 Mittagsimbiss

„Get Together“ auf dem Riems am 29. November

Seuchen, Ängste und die Medien

Christian Griot

Institut für Virologie und Immunologie, Mittelhäusern, Schweiz

Tierseuchen haben schon immer das Interesse der Öffentlichkeit geweckt. Seit dem Bekanntwerden der Bovinen Spongiformen Enzephalopathie (BSE), sind Krankheiten in einem größeren Umfang in den Medien präsentiert worden. Spätestens mit dem Auftreten von SARS und der Influenza H5N1 (Vogelgrippe), hat sich die mediale Berichterstattung einem Wandel unterzogen. Gründe hierfür sind die mögliche Gefährdung der Menschen aufgrund des zoonotischen Potenzials der Erreger. Entscheidend in der objektiven Berichterstattung dürften auch „unabhängige“ Expertinnen und Experten sein, welche oft (aber nicht immer!) konträr Auskunft geben („Kampfzone“ Öffentlichkeit gegen Behörden). Anhand von konkreten Beispielen wird dieser mediale Diskurs zwischen Seuchen, Gefährdung und „Killervirus“ veranschaulicht.

Tiergesundheitsrecht – was sollte man wissen?

Hans-Joachim Bätza

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft

Verordnung zur Änderung der Rinder-Leukose-Verordnung, der Tuberkulose-Verordnung und der Brucellose-Verordnung

Mit der **Änderung der Rinder-Leukose-Verordnung** wird die nationale Rechtsgrundlage geschaffen, zukünftig von einer Stichprobenuntersuchung Gebrauch machen zu können. Dies vor dem Hintergrund, dass Deutschland seit 1999 amtlich anerkannt frei von enzootischer Rinderleukose ist. Nach EU-Recht (Richtlinie 64/432/EWG) besteht die Möglichkeit, bei der EU-Kommission zu beantragen, von der jährlichen Untersuchung aller Bestände auf eine Stichprobenuntersuchung von 1 % der Bestände jährlich umzustellen. Mit der **Änderung der Tuberkulose-Verordnung** wird die Definition der Rindertuberkulose erweitert sowie die Anzahl der im Falle des Verdachtes oder Ausbruchs zu untersuchenden Probenzahl reduziert. Mit der **Änderung der Brucellose-Verordnung** sollen die bei der serologischen Diagnostik existierenden Probleme (insbesondere beim Schwein) dahingehend gelöst werden, dass zukünftig zur Seuchenfeststellung zwei unterschiedliche serologische Untersuchungsverfahren durchzuführen sind; derzeit ist zur Seuchenfeststellung eine positive Serologie ausreichend. Zudem werden die Maßnahmen beim Ausbruch der Brucellose und beim Verdacht auf Brucellose bei Schweine-, Schaf- und Ziegenbeständen getrennt.

Die Änderungsverordnung vom 17. Mai 2017 wurde zwischenzeitlich im Bundesgesetzblatt vom 29. Mai 2017 auf der Seite 1253 verkündet; sie ist am 30. Mai 2017 in Kraft getreten.

Erste Verordnung zur Änderung der Maul- und Klauenseuche-Verordnung

Mit der Änderungsverordnung wurden Schutzmaßnahmen eingeführt, die es insbesondere im Falle eines MKS-Ausbruchs in einem Schlachthof,

auf dem Transport und in Grenzkontrollstellen der jeweils zuständigen Behörde ermöglichen, Maßnahmen zu ergreifen, um eine Weiterverbreitung des Erregers zu vermeiden.

Außerdem erfolgt eine Klarstellung der sog. „Equidenregelung". Das heißt, in Zukunft soll gewährleistet werden, dass im Seuchenfall nicht für MKS empfängliche Tiere mit Genehmigung der zuständigen Behörde aus dem betroffenen Betrieb verbracht werden können. Analog zur Schweinehaltungshygieneverordnung wird ein „Frühwarnsystem" eingeführt. Der Tierhalter ist bei Eintreten bestimmter Umstände, wie hohem Fieber oder erheblicher Verminderung der Milchleistung, verpflichtet, über eine Untersuchung eine Infektion mit MKS-Virus ausschließen zu lassen. Zudem wird sichergestellt, dass die Milch-Güteverordnung auch im Seuchenfall weiter anwendet werden kann.

Weiterhin werden die Anforderungen an Laboratorien und vergleichbare Einrichtungen, die mit dem MKS-Virus arbeiten, angepasst.

Die Änderungsverordnung vom 18. Juli 2017 ist im Bundesgesetzblatt I Seite 2655 verkündet worden; sie ist am 26. Juli 2017 in Kraft getreten.

Erste Verordnung zur Änderung der Viehverkehrsverordnung

Im Wesentlichen wird die Verordnung an das ab dem 01.01.2016 geltende EU-Recht zur Kennzeichnung von Equiden (verpflichtende Angaben im Equidenpass, Festlegung der Frist zur Antragstellung auf Ausstellung eines Equidenpasses, Anerkennung einer in einem anderen Mitgliedstaat vorgenommenen alternativen Kennzeichnung bei der Übernahme von Einhufern) angepasst. Darüber hinaus wird für die Anzeige von Veranstaltungen, wie Viehmärkte, neben der Schriftform auch das elektronische Verfahren ermöglicht, womit dem Projekt Digitale Erklärung (Normenscreening) Rechnung getragen wird. Der Verordnungsentwurf befindet sich derzeit in der abschließenden rechtsförmlichen Prüfung.

Dritte Verordnung zur Änderung der Schweinepest-Verordnung

Seit Jahren treten Fälle von Afrikanischer Schweinepest (ASP) beim Schwarzwild in Weißrussland, der Ukraine und Russland auf. Seit dem Frühjahr 2014 werden im Grenzgebiet zu diesen Drittländern in Litauen, Lettland, Estland und Polen Fälle von ASP bei Haus- und Wildschweinen

festgestellt. Im Juni 2017 wurde ASP bei Wildschweinen erstmals in der Tschechischen Republik, im Juli 2017 erstmals in Rumänien in einem kleinen Hausschweinebestand festgestellt. Mit dem Durchführungsbeschluss 2014/709/EU hat die Kommission bestimmte tierseuchenrechtliche Maßnahmen zur Bekämpfung der ASP erlassen; der Durchführungsbeschluss richtet sich an die von ASP betroffenen Mitgliedstaaten. Das Auftreten der ASP in der Tschechischen Republik und in Rumänien hat einmalmehr gezeigt, dass die Seuche über den Vektor „Mensch“ über größere Entfernungen verschleppt werden kann. Um für den Fall, dass ASP auch in Deutschland bei einem Wildschwein festgestellt und insoweit die Regelungen des Durchführungsbeschlusses auch in Deutschland anzuwenden sind, werden mit der Änderungsverordnung diese Regelungen in nationales Recht überführt. Damit wird im Falle der Feststellung von ASP in Deutschland ein unverzügliches Eingreifen auf dieser Grundlage ermöglicht.

Außerdem werden klarstellende Regelungen im Hinblick auf die Desinfektion von Flugzeugen im Seuchenfall aufgenommen. Die Verordnung befindet sich derzeit in der internen Abstimmung. Sollte ASP in Deutschland vor Erlass der Verordnung festgestellt werden, werden die Maßnahmen des genannten Durchführungsbeschlusses im Rahmen einer Dringlichkeits-verordnung, die mit Ländern und Verbänden abgestimmt ist, umgesetzt. Diese Dringlichkeitsverordnung hätte dann nur eine Geltungsdauer von sechs Monaten, die nur mit Zustimmung des Bundesrates verlängert werden kann.

Dritte Verordnung zur Änderung der Geflügelpest-Verordnung

Das Geflügelpestgeschehen im Jahr 2016/2017 hat Änderungen der Geflügelpest-Verordnung notwendig gemacht. Im Wesentlichen handelt es sich dabei um folgende Änderungen: Grundsätzlich soll stärker zwischen „kommerziellem Geflügel“ und „Hobbygeflügel“ differenziert werden. Die Regelungen der als Dringlichkeitsverordnung erlassenen „Verordnung über besondere Schutzmaßregeln in kleinen Geflügelhaltungen vom 18. November 2016“ werden insoweit in die Geflügelpest-Verordnung übernommen, als für die zuständige Behörde eine Anordnungsbefugnis geschaffen wird, für kleinere Geflügelhaltungen Biosicherheits-

maßnahmen anordnen zu können. Weiterhin werden die Verbringungsregelungen aus Restriktionsgebieten im Hinblick auf Puten angepasst. So soll u. a. zukünftig auch für Puten haltende Betriebe die Möglichkeit eröffnet werden, unter bestimmten Voraussetzungen Puten aus einem Bestand im Sperrbezirk in einen anderen Bestand im Inland verbringen zu können. Tauben, die für die Verbreitung der Geflügelpest nur eine untergeordnete Rolle spielen, sollen vom Regelungsbereich der in Gefangenschaft gehaltenen Vögel anderer Arten ausgenommen werden. Die Verordnung eröffnet außerdem die Möglichkeit, bei einer Ausnahmegenehmigung von der grundsätzlichen Aufstallung, den Betrieb durch eine Übernetzung vor Kontakt mit Wildvögeln zu schützen. Weiterhin wird für die zuständige Behörde die Befugnis geschaffen, in Zeiten erhöhter Seuchengefahr den „mobilen Geflügelhandel“ von bestimmten Voraussetzungen (Untersuchung, tierärztliche Bescheinigung) abhängig zu machen. Zudem werden die den Sperrbezirk bzw. das Beobachtungsgebiet betreffenden Aufhebungsuntersuchungen modifiziert. Außerdem wird im Falle der Versendung von Geflügel aus Restriktionszonen in einen Bestand im sonstigen Inland die zuständige Behörde des Herkunftsbestandes verpflichtet, die zuständige Behörde des Bestimmungsbestandes über die Versendung zu unterrichten. Schließlich erfolgt eine Klarstellung in Bezug auf die Desinfektion von Flugzeugen im Seuchenfall. Die Verordnung befindet sich derzeit in der abschließenden Abstimmung mit den Ländern.

Auf EU-Ebene haben zwischenzeitlich die Beratungen zu den Rechtsakten, die sich als Konsequenz aus dem **Tiergesundheitsrechtsakt (Verordnung (EU) 2016/429)** ergeben, begonnen. Von besonderer Bedeutung ist dabei die Kategorisierung der einzelnen Tierseuchen, weil daran die entsprechenden Bekämpfungsvorschriften und z.T. auch die Handelsvorschriften gekoppelt sind.

Diagnostik der Influenza: Wechselnde Gegner – angepasste Maßnahmen

Timm Harder, Christian Grund und Martin Beer

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald - Insel Riems

Die Epidemiologie der hochpathogenen aviären Influenza (HPAIV) in Deutschland und Europa war zuletzt vor allem von erratischen Viruseinträgen aus Asien geprägt. Daneben gab es jedoch auch autochthone HPAI Ausbrüche, die sich aus lokalen AIV Infektionen mit niedrigpathogenen Viren (LPAIV) der Subtypen H5 und H7 herleiteten. Da prognostische Aussagen zu zukünftigen Entwicklungen nicht möglich sind, müssen Monitoringuntersuchungen Einblicke in das jeweils aktuelle AIV Infektionsgeschehen in hiesigen Wildvogel- und Geflügelpopulationen erzwingen. Hierzu sind möglichst breit reagierende und dennoch sensitive diagnostische Verfahren einzusetzen, die eine Virusdetektion auch über das regional bekannte Erregerspektrum hinaus garantieren. Dies stellt die Molekulardiagnostik vor immer neue Herausforderungen.

Die gegenwärtig eingesetzten real time RT-PCR Methoden sind auf die in Europa endemischen AIV abgestellt, erfassen allerdings auch einen großen Teil der in Asien zirkulierenden HPAIV. Fortlaufende Validierungen und Anpassungen der Methodik sind erforderlich, um die diagnostische Sensitivität und Spezifität gegenüber aktuellen oder neu eingetragenen Viren zu optimieren.

Dies wurde mit den Einträgen von HPAI H5N8 Viren der Kladen 2.3.4.4a (2014/2015) und 2.3.4.4b (seit 2016) aus dem asiatischen Raum deutlich. In den Ursprungsgebieten dieser Viren in Südostasien haben sich mittlerweile neue Viruscluster des Subtyps H5N6 (Kladen 2.3.4.4c und d) formiert, die dort bereits eine hohe geographische Mobilität bei Geflügel und Wildvögeln aufweisen und darüber hinaus über zoonotisches

Potential verfügen. Es gilt das diagnostische Radar auch für diese Viren zu sensibilisieren.

Weiterhin kommt es seit März 2013 in China in jährlichen Wellen zu Ausbrüchen niedrigpathogener aviärer Influenza des Subtyps H7N9. In der nunmehr abgeschlossenen fünften Infektionswelle traten auch erstmals hochpathogene Varianten dieser Viren auf und verbreiteten sich von Südchina aus über mehrere chinesische Provinzen bis an die russische Pazifikregion. Kennzeichen sowohl der LP wie der HP Varianten dieser Viren ist ihr sehr hohes zoonotisches Potential, das durch Punktmutationen begründet ist, die mit einer gesteigerten Replikation in Säugetieren assoziiert sind und ein erweitertes Rezeptorenspektrum zu aviären (α2,3-verknüpfte Sialinsäure) als auch zu humanen (α 2,6-verknüpfte Sialinsäure) Rezeptortypen vermitteln. Bislang scheinen lokale Hühnerpopulationen ein Reservoir dieser Viren darzustellen; Wassergeflügel weist offenbar eine geringe Permissivität auf. Bei fortgesetzter Zirkulation der LP und HP H7N9 AIV kann jedoch eine Anpassung an anseriforme Wirte und damit Einbrüche in migrierende Wildvogelpopulationen nicht ausgeschlossen werden. Das würde das Risiko einer weitreichenden geografischen Verbreitung dieser Erreger stark erhöhen. Daher sind auch für chinesische zoonotische H7N9 Viren spezifische diagnostische Algorithmen in Entwicklung.

HPAI H5N8 2016/17: Erfahrungen und Beobachtungen aus Bayern

Antonie Neubauer-Juric, Annika Schülein, Isabella Dzijan, Isabel Sahm, Nelly Scuda, Jürgen Christian, Stephanie Haberl und Eva-Maria Schürmann

Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Erlangen und Oberschleißheim

Die H5N8-HPAI-Pandemie 2016/17 erreichte Bayern am 10.11.2016 im Landkreis Lindau am Bodensee mit dem Erstnachweis von viralen Sequenzen aus einer Reiherente. Es folgte eine Ausbreitung von Süd nach Nord. In den ersten Wochen wurden in mehr als 50% der zur Untersuchung übermittelten, tot aufgefundenen Vögel sehr hohe AIV-Genomlasten nachgewiesen. Die Weiterleitung der Proben an das FLI mit Bestimmung des Pathotyps erfolgte daher nach kurzer Zeit nur noch für vorselektierte Proben wie zum Beispiel Proben von neuen Fundorten oder von bis dahin noch nicht betroffenen Spezies. Eine risikobasierte Anpassung der diagnostischen Abläufe am LGL, einhergehend mit strikter Trennung zwischen verschiedenen Wildvogel- sowie Hausgeflügelproben, folgte zeitgleich. Angesichts des hohen Infektionsdrucks wurde bereits am 18.11.2016 ein bayernweites Aufstallungsgebot beschlossen. Hausgeflügelbestände blieben zunächst von der Epidemie verschont. Erst nach Beginn der „zweiten Infektionswelle“ im Januar 2017, die nun vor allem Wildvögel in Nordbayern betraf, waren auch Hausgeflügelbestände betroffen. In den meisten der insgesamt neun Fälle handelte es sich um gewässerassoziierte Hobbyhaltungen, Wildparks- oder Kleinbetriebe. Die Infektion verlief in den beobachteten Betrieben interessanterweise sehr unterschiedlich. So gab es Betriebe mit hohen Verlusten und hoher Durchseuchung, aber auch Betriebe in denen lediglich „Einzelinfektionen“ nachgewiesen werden konnten. Eine Weiterverbreitung zwischen Betrieben wurde nicht beobachtet. Der relative Anteil der H5N8-Infektion unter den tot aufgefundenen Tieren nahm im Laufe des zweiten Untersuchungspeaks deutlich ab. Um einen ersten Überblick

über die Präsenz möglicher weiterer viraler Infektionen bzw. Krankheitsursachen in der Wildvogelpopulation zu bekommen, wurden ca. 500 selektierte Proben von verschiedenen Spezies aus Nord- und Südbayern auf PMV-1- und Herpesvirale-Genome untersucht. Herpesvirusgenome wurden bei verschiedenen Spezies aus ganz Bayern gefunden, PMV-1 dagegen lediglich bei einzelnen Tauben.

Den Influenzaviren auf der Spur - Möglichkeiten und Grenzen sequenzbasierter Ausbruchsanalysen

Anne Pohlmann[1], Elke Starick[1], Timm Harder[1], Christian Grund[1], Günter Strebelow[1], Susanne Köthe[1], Dirk Höper[1], Christoph Staubach[2], Anja Globig[2], Klaas Dietze[2], Franz J. Conraths[2], Thomas C. Mettenleiter[3] und Martin Beer[1]

Friedrich-Loeffler-Institut, [1]Institut für Virusdiagnostik, [2]Institut für Epidemiologie, [3]Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie, alle Greifswald – Insel Riems

Der Vergleich der genetischen Eigenschaften von neuen Influenzaviren nach Bestimmung ihrer Genomsequenz ist eine effektive Methode, um Stämme im Detail zu charakterisieren. Die fortschreitende genetische Drift durch die regelmäßig auftretenden Mutationen und das segmentierte Genom mit der Möglichkeit der Reassortierung bieten die Grundlage für viele Methoden der genetischen Charakterisierung. Die Sequenzierung von Influenzaviren ist daher eine sinnvolle Ergänzung klassischer Diagnostik und ermöglicht:

- Eindeutige Zuordnung, Klassifizierung und Verwandtschaftsbestimmung
- Klärung der Herkunft von Viren durch phylogeographische Analysen
- Bestätigung oder Ausschluss epidemiologischer Zusammenhänge
- Vorhersage von Eigenschaften, wie Virulenz- oder Resistenzfaktoren
- Einblicke in die Virusevolution durch Quasispeziesanalyse

Anhand von aktuellen Beispielen aus Ausbrüchen der hochpathogenen aviären Influenza werden Möglichkeiten und Grenzen der sequenzbasierten Ausbruchsanalyse aufgezeigt. So konnte mit Hilfe von genetischen Analysen gezeigt werden, dass es sich bei den Ausbruchsfällen der aviären Influenza 2016/2017 um mehrere unabhängige Einträge durch eindeutig unterscheidbare Viren handelte. Ebenfalls geklärt werden

konnte der Ursprung dieser Influenzaviren. Die eindeutige Differenzierbarkeit der Viren ermöglichte außerdem eine Untersuchung putativer epidemiologischer Zusammenhänge bei Ausbrüchen in Nutzgeflügel.

Basierend auf den Erfahrungen der letzten Jahre werden bereits vorliegende neue Sequenzanalysen diskutiert. Von Interesse ist dabei die Frage, ob auf der Basis der Ergebnisse Vorhersagen über die Art der aktuell zu erwartenden Viren möglich sind.

Aktuelle Ergebnisse des deutschen Wildvogelmonitorings auf Aviäre Influenza

Anja Globig[1], Christoph Staubach[1], Ann-Kathrin Güttner[1], Stefan Kowalczyk[1], Timm Harder[2] und Franz J. Conraths[1]

Friedrich-Loeffler-Institut, [1]Institut für Epidemiologie, [2]Institut für Virusdiagnostik, beide Greifswald - Insel Riems

Am 27.Oktober 2016 meldete Ungarn als erster europäischer Staat den Nachweis eines HPAI H5N8 2.3.4.4b Virus in einem verendeten Höckerschwan. In den folgenden Wochen entwickelte sich ein epidemisches Geschehen, das sich über fast alle Staaten in Europa ausbreitete und sowohl Wildvögel als auch gehaltene Vögel betraf. Das Virus gelangte schließlich auch nach Afrika und wurde dort in Nord- und Westafrika sowie in einigen Ländern südlich der Sahara nachgewiesen.

In Deutschland erfolgte die erste Meldung über verendete HPAIV H5N8-infizierte Vögel Anfang November 2016. Zunächst waren primär Wildvögel und nachfolgend Geflügelbetriebe betroffen. Die Epidemie verlief in Deutschland zwischen November und April in zwei Wellen und betraf alle Bundesländer. Insgesamt gingen Meldungen von über 1.150 Fällen von HPAIV H5N8-Infektionen bei Wildvögeln bei TSN ein. 107 Ausbrüche von Geflügelpest wurden bei gehaltenen Vögeln (92 Geflügelhaltungen und 15 Zoos/Tierparks) festgestellt. Nach dem Abklingen der Epidemie wurden sporadisch Fälle von HPAIV H5N8-Infektionen bei Wildvögeln im April, August und Oktober 2017 gemeldet.

Im Zeitraum von November 2016 bis Juli 2017 wurden Daten zu 19.393 untersuchten Wildvögeln aus ganz Deutschland in die Aviäre Influenza-Datenbank (AI-DB) eingetragen. Knapp 70% der Vogelproben stammten aus dem passiven Wildvogelmonitoring. Sieben Prozent des Untersuchungsgutes wurden als HPAIV-positiv in die Datenbank eingegeben.

Im Vortrag wird eine erste Auswertung der Daten im Hinblick auf den räumlich-zeitlichen Verlauf der Epidemie in Zusammenhang mit betroffenen Vogelarten präsentiert.

LSD – Studien zur Entwicklung einer inaktivierten Vakzine

Bernd Hoffmann

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik,
Greifswald - Insel Riems

Im Jahre 2016 breitete sich in vielen Ländern des Balkans die Lumpy Skin Disease (LSD) aus. Neben der Einführung von Restriktionszonen und der Tötung der Rinder in infizierten Beständen wird die Impfung mit attenuierten Lebendvakzinen als effiziente Bekämpfungsmaßnahme vorgeschlagen. Hierbei ist allerdings zu berücksichtigen, dass es innerhalb der EU keine zugelassene LSDV-Vakzine gibt. Die am Markt befindlichen attenuierten Lebendvakzinen können mehr oder weniger heftige Impfreaktionen auslösen. Die Spanne reicht von komplett symptomlosen Impflingen bis hin zu generalisierten LSD-ähnlichen Erkrankungen (sog. *Neethling disease*). Sehr häufig werden lokale Impfreaktionen, Fieber über mehrere Tage und Milchverluste nach Impfung mit den attenuierten Lebendvakzinen beobachtet. Diese Nebenwirkungen werden in den endemischen Gebieten Afrikas und des Nahen Ostens grundsätzlich akzeptiert. Aber auch auf dem Balkan, mit in der Regel wenig intensiver Rinderproduktion, sind diese unerwünschten Effekte der Impfung als alternativlos hingenommen worden. Ob die zu beobachtenden Nebenwirkungen bei einer umfassenden Anwendung in der intensiven Rinderproduktion von Deutschland stärker ausfallen oder ob der Einsatz der attenuierten Lebendvakzinen auch unerwünschte Langzeiteffekte auf Milchleistung und Fruchtbarkeitsparameter mit sich bringen, kann aktuell niemand sagen. Klar ist aber, dass der Einsatz von Lebendvakzinen zum Verlust des virusfreien Status des Landes bzw. der Region führt und somit der internationale Handel negativ beeinflusst wird.

Vor diesem Hintergrund stellt sich die Frage, ob Totimpfstoffe zur Bekämpfung von LSD auch geeignet sind. Aus den Erfahrungen der zurückliegenden BTV-Impfkampanien unter Verwendung von inaktivierten Vakzinen kann man von sehr geringen Nebenwirkungen ausgehen und die

Anwendung einer LSDV-Totvakzine würde die präventive Impfung ohne Verlust des virusfreien Status erlauben. Nachteile der Impfung mit inaktivierten Vakzinen sind die höheren Kosten (hoher Virustiter, Boosterimmunisierung, Adjuvans) und die möglicherweise reduzierte Schutzwirkung im Vergleich zur Lebendvirus-Vakzinierung, da diese auch eine zelluläre Immunität induzieren. In einem ersten *proof-of-concept* Versuch wurde im NRL-LSD des FLI die Effektivität einer inaktivierten LSDV-Vakzine-Präparation vergleichend zu einer kommerziellen Lebendvirus-Vakzine getestet. Hier zeigte sich, dass Tiere, welche die inaktivierte Vakzine-Präparation erhalten haben, auch gegenüber der Challenge-Infektion mit LSD-Feldvirus weitestgehend geschützt waren. Diese ersten Ergebnisse machen Hoffnung, dass ein Totimpfstoff zur Bekämpfung von LSD erfolgreich eingesetzt werden kann.

Ergänzende Studien zum KSP-Markerimpfstoff CP7_E2alf

Julia Henke[1], Jolene Carlson[1], Laura Zani[1], Simone Leidenberger[1], Theresa Schwaiger[1,2], Kore Schlottau[1], Jens P. Teifke[2], Charlotte Schröder[2], Martin Beer[1] und Sandra Blome[1]

Friedrich-Loeffler-Institut,[1] Institut für Virusdiagnostik, [2] Abteilung für experimentelle Tierhaltung und Biosicherheit, beide Greifswald – Insel Riems

Die Klassische Schweinepest (KSP) gilt als eine der ökonomisch bedeutsamsten Infektionskrankheiten der Schweine und unterliegt der Anzeigepflicht. Staatliche Bekämpfungsmaßnahmen beinhalten im Fall eines Ausbruchs unter anderem die Möglichkeit einer Notimpfung, sowohl in der Haus- als auch Wildschweinepopulation. In diesem Fall wäre die Verwendung eines Markerimpfstoffes vorzuziehen, da dieser eine Unterscheidung infizierter Tiere von geimpften Tieren zulässt (DIVA-Prinzip). Kürzlich wurde der Markerimpfstoff „CP7_E2alf“ (Suvaxyn® CSF Marker, Zoetis) zugelassen. Der Impfstoff basiert auf dem zytopathogenen Bovinen Virusdiarrhoe Virus Stamm „CP7“, welcher das E2-Glykoprotein des KSPV-Stammes „Alfort/187“ exprimiert.

Im Rahmen der Risikobewertung des Impfstoffes ergaben sich weitergehende Fragestellungen hinsichtlich der Verwendung als Notimpfung, welche über die Anforderungen der Zulassung hinausgehen.

Diese Fragestellungen wurden in verschiedenen Studien überprüft.

Unter anderem konnte gezeigt werden, dass bereits vorhandene Antikörper gegen andere Pestiviren, in diesem Fall gegen das Virus der Bovinen Virusdiarrhoe (BVDV), keinen Einfluss auf die Effektivität der Impfung haben. Allerdings zeigten sich geringgradige Beeinträchtigungen der, dem Impfstoff zugehörigen, serologischen DIVA-Diagnostik. Diese falsch positiven Reaktionen konnten jedoch durch eine Anpassung der Probenaufarbeitung und durch die Kombination verschiedener Testsysteme erkannt werden.

Darüber hinaus wurde die genetische Stabilität des Impfstoffes überprüft und bestätigt. Es konnte gezeigt werden, dass der Impfstoff nicht anfälliger für Mutationen ist als andere KSPV-Stämme.

In einer weiteren Studie wurde die Kinetik maternaler Antikörper im Ferkel überprüft. Im Blut der Ferkel geimpfter Sauen konnten maternale Antikörper nachgewiesen werden. Diese zeigten über 10 Wochen einen nahezu linear abnehmenden Verlauf.

Im Hinblick auf die Fragestellung der transplazentaren Übertragung konnte gezeigt werden, dass eine einmalige Impfung der tragenden Sau die Ferkel gegen eine Infektion mit einem moderat virulenten KSPV-Stamm im mittleren Drittel der Trächtigkeit schützt.

Diese Ergebnisse ergänzen die für die Zulassung durchgeführten Studien und belegen die Sicherheit und Wirksamkeit des Markerimpfstoffes „CP7_E2alf“.

BVD und SBV: Was sagen uns die Ringteste?

Kerstin Wernike

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik,
Greifswald - Insel Riems

Kernstück der deutschen BVD-Bekämpfungsstrategie ist das Auffinden von persistent infizierten (PI) Rindern und deren Elimination. Der relative Anteil dieser PI-Tiere reduzierte sich seit 2011 sehr deutlich von ca. 0,5% auf etwa 0,02%, wobei jedoch trotz des erheblichen Sanierungsfortschrittes weiterhin einzelne BVD-Fälle auftreten. Die rasche, verlässliche Identifizierung dieser Fälle ist für den weiteren Fortschritt des Bekämpfungsprogrammes unerlässlich, was die Wichtigkeit einer zuverlässigen Diagnostik unterstreicht. Die Leistungsfähigkeit der eingesetzten Diagnostika wurde dementsprechend in einem vom NRL organsierten Ringtest überprüft. Für den Virusnachweis bzw. für die Detektion viralen Genoms oder Antigens wurden 5 Ohrstanzproben und 5 Seren versandt, wobei es sich bei 4 Ohrstanzproben und einem Serum um von PI-Tieren gewonnenem Probenmaterial handelte. Ein weiteres Serum wurde von einem transient BVDV-infizierten Tier gewonnen und bei einem Serum handelte es sich um ein BVDV-3 (syn. HoBi) positives fetales Kälberserum. In den insgesamt 54 teilnehmenden Laboren aus dem In- und Ausland wurden für diese Proben 69 PCR-Datensätze erzeugt. Weiterhin wurde 39x mittels Antigen-ELISA und 27x per Virusanzucht untersucht. Sofern der E^{rns}-basierte Antigen-ELISA verwendet wurde, sind alle Proben korrekt identifiziert worden, und auch mittels PCR wurden die Proben überwiegend korrekt bewertet. Für die serologische Diagnostik wurden 4 BVDV-AK-positive und 2 negative Seren und 2 BVDV-AK-positive und 2 negative Milchproben versandt. Für diese Proben wurden 65 Ergebnissätze mittels diverser Antikörper-ELISA erstellt und in 29 Laboren wurden zusätzlich SNTs durchgeführt. Während der SNT als „Goldstandard“ anzusehen ist, kam es abhängig vom verwendeten ELISA-Kit vereinzelt zu falsch-negativen Testergebnissen.

Seitdem SBV im Herbst 2011 erstmals in Zentraleuropa nachgewiesen wurde, hat es sich innerhalb kürzester Zeit deutschlandweit ausgebreitet und wurde in der Vektorsaison 2012/13, sowie 2014/15 und 2016/17 erneut verstärkt nachgewiesen. Die Leistungsfähigkeit der seit 2011 entwickelten und in der Folge eingesetzten diagnostischen Testsysteme wurde ebenfalls in einem durch das entsprechende NRL organisierten Ringtest überprüft. Dazu wurden 10 Rinder- und Schafseren (5 SBV-positiv, 5 negativ), die zur Untersuchung per real-time PCR bestimmt waren, und weitere 10 Seren (6 SBV-AK-positiv, 4 negativ) zur serologischen Diagnostik zur Verfügung gestellt. In den 49 teilnehmenden Laboren wurden 57 PCR-Datensätze erzeugt und das Serologie-Panel 48x mittels verschiedener Antikörper-ELISA und 21x per SNT untersucht. Sowohl virales Genom, als auch anti-SBV Antikörper wurden zuverlässig nachgewiesen, womit der Ringversuch gezeigt hat, dass eine zuverlässige SBV-Diagnostik etabliert und aufrechterhalten wurde.

Aktuelles aus dem Nationalen Referenzlabor für Enzootische Rinderleukose (ERL), Maedi Visna (MV) und Caprine Arthritis-Enzephalitis (CAE)

Günter Kotterba

Friedrich-Loeffler Institut, Institut für Infektionsmedizin,
Greifswald – Insel Riems

1. *Ab dem 01.12.17 wird das NRL für ERL, MV und CAE von Frau Dr. Patricia König geleitet.*

Am 30.11.2017 beendet der bisherige Leiter des NRL, Herr Günter Kotterba sein Dienstverhältnis mit dem FLI und geht in den Ruhestand. Das NRL für ERL, MV und CAE wechselt damit aus dem Institut für Infektionsmedizin in das Institut für Virusdiagnostik.

2. *Im Zeitraum vom 04.10 bis zum 30.10.17 wurde ein Nationaler Ringtest zur serologischen Diagnostik der Enzootischen Rinderleukose (ERL) durchgeführt.*

An diesem Ringtest haben 26 deutsche und zwei ausländische Labore teilgenommen. Im Vortrag werden die Ergebnisse des Ringtests vorgestellt.

3. *Ab dem 30.05.17 gilt die Neufassung der Leukose-VO vom 17.05.2017.*
4. *Der vom NRL für ERL MV und CAE 2016 organisierte internationale MV-CAE-Ringtest offenbarte ein diagnostisches Problem. Bei der Untersuchung der im Ringtest eingesetzten Schafseren wurden von den Teilnehmern unterschiedliche Ergebnisse erzielt, die abhängig vom verwendeten ELISA-Kit waren.*

Die Gründe für die unterschiedlichen Ergebnisse sind unklar. Um der Ursache des Diagnostikproblems auf den Grund zu gehen, wurde von NRL eine Diskussion zwischen den Teilnehmern des Ringtestes und der Hersteller der Diagnostikkits organisiert. Diese startete im September 2016 mit einer Beratung am FLI auf die Insel Riems. In Folge hat sich ein

kleines Netzwerk von mehreren Universitäten, Untersuchungsämtern und Schaf- und Ziegengesundheitsdiensten etabliert, die unter Leitung des NRL eine Sammlung von definierten Schaf- und Ziegenseren angelegt haben. Diese Seren können den Untersuchungsämtern und den Herstellern von Diagnostikkits für die Diagnostik der SRLV-Infektionen der kleinen Wiederkäuer zur Verfügung gestellt werden. Ein weiteres Ergebnis ist die Zulassung eines ELISA-Kits der Firma in3diagnostik („Eradikit® SRLV Screening Elisa“) für den indirekten ELISA-Test zum Nachweis von Antikörper gegen das Lentivirus der kleinen Wiederkäuer (Small Ruminant Lentivirus).

Untersuchungen zur Stabilität von Newcastle-Krankheit-Impfviren und Implikation für die Diagnostik

Christian Grund, Timm Harder und Martin Beer

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald - Insel Riems

Die Impfung gegen die Newcastle Krankheit (ND) gilt als einer der Eckpfeiler der ND-Bekämpfung und ist in Deutschland für Hühner- und Putenhaltungen gesetzlich vorgeschrieben. Dabei kommen in ihrer Virulenz abgeschwächte Virusstämme des Newcastle Disease Virus (NDV, APMV-1) zum Einsatz. Eine Inaktivierung während der Lagerung, des Transportes oder der Applikation des Impfstoffes, insbesondere während der warmen Jahreszeit bzw. in warmen Klimazonen, ist eine der wichtigsten Ursachen für Impfversagen. In der vorgestellten Studie wurden 6 Impfstoffe auf ihre Stabilität in lyophilisierter und gelöster Form getestet. Nach Inkubation bei 4°C bzw. 37°C wurde die Restinfektiosität in der Ei- bzw. in Zellkultur unter Verwendung der LMH-Zelle (ATCC® CRL-2117™; Kawaguchi et al., 1987) bestimmt. Zusätzlich wurde die Stabilität eines ausgewählten Impfstoffes bei erhöhten Temperaturen (41°C, 51°C und 61°C) ermittelt.

Der methodische Vergleich zwischen Zell- und Eikultur weist auf eine hohe Übereinstimmung beider Methoden. Dabei bestätigte sich die Eikultur als im Mittel 10-fach sensitivere Nachweismethode ($EID_{50}/TCID_{50}$ 0,11 bis 112,19; Median = 9,61). Lagerung der lyophilisierten Impfstoffe bei 4°C beeinflusste die Virustiter innerhalb der Beobachtungsperiode von drei Wochen nicht. Demgegenüber kam es bei 37°C zu einer Reduktion der Virustiter, diese lagen aber bei 4 der 6 getesteten Vakzinen noch über 10^5 EID_{50}/Dosis und waren auch in gelöster Form noch mit Titern zwischen 10^4 und 10^5 EID_{50}/Dosis gut nachweisbar. Bei erhöhten Temperaturen von 51°C und 61°C war aber in den gelösten Impfstoffen

nach 2 (61°C) bzw. 4 Stunden (51°C) keine Infektiosität mehr nachweisbar. In lyophiliserter Form war Restinfektiosität jedoch noch bis zu 3 (61°C) bzw. 7 Tagen (51°C) nachweisbar.

Die Befunde verdeutlichen die Bedeutung einer sachgemäßen Lagerung für die Integrität von Impfstoffen. Aus diagnostischer Sicht weisen die Ergebnisse aber ebenfalls darauf hin, dass Impfstoffe über längere Zeit im Bestand nachweisbar sein können. Dieser Umstand ist für die Einschätzung eines APMV-1 Nachweises in einem Geflügelbestand wichtig, der in jedem Fall eine Differenzierung des nachgewiesenen APMV-1 Pathotypen erfordert. Die vergleichend getestete LMH-Zellkulturmethode mag eine Hilfe sein, um rasch Zugriff auf ein Virusisolat zu erhalten: Zellen können ständig zur Verfügung gehalten werden und die Virusisolation ist so innerhalb von 2-3 Tagen nach Probeneingang möglich. Ein gewonnenes Virusisolat erleichtert nicht nur die weiterführende molekulare Viruscharakterisierung, sondern ermöglicht erst die für die Bestätigung eines ND-Ausbruches vorgeschriebene Durchführung des intracerebralen Pathogenitätsindexes (ICPI).

Equine Infektiöse Anämie - Aktuelle Situation

Patricia König[1] und Carola Sauter-Louis[2]

Friedrich-Loeffler-Institut, [1]Institut für Virusdiagnostik, [2]Institut für Epidemiologie, beide Greifswald – Insel Riems

Nachdem in der Vergangenheit regelmäßig EIA-Fälle in Deutschland zu verzeichnen waren, schien sich in den letzten Jahren die Lage etwas entspannt zu haben. Im aktuellen Jahr beschäftigten uns jedoch wieder 3 Ausbruchsgeschehen mit verschiedenen Szenarien: bislang sind insgesamt 14 Fälle mit 20 EIA-positiven Pferden zu verzeichnen.

In der EIAV-Diagnostik steht eindeutig der indirekte Virusnachweis, also die Serologie, im Fokus. Der Einsatz der verfügbaren Testsysteme wird in der Praxis unterschiedlich gehandhabt. Im Beitrag werden Vor- und Nachteile der verschiedenen Testsysteme diskutiert, und anhand konkreter Fallbeispiele werden Möglichkeiten und Grenzen erörtert. Ergänzend werden Erfahrungen bei den Untersuchungen zum direkten Virusnachweis vorgestellt.

Analysen zur molekularen Erreger-Typisierung können wertvolle Ergänzungen zu den epidemiologischen Untersuchungen bereitstellen. Durch die optimale Einsatzbereitschaft von Veterinärbehörden und Untersuchungsämter konnte aktuell in sämtlichen Fällen Untersuchungsmaterial gewonnen werden. In fast allen Fällen war eine Auswertung von *gag*-Sequenzabschnitten möglich und die Verwandtschaftsbeziehungen der unterschiedlichen Isolate konnten analysiert werden. Dabei zeigte sich, dass sich die Ausbrüche im Polosportbereich von den bisher in Deutschland zirkulierenden Virusstämmen deutlich unterschieden. Die engsten Verwandtschaftsbeziehungen fanden sich zu publizierten *gag*-Sequenzabschnitten aus Argentinien (Alvarez et al., 2007, Vet Microbiol 121[3-4]:344-351). Die große Ähnlichkeit der analysierten Sequenzen (97-100% Identität) weist auf eine Verknüpfung der Infektionsgeschehen hin. Es

bleibt jedoch offen, ob es sich um verzweigte Infektionsketten oder um unterschiedliche Einträge eng verwandter Viren handelt.

Lyssaviren, Surveillance und Diagnostik – Quo vadis?

Thomas Müller[1], Kore Schlottau[2], Bernd Hoffmann[2] und Conrad Freuling[1]

Friedrich-Loeffler-Institut, [1]Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie, [2]Institut für Virusdiagnostik, beide Greifswald - Insel Riems

Die Tollwut wird von einer Reihe von Lyssaviren aus der Familie der Rhabdoviridae, Ordnung Mononegavirales, hervorgerufen, die zu einer tödlichen Enzephalitis bei Mensch und Tier führt.

Die Übertragung erfolgt in der Regel über infektiösen Speichel mittels Bisskontakt, wobei epidemiologische, ökologische und phylogenetische Rückschlüsse nahelegen, dass Fledermäuse der Unterordnungen Mega- und Microchiroptera Reservoire für fast alle Lyssaviren darstellen. Das weltweite Reservoir für die klassischen Tollwutviren (RABV) sind, neben Fledermäusen in Amerika, Mesokarnivore. Bislang sind 14 durch die ICTV offiziell anerkannte und zwei putative Lyssaviruspezies bekannt, die aufgrund ihrer antigenetischen, phylogenetischen und immunogenen Eigenschaften in mindestens drei verschiedene Phylogruppen unterteilt werden. Neben dem klassischen Tollwutvirus kommen in Europa fünf weitere fledermaus-assoziierte Lyssaviren (EBLV-1, EBLV-2, BBLV, LLEBV, WCBV) der Phylogruppen I und III vor.

In den letzten 40 Jahren konnte die terrestrische (Fuchs-vermittelte) Tollwut dank der Implementierung von oralen Immunisierungsprogrammen in 14 europäischen Ländern getilgt werden. Die Europäische Kommission will die EU bis zum Jahr 2020 als tollwutfrei deklarieren. Trotz dieser enormen Erfolge und der geplanten Zielstellung wird die Tollwutsurveillance weiterhin ein zentraler Bestandteil der Tierseuchendiagnostik bleiben, wobei der Untersuchung einheimischer Fledermäuse in Zukunft mehr Aufmerksamkeit geschenkt werden sollte. Dies wird durch den jüngsten Nachweis eines vermutlich neuen Lyssavirus in Finnland eindrucksvoll unterstrichen.

Vor kurzem wurde das Chapter 2.1.17. – Rabies (Infection with Rabies Virus) des Terrestrial Manual for Diagnostic Tests and Vaccines des OIE grundlegend überarbeitet. Hier wurden der Direct Immunohistochemistry Test (DRIT) als Alternative für den FAT sowie konventionelle und realtime PCRs als Bestätigungstests für den FAT oder DRIT offiziell durch die OIE anerkannt. Damit steht einer Nutzung molekularer Techniken in der Tollwutroutinediagnostik nichts mehr im Wege. Eine entsprechende diagnostische Kaskade für die molekulare Diagnostik von Lyssaviren wird durch das NRL zur Verfügung gestellt. Dies bringt Vorteile bei der Abklärung von Verdachtsfällen sowie bei der Entscheidung über post-expositionelle Prophylaxen beim Menschen. Die Tollwutfall-Deklaration bleibt davon allerdings unberührt. Hier ist nach wie vor der Antigen- bzw. Virusnachweis zwingend erforderlich.

Das FLI arbeitet derzeit auch an der molekularen Speziesidentifizierung von einheimischen Fledermäusen mittels Realtime PCR Assays, die den Untersuchungseinrichtungen der Länder in naher Zukunft zur Verfügung gestellt werden soll.

Afrikanische Schweinepest: Eine Seuche, die das Lehrbuch nicht gelesen hat?

Sandra Blome

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald - Insel Riems

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) gehört zu den wichtigsten und folgenschwersten Viruserkrankungen des Schweins (Haus- und Wildschwein) und unterliegt der Anzeigepflicht. Im Jahre 2007 wurde die ASP in die Transkaukasischen Länder und die Russische Föderation eingeschleppt. Nachfolgend erreichte die ASP die Ukraine, Weißrussland, und 2014 die baltischen EU-Mitgliedsstaaten und Polen. Kürzlich wurde das Virus nun auch in der Tschechischen Republik und Rumänien detektiert. Vor diesem Hintergrund wurden am Nationalen Referenzlabor für ASP diverse Infektionsexperimente durchgeführt um die Erkrankung zu verstehen, die involvierten Stämme zu charakterisieren und Referenzmaterial für die Diagnostik herzustellen. Danach müssen einige Lehrbuchfakten in Frage gestellt werden.

Die hohe Kontagiosität, von der in fast allen Übersichtsartikeln und einschlägigen Lehrbüchern die Rede ist, kann bei vorwiegend oraler Übertragung ohne Vektorbeteiligung nicht bestätigt werden. Selbst in Tiergruppen, die auf engstem Raum gehalten werden, gibt es immer wieder Individuen, die langfristig negativ bleiben.

Des Weiteren konnte der Carrierstatus überlebender Tiere nicht nachvollzogen werden. In Langzeitexperimenten waren alle Rekonvaleszenten in der Lage, das Virus zu eliminieren. Es fand keine Übertragung auf Kontaktkontrollen statt. Nichtsdestotrotz kann das Virus bzw. virales Genom über Wochen bzw. Monate mittels PCR detektiert werden.

Das aus einem überlebenden Tier in der klinischen Phase re-isolierte Virus zeigte überraschenderweise ein weites Virulenzspektrum in nachfolgenden Studien, mit moderater Virulenz in Hausschweinen und Mini-

pigs (mit bis zu 100% Überlebensrate) und hoher Virulenz in Wildschweinen. Eine Übertragung des Virus auf Feten fand nicht statt, männliche Geschlechtsorgane und akzessorische Geschlechtsdrüsen wiesen jedoch hohe Lasten viralen Genoms auf (es ist also davon auszugehen, dass sich der Erreger auch im Sperma befindet).

Unter Feldbedingungen werden die Rolle mechanischer Vektoren erneut diskutiert. Zu diesem Zweck finden derzeit umfangreiche Studien statt.

ASP-Maßnahmen im Seuchenfall – am Schreibtisch und in der Praxis

Carola Sauter-Louis[1], Sandra Blome[2], Tillmann Möhring[3], Andreas Leppmann[3], Carolina Probst[1], Klaus Depner[1], Martin Beer[2], Thomas C. Mettenleiter[4] und Franz J. Conraths[1]

Friedrich-Loeffler-Institut, [1]Institut für Epidemiologie, [2]Institut für Virusdiagnostik, beide Greifswald – Insel Riems; [3]Deutscher Jagdverband; [4]Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems

Im Falle eines Auftretens der Afrikanischen Schweinepest (ASP) in Deutschland werden Maßnahmen gemäß der Verordnung zum Schutz gegen die Schweinepest und die Afrikanische Schweinepest (SchwPestV) ergriffen. Bei einem Ausbruch von ASP bei Wildschweinen schreibt die SchwPestV die Untersuchung der erlegten und verendeten Wildschweine sowie die Errichtung eines gefährdeten Bezirks vor. Zusätzlich wird es nötig sein, unverzüglich das Ausmaß des Ausbruchsgeschehens (räumliche Ausdehnung, Anzahl der betroffenen Tiere, Größe der Population im betroffenen Gebiet etc.) einzuschätzen und Maßnahmen zur Bekämpfung sowie zur Verhinderung einer Verschleppung in Hausschweinebestände einzuleiten. Über Umsetzbarkeit und Effektivität der verschiedenen Tierseuchenbekämpfungsmaßnahmen wird derzeit auf nationaler und internationaler Ebene intensiv diskutiert. Fest steht, dass diese wesentlich von den örtlichen Gegebenheiten abhängen.

Vorgestellt werden mögliche Maßnahmen zur Eindämmung und letztlich Eliminierung der Tierseuche, die in Zusammenarbeit mit dem Deutschen Jagdverband zusammengestellt wurden. Dabei wird davon ausgegangen, dass es zur Bekämpfung der ASP bei Wildschweinen keine unter allen Bedingungen gültige Handlungsempfehlung geben kann. Vielmehr wird vorgeschlagen, unter Berücksichtigung der örtlichen Verhältnisse (u.a. Landschaftslage, Jahreszeit, Vegetationsperiode, Temperatur, logistische Bedingungen) eine geeignete Kombination von Maßnahmen zu pla-

nen. Insofern ist die Zusammenstellung von Maßnahmen als „Werkzeugkasten“ zu verstehen, aus dem geeignete Komponenten ausgewählt und sinnvoll kombiniert werden können.

Dabei ist zu beachten, dass die aufgeführten Maßnahmen ausschließlich für eine Krisensituation, d.h. den Seuchenfall, gedacht sind, nicht für die normale Bejagung. Zu prüfen ist jeweils, ob die rechtlichen Voraussetzungen für die Anwendung der Maßnahmen existieren oder gegebenenfalls zeitnah geschaffen werden müssen.

Afrikanische Schweinepest: Update zum Antikörpernachweis

Laura Zani und Sandra Blome

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik,
Greifswald - Insel Riems

Seit 2007 hat sich die Afrikanische Schweinepest (ASP) kontinuierlich über die transkaukasischen Länder und Russland in Osteuropa ausgebreitet. Im Januar 2014 erhielt die hierzulande als exotisch geltende Tierseuche dann Einzug in die Wildschweinepopulation der EU und verbreitete sich im Baltikum bis sie schließlich im Sommer 2017 Tschechien und Rumänien erreichte. Die ASP betrifft inzwischen Haus- und Wildschweine und stellt derzeit eine in höchstem Maße alarmierende Bedrohung für die gesamte Europäische Schweineindustrie und den Schwarzwildbestand dar.

Die vorherrschenden Virusstämme zeigen eine sehr hohe Virulenz, so dass betroffene Tiere häufig vor dem Auftreten von Antikörpern versterben und nur mittels PCR bzw. Virusisolierung zu detektieren sind. Somit eignen sich serologische Nachweisverfahren nicht oder nur sehr bedingt für ein Frühwarnsystem in freien Regionen. Nichtsdestotrotz wird aus endemisch infizierten Gebieten von Rekonvaleszenten und damit steigender Seroprävalenz berichtet. Des Weiteren ist das serologische Monitoring für die betroffenen Gebiete gesetzlich vorgeschrieben.

Die im Vortrag präsentierte Studie wurde mit dem Ziel durchgeführt, die Leistungsmerkmale der verfügbaren serologischen Nachweisverfahren vergleichend zu untersuchen. Hierfür wurden im Rahmen tierexperimenteller Arbeiten, zwei kommerziell erhältliche (ID Vet, INGENASA), zugelassene ELISA miteinander verglichen. Außerdem wurden sogenannte Lateral Flow Devices (LFD) als Point-of-Care-Testsysteme mit Feldproben auf ihre Leistungsmerkmale hin untersucht.

Die Ergebnisse bestätigen beiden ELISA-Kits eine hinreichend hohe Spezifität und Sensitivität mit Proben guter Qualität. Unter Feldbedingung,

d.h. bei der Testung qualitativ weniger optimaler Proben aus dem Schwarzwildmonitoring treten allerdings hin und wieder falsch positive Befunde auf. Deren Abklärungsmöglichkeiten werden diskutiert (Immunoperoxidasetest, Immunoblot). Die LFDs erwiesen sich ebenfalls als robuste Testverfahren und lieferten auch im Einsatz mit ungünstigem Probenmaterial zuverlässige Ergebnisse. Der mögliche Praxiseinsatz ist zu diskutieren.

Elektronenmikroskopie in der Diagnostik – Auslaufmodell oder sinnvolle Ergänzung?

Kati Franzke

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Infektionsmedizin, Greifswald – Insel Riems

Die erste überhaupt publizierte elektronenmikroskopische Aufnahme stammt aus dem Jahr 1938. Durch die Einführung der Negativkontrastierung in den späten 1950er Jahren und die größere Verfügbarkeit von Elektronenmikroskopen wurde die Elektronenmikroskopie schließlich zum Goldstandard für die Virusdiagnostik. Als Resultat dessen gründet die initiale Klassifizierung der Viren auf morphologischen Eigenschaften und der Struktur des Genoms.

Die Vorteile der Elektronenmikroskopie sind ein ungerichteter und offener Blick auf die Probe und es ist eine einfache und schnelle Methode zur morphologischen Identifizierung eines Erregers.

Grundvoraussetzung, wie für alle diagnostischen Methoden, bleibt eine entsprechende Probenqualität. Elektronenmikroskopie ist mit vielen Körperflüssigkeiten bzw. über Anreibung von betroffenen Geweben und Organen direkt möglich oder durch entsprechende Anzucht des Virus in der Zellkultur. Die Lagerung der Proben bis zur Präparation ist dabei entscheidend für eine erfolgreiche Diagnostik. Während frisches, gekühltes sowie fixiertes Material im Allgemeinen geeignet ist, lassen gefrorene Proben in der Regel keine Diagnostik in der Elektronenmikroskopie mehr zu. Ein limitierender Faktor ist häufig die Partikelkonzentration, die jedoch durch Ultrazentrifugation erhöht werden kann. Eine weitere Option ist die Einbettung von festem Probenmaterial in Epoxidharz und die Anfertigung von Ultradünnschnitten.

Die Identifizierung eines Erregers in der Elektronenmikroskopie erfolgt anhand morphologischer Merkmale der Virusfamilien. Durch Markierung mit Immunogold-Antikörpern ist eine spezifischere Charakterisierung

möglich. Die Elektronenmikroskopie ist somit eine wichtige und notwendige Methode zur Charakterisierung unbekannter Viren. Damit sollte sie immer parallel zu anderen diagnostischen Methoden in Betracht gezogen werden.

Die Bio-Bank des FLI

Sven Reiche und Matthias Lenk

Friedrich-Loeffler-Institut, Abteilung für experimentelle Tierhaltung und Biosicherheit, Greifswald – Insel Riems

Im August 2016 wurde die Virussammlung und die Zellkultursammlung des Friedrich-Loeffler-Institutes auf Grund vergleichbarer Strukturen und fachlicher Aufgaben zur Bio-Bank zusammengeschlossen. Diese Aufgaben beinhalten unter anderem die Anwendung von akkreditierten Methoden zur Gewinnung, Vermehrung, Kontaminations- und Identitätskontrolle, Charakterisierung, Lagerung und Abgabe von Referenzmaterial, welches internen und berechtigten externen nationalen sowie internationalen Laboren sowohl für diagnostische als auch für Forschungsaufgaben zur Verfügung gestellt werden kann.

Derzeit stehen so rund 1600 unterschiedliche Zelllinien von ca. 100 verschiedenen Spezies und über 1200 Virusisolate von ca. 250 unterschiedlichen veterinärmedizinisch relevanten Viren (bis zur RG 2) aus über 20 Virusfamilien zur Verfügung. Darüber hinaus sind in der Virusbank diverse monoklonale murine Antikörper gegen unterschiedliche virale Antigene für Forschungszwecke erhältlich. Entsprechende Anfragen für die diversen erhältlichen Referenzmaterialien können über das auf der Webseite des Friedrich-Loeffler-Institutes verfügbare Kontaktformular oder direkt über sven.reiche@fli.de gestellt werden.

https://www.fli.de/de/institute/abteilung-fuer-experimentelle-tierhaltung-und-biosicherheit-atb/bio-bank/

Klassische und molekulare diagnostische Methoden auf der roten Liste

Dirk Höper

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald - Insel Riems

Mit der kontinuierlichen Verbesserung der Sequenziertechnologien der 2. und 3. Generation, gemeinsam als next-generation sequencing (NGS) oder high-throughput sequencing (HTS) bezeichnet, werden stetig neue Anwendungsmöglichkeiten für diese Verfahren erschlossen. Während der Einsatz des HTS in der Diagnostik vor wenigen Jahren noch die Ausnahme und im Wesentlichen auf die Detektion neuer Erreger beschränkt war, werden zunehmend Anstrengungen unternommen, klassische virologische Methoden sowie molekularbiologische Methoden durch HTS zu ersetzen. Insbesondere die durch die mittlerweile größeren Datensätze gesteigerte Sensitivität trägt dazu bei. Wesentliche Voraussetzungen dafür sind auch die gesunkenen Kosten für die Sequenzierung und die Probenvorbereitung sowie die verbesserten und vereinfachten entsprechenden Verfahren. Dadurch ist es nun beispielsweise möglich, statt mehrerer real-time (RT-)PCRs oder aufwändiger Virusanzucht gefolgt von elektronenmikroskopischer Analyse, in nur einer einzigen Untersuchung mittels direkter Sequenzierung den Erregernachweis zu führen. Zusätzlich ist die Spezifität des Nachweises durch die erhaltene Sequenzinformation höher und ermöglicht gleichzeitig nicht nur den Nachweis, sondern auch die Charakterisierung des Erregers. Damit rückt die Möglichkeit, sowohl den Nachweis als auch die Charakterisierung neuer Erreger mit nur einer einzigen Methode durchzuführen, in greifbare Nähe. Die Vorteile liegen auf der Hand: es wird nur noch ein Verfahren benötigt, die Analysen können dementsprechend vereinheitlicht und vereinfacht werden, was letztlich zu effizienteren Strukturen und Abläufen führen kann.

Serologische und molekularbiologische Trends in der humanmedizinischen Diagnostik von Zoonosen

Dennis Tappe

Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Hamburg

In der humanmedizinischen Infektionsdiagnostik werden auf dem Gebiet der Serologie weiterhin Rohantigene in ELISA-, Blot- bzw. Immunfluoreszenzverfahren (IFT) verwendet, vermehrt finden jedoch rekombinante Antigene Anwendung, auch als transfizierte Zellen für den IFT. Insgesamt findet eine Miniaturisierung und Automatisierung der Testungen statt. Multiplex-bead-Ansätze für Antigen-Antikörperreaktionen und Zytokinprofilmessungen für einige wenige Infektionserkrankungen sind relativ neu eingeführt worden.

Im Bereich der Molekularbiologie sind seit einigen Jahren qualitative real-time PCR-Verfahren für wichtige humanpathogene Erreger etabliert, insbesondere im Bereich der Virologie. Zunehmend finden auch hier Multiplex-Verfahren Einzug in die Diagnostik. Metagenomische Verfahren zur Detektion von bekannten und neuartigen Erregern sind in der humanmedizinischen Infektionsdiagnostik bisher nur in wenigen Institutionen vorhanden, werden aber in Zukunft eine immer größere Rolle spielen. Damit verbundene Ansätze, wie die Gesamtgenomsequenzierung von Krankheitserregern, insbesondere in Ausbruchssituationen, werden zunehmend verfolgt werden.

Detektion und Genotypisierung von porzinem Rotavirus A und C in verschiedenen Probenmatrices aus ausgewählten EU-Ländern

Jennifer Haneke, Theresa Oldopp, Benedikt Üffing, Martin Liman und Klaus-Peter Behr

AniCon Labor GmbH, Höltinghausen

Rotaviren der Spezies Rotavirus A und C sind beim Schwein verantwortlich für akute Gastroenteritiden. Das Rotavirus A ist weitverbreitet in Schweinepopulationen und kann insbesondere durch ausgeprägte Diarrhoe bei Saugferkeln zu schweren Bestandsproblemen führen. Bakterielle Ko-Infektionen, v.a. mit Clostridien und E. coli, tragen zu erhöhter Mortalität und erhöhtem Antibiotikaeinsatz bei. Verbesserungen im Hygienemanagement sowie der Einsatz von Lebend- und Inaktivat-Impfstoffen bieten die effizientesten Möglichkeiten zur Kontrolle von Rotavirus A Infektionen. Zugelassene Produkte für die Impfung zum Schutz vor Rotavirus C sind aktuell nicht auf dem Markt.

Bei der AniCon Labor GmbH wurden in den vergangenen zwei Jahren mehr als 1000 Proben vom Schwein aus 481 Herden auf Rotavirus A und C untersucht. Die hier beschriebenen Proben kamen aus Deutschland, den Niederlanden, Belgien, Großbritannien, Polen und Kroatien. Das Probenmaterial umfasste Tupfer- und Gewebeproben von Dünndarm und Colonkegel, sowohl nativ als auch auf FTA-Karte, sowie Kotproben. Die Proben wurden mit den kommerziellen RT-qPCR Detektionskits Kylt® Rotavirus A bzw. Kylt® Rotavirus C untersucht. Insgesamt waren 39% bzw. 25% der untersuchten Herden positiv für Rotavirus A und C. Eine weitere, differenzierte Analyse erfolgte nach Probenart und Rotavirus Spezies.

Durch die weitverbreitete Anwendung von Rotavirus A Lebend-Vakzinen sind die PCR-Ergebnisse jedoch schwer zu interpretieren. Daher wurden von insgesamt 54 Proben, in denen mit der PCR Rotavirus A detektiert werden konnten, anschließend die Gene von VP4 und VP7 sequenziert.

Anhand dieser Daten konnte durch Anwendung des automatischen Genotypisierungstools RotaC$^{2.0}$ sowie dem Abgleich mit der NCBI Datenbank die P- und G-Genotypen der jeweiligen Proben festgestellt werden. So konnten für die individuellen Schweinebestände die vorhandenen Genotypen festgestellt und ggf. Impfstämme differenziert werden. Am häufigsten konnte mit 13% der sequenzierten Proben der Genotyp G9P[7] gefunden werden, der dem Genotyp des Impfstoffs Scourguard® 3 (Zoetis) entspricht. Daneben fand sich aber eine Vielzahl von Kombinationen aus diversen G- und P-Genotypen. Für einzelne Schweinebestände konnte gezeigt werden, dass im Laufe der untersuchten zwei Jahre mehrere Kombinationen unterschiedlicher G- und P-Genotypen auftraten, die wiederum auf ein Wiederauftreten einzelner G- oder P-Genotypen in jeweils neuen Kombinationen in den Beständen hinweisen könnten. Diese Beobachtung einer ausgeprägten Diversität der G- und P-Genotypen zwischen und in einzelnen Beständen sollte für die Immunprophylaxe gegen Rotavirus A in Schweinebeständen berücksichtigt werden.

Untersuchungen zum Einfluss maternaler Antikörper auf eine Infektion der Ferkel mit *Salmonella* Typhimurium

Sven Springer[1], Tobias Theuß[1], Elke Ueberham[2] und Jörg Lehmann[2]

[1]IDT Biologika GmbH, Bereich Forschung und Entwicklung, Dessau - Roßlau; [2]Fraunhofer Institut für Zelltherapie und Immunologie, Leipzig

Zuchtsauenbestände können in erheblichem Maße zur Verbreitung von Salmonellen in der Schweinproduktion beitragen. Neben veterinärhygienischen Maßnahmen wird, insbesondere zur Bekämpfung von S. Typhimurium (STm), der Einsatz von Lebendimpfstoffen diskutiert. Die Wirksamkeit eines solchen Impfstoffes nach aktiver Immunisierung von Ferkeln und Läufern konnte wiederholt gezeigt werden. Dagegen ist relativ wenig über die Bedeutung von maternal übertragenen Antikörpern bekannt.

In einem kontrollierten Versuch wurden Jungsauen 6 und 3 Wochen vor der Geburt mit einem STm-Lebendimpfstoff (Salmoporc, Fa. IDT Biologika GmbH) s.c. geimpft. Entsprechende Kontrolltiere erhielten physiologische NaCl-Lösung verabreicht. Die Entnahme von Blutproben der geimpften Sauen und Kontrollsauen erfolgte vor der 1. und 2. Impfung und zur Geburt. Weiterhin wurden von jeder Sau eine Kolostrumprobe und Blutproben von jeweils 2 Ferkeln pro Wurf bis zur 5. Lebenswoche entnommen. Die Untersuchung der Seren und Kolostren erfolgte mit Hilfe des IDEXX Ab Salmonella-ELISAs und eines hauseigenen ELISA-Testes zum Nachweis der Immunglobulin-Isotypen M, A und G. Nach der Geburt wurden jeweils 3 Ferkel von 2 geimpften und 2 Kontrollsauen oral mit einem markierten STm-Stamm belastet. Die verbleibenden Ferkel der 4 Würfe wurden als Kontakttiere mit den belasteten Ferkeln an den entsprechenden Sauen gehalten. Sieben Tage nach dem Challenge erfolgte eine quantitative Untersuchung des Infektionsstammgehaltes der Ileum- und Caecum-Schleimhaut sowie der Ileocecallymphknoten (ICL) der infizierten Ferkel. Zum Absetzen wurden die verbleibenden Kontaktferkel schmerzlos getötet und die Tonsillen, Leber, Milz, Ileum, Caecum, ICL

und der Enddarmkot qualitativ auf das Vorkommen des Infektionsstammes untersucht.

Nach der Impfung der tragenden Sauen wurden Antikörper im Serum und Kolostrum induziert und auf die Nachzucht übertragen. Ferkel von geimpften Sauen zeigten im Vergleich zu den Ferkeln von Kontrollsauen eine signifikante Reduzierung der Körpertemperatur nach der Infektion. Eine Besiedlung der Ferkel mit dem Infektionsstamm wurde durch die übertragenen Antikörper nicht verhindert. Auffallend war aber eine signifikante Reduzierung der Nachweishäufigkeit des Infektionsstammes in den Ileocecallymphknoten der Kontaktferkel der geimpften Sauen. Die Ergebnisse werden diskutiert.

Neue Porcine Circoviren in Deutschland und der Welt

Christine Gaunitz[1], Douglas Marthaler[2], Bernd-Andreas Schwarz[3], Katja Schramedei[1], Oliver Sasse[1], Claudia Engemann[1] und Carsten Schroeder[1]

[1]QIAGEN Leipzig GmbH, Leipzig; [2]University of Minnesota, Saint Paul, USA; [3]Vaxxinova GmbH, Leipzig

Das porcine Circovirus Typ 2 (PCV2) ist einer der wichtigsten Erreger beim Schwein. Hohe Kosten entstehen in der Schweineproduktion durch Erkrankungen infolge von PCV2-Infektionen, aber auch für die Impfung gegen PCV2.

PCV2 wird als der Hauptverursacher verschiedener Krankheitsbilder angesehen, die unter dem Begriff des Porcine Circovirus Associated Disease (PCVAD) zusammengefasst werden. Dazu zählen PMWS (*Post-Weaning Multi-Systemic Wasting Syndrome*), PDNS (*Porcine Dermatitis und Nephropathy Syndrome*), Fruchtbarkeitsstörungen, Durchfälle und PRDC (*Porcine Respiratory Disease Complex)*. 2016 wurde ein neues Circovirus in Schweinen mit PDNS, Fruchtbarkeitsstörungen, kardialer Pathologie und multisystemischen Entzündungen in den USA, China und anschließend in Korea beschrieben. Mittlerweile wurde das Virus als PCV3 identifiziert und auch in Polen, Italien und Brasilien nachgewiesen.

In Kooperation mit der University of Minnesota, USA, wurden PCR-Reagenzien entwickelt, die einen spezifischen und sensitiven Nachweis von PCV2 und PVC3 in einem PCR-Lauf ermöglichen. Als Probenmaterial eignet sich Gewebe, Oral fluid, Kot und Serum. Für die Validierung wurden 243 Feld-Proben aus den USA und Deutschland untersucht. Die Proben stammten teilweise aus Beständen mit PMWS, PDNS oder PRDC und aus Beständen mit unklarem Krankheitsgeschehen. Zum Teil war in diesen Beständen bereits PCV2 nachgewiesen worden. Zum Vergleich wurden bisher an der University of Minnesota verwendete und publizierte singleplex PCV2 und PCV3 – PCR-Protokolle eingesetzt.

Bei dem neu entwickelten *virotype* PCV2/PCV3-Assay handelt es sich um eine Triplex-qPCR zum Nachweis von PCV2 im FAM-Kanal, PCV3 im Cy5-Kanal und einer integrierten internen Kontrolle im JOE Kanal.

Die *virotype* PCV2/3 qPCR zeigte eine hohe analytische Spezifität. Bei der Untersuchung von 6 relevanten Viren und *Brachyspira hyodysenteriae* positiven Proben vom Schwein wurden keine falsch positiven Ergebnisse erzielt. Die Detektionsgrenze lag für PCV2 bei durchschnittlich 47 und für PCV3 bei 135 Virus-Kopien. Die qPCR zeigte eine hohe Reproduzierbarkeit und einen Variationskoeffizienten für Intra-Assay und Inter-Assay von kleiner als 0,5.

PCV3 konnte in 44 der Proben aus den USA und 76 der untersuchten Proben aus Deutschland detektiert werden. Dabei waren insgesamt 69 der PCV3 positiven Proben auch positiv für PCV2.

Die Sequenzierung von zwei PCV3-positiven PCR-Amplifikaten aus Deutschland ergab eine Übereinstimmung von 100 bzw. über 99 % mit zwei PCV3-Sequenzen aus der GenBank (PCV3-US/SD2016 und PCV3-US/MN2016). Die Gesamtgenom-Sequenz aus einer PCV3-positiven Lungenprobe aus Deutschland zeigte ebenfalls eine Übereinstimmung von über 99 % mit diesen PCV3 Gesamtgenom-Sequenzen von amerikanischen Stämmen.

Mit Hilfe der neuen *virotype* PCV2/PCV3 Reagenzien konnte PCV3 auch in Proben von Schweinen in Deutschland nachgewiesen werden. Der neue Test erlaubt den schnellen und einfachen, simultanen Nachweis von PCV2 und dem neuen PCV3. Weitere Untersuchungen zur Bedeutung von PCV3 für die Porcine Circovirus Associated Diseases folgen.

Porzine Epidemische Diarrhoe – Aktuelles aus Stall und Labor

Simone Leidenberger, Sandra Blome und Martin Beer

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik,
Greifswald - Insel Riems

Die Porzine Epidemische Diarrhoe (PED), eine weltweit verbreitete Durchfallerkrankung beim Schwein, wird ausgelöst durch ein gleichnamiges *Alphacoronavirus*, das eng mit dem Virus der Transmissiblen Gastroenteritis (TGE) verwandt ist. Die PED wurde in Europa erstmals 1971 beschrieben. Seit den 1980er Jahren ist die PED in Asien endemisch, wohingegen aus Europa kaum noch Fälle berichtet wurden. Nach dem Ersteintrag eines hochvirulenten Virusstammes in die Vereinigten Staaten von Amerika im Frühjahr 2013, verstärkten europäische Diagnostiker die Untersuchungen. Daraufhin wurden, beginnend in Südwestdeutschland, Fälle von PED mit unterschiedlichen Morbiditäts- und Mortalitätsraten bestätigt.

Die aktuellen europäischen Virusstämme unterscheiden sich auf Genombasis deutlich von dem frühen Prototyp CV777. Sie sind eng mit einem moderat virulenten Stamm aus den USA (OH851) verwandt, der sich seinerseits von den hochvirulenten amerikanischen und asiatischen Stämmen abgrenzt.

Um die aktuellen Virenstämme in Deutschland *in vivo* zu charakterisieren und genauere Informationen über die Ursache der unterschiedlichen Virulenz zu erhalten, wurden am Friedrich-Loeffler-Institut Infektionsstudien an Sauen und Saugferkeln durchgeführt. Hierbei wurde gezeigt, dass die aktuellen PEDV-Stämme unter standardisierten Bedingungen von moderater Virulenz mit geringer Mortalitätsrate sind, was die Vermutung nahelegt, dass begleitende Infektionen mit anderen enteropathischen Erregern oder Unterschiede im Management zwischen den Betrieben verantwortlich sind für die teilweise hohen Produktionsausfälle.

Die labordiagnostische Untersuchung und Differenzierung von anderen Pathogenen stützt sich im Wesentlichen auf den Virusnachweis mittels RT-PCR aus Kot- oder Dünndarmproben. Den Goldstandard für den serologischen Antikörpernachweis stellt die Immunfluoreszenzfärbung dar. Vergleichende Untersuchungen am Institut haben gezeigt, dass verfügbare kommerzielle ELISA-Systeme große qualitative Unterschiede in der Spezifität und Sensitivität aufweisen. Zuverlässige Neutralisationstests konnten noch nicht etabliert werden. Um die Felddiagnostik zu vereinfachen, ist seit kurzem ein PEDV/TGEV/ROTA-Schnelltest zur Antigendetektion auf dem Markt.

BHV-1 Untersuchungen: Mastbullen kann man nicht beproben, oder doch?

Brigitte Thoms[1], Patricia König[2], Dieter Probst[1], Peter Wenning[3] und Andreas Finkensiep[4]

[1]Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Lebensmittel-und Veterinärinstitut Hannover; [2]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald – Insel Riems; [3]Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Dez. 31, Oldenburg; [4]Tierärztliche Gemeinschaftspraxis Tarmstedt

Trotz BHV1 Freiheit kommt es in Niedersachsen immer wieder zum Nachweis von Reagenten und auch Ausbrüchen von BHV1. Epidemiologische Nachforschungen haben ergeben, dass es häufig unerkannt infizierte ältere Bullen sind, die das Virus in die Zuchtbereiche betroffener Betriebe eintragen. Über 9 Monate alte Bullen werden jedoch aus Arbeitsschutzgründen nur in Ausnahmefällen beprobt, so dass eine Aussage zum Infektionsstatus der Mastbetriebe oder Mastabteile von Betrieben nicht möglich ist. Mastbetriebe in reiner Stallhaltung müssen nicht untersucht werden.

Es wurde eine praktikable Möglichkeit der Beprobung der Bullen in Verbindung mit einem funktionierenden Screeningsystem gesucht. Die Beprobung am Schlachthof über die Entnahme von Muskulaturproben, aus denen Fleischsaft gewonnen wird und im ELISA anschließend untersucht werden kann, erschien als möglicher Weg. Das Verfahren wird seit langem zur Statuserhebung für Salmonellen Antikörper bei Schweinen praktiziert und hat sich dort bewährt.

Ziel des Projekts war es, die für die Untersuchung von Serum zugelassenen BHV1- ELISA Tests auf ihre Tauglichkeit zum Einsatz von Fleischsaft zu prüfen.

Dazu wurde ein als BHV1- positiv festgestellter Rinderbestand bei der Schlachtung beprobt, weitere als BHV1- negativ angesehene Schlachttiere wurden am selben Tag ebenfalls beprobt. Den Schlachttieren wurden Blut- und parallel Fleischproben entnommen, insgesamt wurden so von 243 Schlachttieren Blut-und Muskulaturproben gewonnen.

Die Gewinnung des Fleischsafts erfolgte durch Auffangen des direkt ausgetretenen Abtropfsafts und dem in speziellen Fleischsaftgewinnungstrichtern gewonnenen Tausaft nach Einfrieren der Proben. Sowohl Serum- als auch Fleischsaftproben wurden mit den für die Untersuchung von Serum zugelassenen Testkits verschiedener Hersteller nach den für Serum gültigen Gebrauchsanleitungen durchgeführt. Die Untersuchungen erfolgten parallel sowohl im FLI als auch im LVI BS/H.

Zur Bewertung der Vergleichbarkeit von Serum- und Fleischsaftuntersuchungen wurden nur die Ergebnisse der eindeutig negativen Proben (N=119) und der eindeutig positiven (N=88) herangezogen. Die Spezifität der verschiedenen Testkits lag zwischen 69% und nahe 100%, die Sensitivität zwischen 80% und nahe 100%. Lediglich die Tests eines Herstellers ergaben erheblich schlechtere Ergebnisse.

Eine Untersuchung auf BHV1- Antikörper im Fleischsaft zu Screeningzwecken erscheint auf Grundlage der Ergebnisse bei einigen der eingesetzten Testsysteme möglich, da die Einbußen an Sensitivität und Spezifität im Vergleich zum Serum gering ausfallen. Eine Untersuchung von Mastbullen zur Untersuchung auf BHV1 - Antikörper kann damit erreicht werden.

Prävalenz von BVDV-Antikörpern nach Detektion von PI-Tieren in bayerischen Herden

Vanessa Turowski, Britta Janowetz, Michaela Alex, Ingrid Lorenz und Jens Böttcher

Tiergesundheitsdienst Bayern e.V., Poing

Der Nachweis von BVDV-persistent-infizierten (PI-) Kälbern pro Bestand zieht sich durchaus über mehrere Jahre hin. Um die Prävalenz von Seroreagenten in derartigen Beständen abzuschätzen, wurden Blut- und Einzelmilchproben entnommen und im Neutralisationstest (SNT, NADL) bzw. ELISA untersucht. Von 10 Beständen wurden viermal nur 2017 PI-Kälber ermittelt, jeweils einmal wurden sie über 2, 3 und 4 Jahre (2, 3, 4 PI-Jahre) einschließlich 2017 nachgewiesen. Ein Betrieb war durch ein abgeschlossenes Geschehen charakterisiert: Über 3 Jahre waren PI-Kälber ermittelt worden, die Untersuchungen der letzten 3 Jahre verliefen aber negativ. In zwei Beständen war zum Zeitpunkt der Untersuchung bereits geimpft worden: Einmal war bereits 2015 mit Inaktivat-Impfstoff und im zweiten Fall war im Januar 2017 mit Inaktivat- und im August zusätzlich mit Lebendimpfstoff geimpft worden.

In Beständen mit 4 PI-Jahren bzw. mit BVDV-Impfung lagen Seroprävalenzen von mehr als 95% bei Kühen vor. Im Betrieb mit 2 PI-Jahren bzw. im Falle des abgeschlossenen Geschehens erreichte die Seroprävalenz bei Kühen knapp 60% und in den übrigen Betrieben (1 bzw. 3 PI-Jahre) lag sie zwischen 15-45%. Obwohl die SNT-Ergebnisse für einen Betrieb noch ausstehen, ergab sich ein ähnliches Bild wie für den ELISA. Die Untersuchung wird auf weitere kommerzielle ELISA und den Genotyp 2 SNT ausgedehnt.

Der geometrische Mittelwert der SNT-Titer der positiven Proben lag bei 162 (CI95%: 135-194). Der arithmetische Mittelwert der jeweils positiven Proben für den Idexx-ELISA lag für Serum bei 118% (CI95%: 111%-125%) und für Milch bei 79% (CI95%: 75%-84%).

BVD ist offensichtlich keine hochkontagiöse Infektionskrankheit, so dass es aufgrund transienter Infektionen und unter den Bedingungen der aktuellen Bekämpfung offensichtlich nicht zu einer Durchseuchung der Bestände kommt. Eine BVDV-Bestandsimpfung ist bei Nachweis eines PI-Tieres also durchaus angezeigt, um den Anteil empfänglicher Tiere zu senken. Mit Hilfe des SNT lässt sich die Situation in den Beständen vor und nach der Impfung abschätzen.

Für eine Tankmilch-basierte Überwachung der BVDV gibt es derzeit noch keine Referenzen bzw. Anforderungen. Anhand der mittleren Reaktionsstärke positiver Tiere im SNT bzw. im ELISA (= „*normal-positives*“ Tier) und der ermittelten Seroprävalenzen in infizierten Beständen könnten derartige Anforderungen bzw. Referenzen für die Qualitätskontrolle definiert werden.

Die vorliegende Studie wurde aus Mitteln des Freistaats Bayern und der Bayerischen Tierseuchenkasse gefördert.

Hat das Trächtigkeitsstadium eines Rindes einen Einfluss auf die Coxiellose-Impfung?

Jens Böttcher, Elisabeth Deckinger, Benjamin Motsch, Michaela Alex und Britta Janowetz

Tiergesundheitsdienst Bayern e.V., Poing

In einer Milchkuhherde (Fleckvieh) mit ca. 250 Kühen wurde 2015/2016 eine chronische Coxiellen-Infektion beobachtet. Im Februar/April 2016 wurden Färsen bzw. Kühe mit Coxevac® nach Herstellerangaben geimpft; lediglich Kühe im letzten Trächtigkeitsmonat waren von der Impfung ausgenommen. Blutproben (Serum, Li-Heparin) wurden zum Zeitpunkt der Erstimpfung und im August gewonnen. Das Trächtigkeitsstadium der Impflinge zum Zeitpunkt der Erstimpfung wurde retrospektiv berechnet (nicht-tragend, bis 30, 31-60, 61-120, 121-180 und >120 d nach Besamung). Tests auf Phasen-spezifische Antikörper und IFN-γ (ohne IL-10-Neutralisation) wurden, wie beschrieben, durchgeführt (Böttcher et al., 2017, J Vet Med Res 4[9]:1106). IFN-γ-Reaktionen wurden prozentual auf die Stimulationskontrolle (SC) bezogen.

Nach der Impfung wurde ein starker Anstieg der Phase II-Titer beobachtet, vor und nach der Impfung war die Titerhöhe unabhängig vom Trächtigkeitsstadium. Die IFN-γ-Reaktionen zeigten vor der Impfung nur geringe trächtigkeitsabhängige Schwankungen. Ein signifikanter und trächtigkeitsunabhängiger Anstieg war bei den Kühen nach der Impfung zu beobachten. Färsen verhielten sich bis zum 60. Trächtigkeitstag ähnlich wie Kühe; aber ab dem 60. Trächtigkeitstag wurde p.v. kein Anstieg der IFN-γ-Reaktion mehr beobachtet. Um abzuklären, ob es sich um einen allgemeinen oder um einen Coxiellen-spezifischen Effekt handelte, wurde das Reaktionsniveau der SC in Bezug auf den Testplattenstandard betrachtet. Die SC lieferte für Färsen und Kühe Werte um 135% bzw. 110%, diese Werte waren trächtigkeitsunabhängig. Nach der Impfung wurden für nicht- und niedertragende Kühe Werte von 150% ermittelt,

die zum 120. Trächtigkeitsstadium auf ca. 180% anstiegen, um dann wieder mit zunehmender Trächtigkeitsdauer auf 150% abzufallen. Nicht und niedertragende Färsen fingen mit 220% an, und fielen ab dem 60. Trächtigkeitstag auf das Niveau vor der Impfung zurück.

Ein Einfluss der Trächtigkeit auf die zelluläre Immunreaktion war bei Färsen zu erkennen. Stärkere Reaktionen auf die SC nach der Impfung könnten zwar auch auf die unterschiedlichen Untersuchungszeitpunkte zurückzuführen sein, aber die zelluläre Immunreaktion der Färsen ist offensichtlich ab dem 60. Trächtigkeitstag stark eingeschränkt.

Die vorliegende Studie wurde aus Mitteln des Freistaats Bayern und der Bayerischen Tierseuchenkasse gefördert.

Bienenkrankheiten - was muss der Diagnostiker wissen?

Marc Schäfer

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Infektionsmedizin,
Greifswald – Insel Riems

In den letzten Jahren wurden in vielen Ländern der Welt hohe Honigbienenvölkerverluste beobachtet. Neben zahlreichen Faktoren, welche die Gesundheit der Honigbiene *Apis mellifera* beeinflussen, spielen Honigbienenkrankheiten eine große Rolle. Im Vortrag werden die in Deutschland anzeigepflichtigen Bienenkrankheiten und die Varroose kurz vorgestellt und aktuelle Bedrohungen erörtert.

Die AFB ist weltweit verbreitet. Erreger der AFB sind die sehr widerstandsfähigen Sporen des Bakteriums *Paenibacillus larvae*. Von den beschriebenen Genotypen ERIC I, ERIC II, ERIC III und ERIC IV, kommen nur ERIC I und ERIC II im Feld vor. Mittels einer neuen Methode ist es uns gelungen diese beiden relevanten Genotypen im Labor schnell und kostengünstig zu unterscheiden. In den Jahren 2013 - 2015 traten beide Genotypen ERIC I und ERIC II in Deutschland in gleicher Häufigkeit auf.

Der Kleine Beutenkäfer, *Aethina tumida*, ist ein Parasit in Honigbienenvölkern und ernährt sich von Brut, Pollen und Honig. Ursprünglich in Afrika, südlich der Sahara beheimatet, kommt er mittlerweile in weiten Teilen Australiens und überall in den USA vor, wo er sich bereits noch weit über die Landesgrenzen hinaus verbreitet hat. Seit seiner Entdeckung in Süditalien in 2014 besteht die akute Gefahr einer Einschleppung nach Deutschland. Um zuständigen Behörden darauf möglichst gut vorzubereiten, wurde ein Konzept zur Ausrottung bzw. Bekämpfung des Kleinen Beutenkäfers erarbeitet.

Milben der Gattung *Tropilaelaps* sind Parasiten der Bienenbrut. Ursprünglicher Wirt dieser Ektoparasiten sind die über ganz Südostasien verbreiteten Riesenhonigbienen. Bisher wurden vier Arten beschrieben:

T. clareae, *T. mercedesae*, *T. koenigerum* und *T. thaii*. Jedoch ist ausschließlich von den beiden erstgenannten Arten bekannt, dass sie *A. mellifera* als Wirt nutzen. Bisher sind Tropilaelapsmilben noch nicht in Europa präsent, das Risiko einer Einschleppung ist jedoch hoch.

Die Varroose wird durch die weltweit verbreitete Milbe *Varroa destructor* verursacht. Im Deutschen Bienenmonitoring konnte gezeigt werden, dass es einen hochsignifikanten Zusammenhang zwischen Winterverlusten und dem Varroabefall im Herbst gibt. Ursache hierfür sind vor allem die mit der Milbe assoziierten Viren (Flügeldeformationsvirus, Akute Bienenparalyse-Virus).

Untersuchungen zum Vorkommen von Batai-Virus in Wiederkäuern in Deutschland

Ute Ziegler[1], Martin Eiden[1], Franziska Press[1], Christine Fast[1], Bernd Gehrmann[2], Patrick Wysocki[3] und Martin H. Groschup[1]

[1]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger, Greifswald - Insel Riems; [2]Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Fachbereich 4 Veterinärmedizin, Stendal; [3]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Epidemiologie, Greifswald - Insel Riems

Das Batai-Virus (BATV) wurde erstmalig 1955 in Malaysia aus der Stechmücke *Culex gelidus* isoliert. Es ist ein in Europa autochthones Arbovirus („arthropod-borne"-Virus) und wird dort hauptsächlich durch Stechmücken der Gattungen *Culex, Anopheles* und *Ochlerotatus* übertragen. Für Schaf und Ziege sind milde Erkrankungsfälle durch BATV beschrieben. In Japan und China konnte das Virus aus dem Blut von Sentinel-Rindern isoliert werden, die jedoch frei von klinischer Symptomatik waren. Über die humane Bedeutung von BATV ist bisher wenig bekannt. Es soll mit einem fiebrigen, Influenza-ähnlichen Erkrankungsbild assoziiert sein.

Aufgrund der wiederholten Detektion von BATV-infizierten Stechmücken in verschiedenen Bundesländern in den letzten Jahren wurden dem FLI bereits vorliegende Plasmaproben, von Ziegen aus 6 verschiedenen Bundesländern (BB, BW, NI, SN, ST und TH), retrospektiv serologisch und molekularbiologisch auf BATV untersucht.

Insgesamt wurden über 1.000 Plasmaproben mit einem Virus-Neutralisationstest auf Antikörper gegen BATV getestet. In Baden-Württemberg, Thüringen und Niedersachsen konnten keine Antikörper im Ziegenplasma nachgewiesen werden, wohingegen in den anderen drei Bundesländern eine hohe Prävalenz neutralisierender Antikörper mit teilweise sehr hohen ND_{50}-Titern nachgewiesen werden konnte. Die Seroprävalenzen lagen in Sachsen-Anhalt bei 41,9%, in Brandenburg bei 38,6% und in Sachsen bei 28,4%. Die molekularen Untersuchungen aller Plasmaproben

verliefen negativ. Zusätzliche Proben aus dem Jahr 2016 wurden vom Landesamt für Verbraucherschutz aus Sachsen-Anhalt zur Verfügung gestellt (Rinder n=258, Schafe n=141 und Ziegen n=8). Aus diesen ergaben sich für Sachsen-Anhalt Seroprävalenzen von 44,6% (Schafe) bzw. 36,4% (Rinder). Die wenigen untersuchten Ziegen blieben negativ.

Aufgrund der ermittelten hohen Seroprävalenzen ist ein in-house-ELISA für den Nachweis von BATV-Antikörpern bei Wiederkäuern in Vorbereitung.

Vektorkompetente Stechmückenarten in Mitteleuropa? Experimentelle Laboruntersuchungen am Beispiel zoonotischer Filarien

Cornelia Silaghi[1,2], Chiara Tochtermann[1], Relja Beck[3], Martin Pfeffer[4], Gioia Capelli[5], Fabrizio Montarsi[5] und Alexander Mathis[1]

[1]Nationales Zentrum für Vektorentomologie, Universität Zürich, Schweiz, [2]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Infektionsmedizin, Greifswald - Insel Riems; [3]Department for Bacteriology and Parasitology, Croatian Veterinary Institute, Zagreb, Kroatien; [4]Institut für Tierhygiene und Öffentliches Veterinärwesen, Universität Leipzig; [5]Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, Legnaro, Italien

Dirofilaria immitis und *D. repens* gehören zu den am häufigsten bei Hunden berichteten filaroiden Nematoden. Kompetente Vektoren sind in endemischen Gebieten des Mittelmeerraumes und Südosteuropas viele Stechmückenarten der Gattungen *Aedes*, *Culex* und *Anopheles*. In bisher nicht endemischen Gegenden Mitteleuropas stellt sich die Frage, ob es beispielsweise durch mikrofilariämische Reise- oder Importhunde zu einer Endemisierung kommen kann. Voraussetzung dafür ist, dass der Lebenszyklus des Parasiten im Vektor von der Mikrofilarie bis zum dritten infektiösen Larvenstadium ablaufen kann. Dies ist abhängig von der Steckmückenart, der Infektionsdosis und besonders von geeigneten Umgebungstemperaturen. Die minimale Temperatur für die Entwicklung im Vektor beträgt für Dirofilarien 14°C. Kaum bekannt ist, ob und unter welchen Klimabedingungen mitteleuropäische Stechmückenarten als Vektoren für Dirofilarien in Frage kommen, was unter Berücksichtigung weiterer Faktoren eine Einschätzung der möglichen Endemisierung erlaubt. Ziel dieser Untersuchungen ist es, häufige in Mitteleuropa heimische Mückenarten unter realistischen fluktuierenden Temperaturbedingungen auf ihre Vektorkompetenz für Dirofilarien unter Laborbedingungen zu prüfen. Dazu werden Stechmücken aus dem Feld oder aus Zuchten über Membranen mit mikrofilariämen Blut gefüttert. Die Ergebnisse zeigen Vektorkompetenz für im Feld gesammelte *Ae. japonicus*

und Laborzuchten von *Ae. vexans* and *Ae. geniculatus*, wohingegen ein Laborstamm von *Ae. japonicus* aus den USA refraktär für *D. immitis* war, was zeigt, dass Risikoabschätzungen am besten mit lokalen Vektorpopulationen durchgeführt werden sollten.

Immunantwort nach Vakzinierung von Wiederkäuern mit einer kommerziellen BTV-4 Vakzine unter Feldbedingungen

Adi Steinrigl[1], Beate Liehl[1], Angelika Loitsch[1], Michaela Eichinger[1], Walter Peinhopf[2] und Friedrich Schmoll[1]

[1]AGES GmbH, Institut für veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, Österreich; [2]Dr. Vet-Die Tierärzte, Lebring, Österreich

Bluetongue Virus vom Serotyp 4 (BTV-4) wurde in Österreich zum ersten Mal im Jahr 2015 detektiert. Bei der damals durch Sonderimport erhältlichen inaktivierten BTV-4 Vakzine Bluevac-4 waren wesentliche Fragen in Bezug auf Einsatz und Dauer der humoralen Immunität bei Rindern, Schafen und Ziegen offen. Zusätzlich war von Interesse, ob es - wie in der Vergangenheit bei einem BTV-8 Impfstoff beobachtet - zur vorübergehenden Detektierbarkeit von Impfvirus-Genom im Blut geimpfter Tiere kommt.

Rinder, Ziegen und Schafe wurden unter Feldbedingungen durch zweimalige Impfung mit Bluevac-4 grundimmunisiert und die Antikörperbildung wurde anhand von Sandwich (sELISA) und kompetitivem (cELISA) ELISA untersucht. Neutralisierende Antikörper (Ak) gegen BTV-4 wurden bei ausgewählten Proben durch Serumneutralisationstest (SNT) bestimmt. Die Übertragung kolostraler Ak von geimpften Muttertieren auf ihre Kälber wurde ebenfalls anhand ELISA und SNT untersucht. Um zu überprüfen, ob BTV RNA nach Impfung nachweisbar war, wurde EDTA-Blut im Zeitraum von 4-28 Tagen nach Erstimpfung mit pan-BTV RT-qPCR untersucht.

Die Ergebnisse zeigten, dass eine zweifache Grundimmunisierung eine deutliche Ak-Antwort in allen drei Tierarten hervorrief; die geimpften Tiere serokonvertierten im Zeitraum von 7-10 Tagen nach Erstimpfung. Hier waren vor allem beim Rind Unterschiede bei den verwendeten Testsystemen zu beobachten, wobei der sELISA die Serokonversion früher anzeigte als der cELISA. Bereits zehn Tage nach Zweitimpfung war

ein deutlicher Anstieg der Ak-Spiegel zu beobachten. Diese blieben bis zum Ende der Beobachtungsphase unverändert hoch.

Geimpfte Tiere zeigten ab 10 Tagen nach Zweitimpfung hohe SNT Titer. Der Transfer neutralisierender kolostraler Ak an Kälber wurde ebenfalls gezeigt, diese persistierten zumindest bis zum Alter von drei Monaten. Im Gegensatz zur transienten Detektion von BTV Genom nach Impfung mit einem BTV-8 Impfstoff, konnte ein vergleichbarer Nachweis bei Bluevac-4 geimpften Rindern, Schafen und Ziegen im Rahmen dieser Studie nicht erbracht werden.

Identifizierung eines neuen Picornavirus in Lämmern mit Polioenzephalitis

Leonie Forth[1], Sandra Scholes[2], Fiona Howie[2], Kerstin Wernike[1], Anne Pohlmann[1], Dirk Höper[1] und Martin Beer[1]

[1]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald – Insel Riems, [2]SAC Consulting Veterinary Services, Penicuik, UK

In den letzten Jahren traten in Schottland vermehrt Fälle von Monoparesen bei nur wenigen Wochen alten Lämmern auf. Bei einigen Lämmern kam es zu einem Fortschreiten der Erkrankung bis zum Tod, andere erholten sich nahezu vollständig. Pathologische Untersuchungen des Gehirns zeigten eine Polioencephalomyelitis mit klassischen neurotropen viralen Läsionen. Bekannte Viren wie u.a. das Louping-ill-Virus und das Bornavirus konnten als Ursache der Symptome ausgeschlossen werden.

Zur Identifizierung des unbekannten Pathogens wurde eine Metagenomanalyse mittels Next-Generation Sequenzierung von extrahierter RNA des ZNS durchgeführt. Die Analyse der Daten mittels RIEMS-Software wies Zuordnungen von viralen Sequenzen zur Familie der *Picornaviridae* auf. Mittels Assembly der viralen Sequenzstücke konnte das virale Vollgenom erhalten werden, auf dessen Basis eine RT-qPCR zur Detektion des Virus entwickelt wurde.

Bei dem Erreger handelt sich um ein neues Picornavirus mit 56 % Sequenzidentität des Vollgenoms zu nächstverwandten bekannten Picornavirus-Genomen. Auf der Grundlage von phylogenetischen Analysen ist das Virus in das Genus *Sapelovirus* einzuordnen. Eine vorläufige Benennung erfolgte nach dem Wirt als „Ovines Sapelovirus“. Die Untersuchung der Viruslast in den Organen der infizierten Tiere mittels RT-qPCR zeigte, dass im Rückenmark und Kleinhirn die höchsten Viruslasten vorhanden sind. Eine Isolation des Virus auf verschiedenen Zelllinien ist derzeit in Bearbeitung. Zur Einschätzung der Situation in Deutschland

können Proben von Lämmern mit ähnlichen Symptomen und ungeklärter Ursache zu Forschungszwecken eingeschickt werden.

Astroviren als Ursache von Enzephalitiden bei Wiederkäuern

Kore Schlottau, Florian Pfaff, Dirk Höper, Martin Beer und Bernd Hoffmann

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald - Insel Riems

Astroviren, einzelsträngige RNA Viren mit negativer Polarität, sind bekannt dafür beim Menschen aber auch bei anderen Säugetieren Magen-Darm-Erkrankungen hervorzurufen. Insbesondere bei Kindern, aber auch bei immunsupprimierten Personen, können sie eine schwere Diarrhoe verursachen. Die Transmission erfolgt oro-fäkal. Bei Vögeln verursachen Astroviren Leberentzündungen. Sie gelten gemeinhin als Spezies spezifisch.

In den letzten Jahren wurden diese Viren aber immer häufiger einem anderen Krankheitsbild zugeordnet. Bei fünf immunsupprimierten Menschen mit tödlich verlaufender Enzephalitis konnten Astroviren detektiert werden. Bei Nerzen werden Astroviren im Zusammenhang mit der „shaking mink disease“, einer neuronalen Erkrankung, beschrieben. Zwei Arbeitsgruppen aus, der Schweiz und den USA fanden fast gleichzeitig Astroviren bei Rindern, die an einer nicht-bakteriellen Enzephalitis verstarben. Retrospektiv wurden ähnliche Sequenzen noch in weiteren Fällen gefunden und das Cluster BoAstV CH13/NeuroS1 genannt. Nach Einsendung von Proben von klinisch auffälligen Tieren ermittelte auch unser Institut Astroviren als Agens von Enzephalitiden bei Rind und Schaf. Dieses Astrovirus Cluster wurde BoAstV BH89/14/CH15 benannt. Retrospektive Analysen unterschiedlicher Arbeitsgruppen fanden in bis zu 34% der ungelösten Enzephalitis Fälle beim Rind die beschriebenen Astroviren.

Die Annahme, dass Astroviren Spezies spezifisch seien, scheint ebenfalls unstimmig zu sein, da zum einen die Astrovirus Sequenzen aus den humanen Enzephalitis Fällen zusammen mit Gastroenteritis-verursachen-

den tierischen Astroviren clustern und zum anderen in einem erst kürzlich beschrieben Enzephalitis Fall bei einem Schaf in der Schweiz die gleiche Sequenz gefunden wurde, wie bei einem Rind aus der gleichen Region.

Zusammengenommen erwecken diese Ergebnisse den Anschein, dass die die Astroviren eine Vielzahl von ungeklärten nicht-bakteriellen Enzephalitis-Fällen bei diversen Wiederkäuern erklären könnten und dass man bei der Untersuchung von entsprechenden Encephalitis-Fällen immer auch an Astroviren denken sollte Wir würden gerne unsere Studien in diesem Feld fortführen und würden uns daher über entsprechendes Probenmaterial freuen.

Bornavirus-Update

Donata Hoffmann, Kore Schlottau und Martin Beer

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik,
Greifswald – Insel Riems

In den letzten Jahren sind zahlreiche neue Mitglieder der Virusfamilie *Bornaviridae* beschrieben worden. Damit wurde auch eine Anpassung der Taxonomie notwendig. Sieben Virusspezies werden nun im Genus *Bornavirus* geführt. Das Virus, welches die Bornasche Krankheit bei Pferd und Schaf verursacht, findet sich nun als Borna disease virus 1 in der Spezies *Mammalian 1 bornavirus* wieder. Durch die Beschreibung zoonotischer Infektionen, bei denen exotische Hörnchenarten als infiziert detektiert wurden, existiert bis dato ein Vertreter der Spezies *Mammalian 2 bornavirus*. Vier weitere Spezies beinhalten die verschiedenen aviären Bornaviren, deren Vertreter zur neuropathischen Drüsenmagenerweiterung bei Ziervögeln führen.

Als Einzelstrang RNA Viren (nicht segmentiert) führen diese Viren zu persistenten Infektionen in neuronalem Gewebe. Die Transmissionsrouten der Bornaviren sind jedoch bisher nicht eindeutig geklärt. Als gesichert gilt, dass es Reservoirwirte gibt, die eine asymptomatische persistierende Infektion aufweisen. Klinisch auffällige Infektionen, wie z.B. bei Pferden beschrieben, ergeben sich aus einer immunpathogenetisch vermittelten Entzündungsreaktion bei akzidentiellen Wirtstierspezies („Endwirte“). Da es sich um ein streng zell-assoziiertes Virus handelt, dass von den Endwirten kaum ausgeschieden wird, ist die direkte Diagnostik solcher Bornavirusinfektion bei Säugetieren häufig erst mit *post mortem* gewonnenem neuronalen Gewebe zu sichern. Die Untersuchungen von Reservoirspezies wie Bunt- und Schönhörnchen zeigte, dass bei diesen Tieren doppelte Maultupfer und Kot als Probenmaterial, verglichen mit Organproben und serologischen Daten, zu korrelierenden Ergebnissen führen.

Der im Rahmen des "Nationalen Forschungsnetzes zoonotische Infektionskrankheiten" vom Bundesministeriums für Bildung und Forschung (BMBF) geförderte Forschungsverbund zum zoonotischen Bornavirus – kurz „ZooBoCo“, plant in den nächsten Jahren die Analyse des zoonotischen Potenzials neuer Bornaviren, aber auch Studien zu den charakteristischen Eigenschaften, die sie von anderen Bornaviren unterscheiden sowie Untersuchungen ihrer mutmaßlichen Reservoirwirte und der möglichen Übertragungswege. Daher würden wir uns über die Übermittlung von Gewebeproben Bornavirus-verdächtiger Säugetiere aus dem gesamten Bundesgebiet freuen.

Teilnehmerliste

Akimkin, Valerij	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Stuttgart, Virologie, Schaflandstraße 3/3, 70736 Fellbach, Tel.: 0711/34261740, E-Mail: valerij.akimkin@cvuas.bwl.de
Albrecht, Kerstin	Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Fachbereich Veterinärmedizin, Haferbreiter Weg 132-135, 39576 Stendal, Tel.: 03931/6310, E-Mail: kerstin.albrecht@lav.ms.sachsen-anhalt.de
Alex, Michaela	Tiergesundheitsdienst Bayern e.V., Virologie, Senator-Gerauer-Straße 23, 85586 Poing, Tel.: 089/9091233, E-Mail: michaela.alex@tgd-bayern.de
Allmann, Rolf	Chemisches und Vetrinäruntersuchungsamt Münsterland-Emscher-Lippe, Tiergesundheit, Joseph-König-Straße 40, 48147 Münster, Tel.: 0251/9821131, E-Mail: rolf.allmann@cvua-mel.de
Bätza, Hans-Joachim	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Referat 332, Rochusstraße 1, 53123 Bonn, Tel.: 0228/995290
Baumbach, Christina	Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei M-V, Tierseuchendiagnostik, Thierfelderstraße 18, 18059 Rostock, Tel.: 0381/4035219, E-Mail: christina.baumbach@lallf.mvnet.de
Becher, Dietmar	MICROMUN GmbH, Virologie, Walther-Rathenau-Straße 49A, 17489 Greifswald, Tel.: 03834/515601, E-Mail: becher@micromun.de
Bergermann, Christian	Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz, Institut für Tierseuchendiagnostik, Blücherstraße 34, 56073 Koblenz, Tel.: 0261/9149315, E-Mail: christian.bergermann@lua.rlp.de
Blahak, Silvia	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt OWL, Tierkrankheitsdiagnostik, Westerfeldstraße 1, 32760 Detmold, Tel.: 05231/911640, E-Mail: silvia.blahak@cvua-owl.de
Bock, Sabine	Landeslabor Berlin Brandenburg, Tierseuchen, Am Oberschloß 9, 99448 Kranichfeld, E-Mail: sabine.bilk@googlemail.com
Bohle, Stefanie	Veyx-Pharma GmbH, Wissenschaftliche Abteilung, Söhreweg 6, 34639 Schwarzenborn, Tel.: 05686/998627, E-Mail: stefanie.bohle@veyx.de
Bötcher, Lutz	Nds. Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Futtermittelinstitut Stade, Heckenweg 6, 21680 Stade, Tel.: 04141/933730, E-Mail: lutz.boetcher@laves.niedersachsen.de
Böttcher, Jens	Tiergesundheitsdienst Bayern e.V., Zentralinstitut, Senator-Gerauer-Straße 23, 85586 Poing, Tel.: 089/9091221, E-Mail: stephanie.bungart@tgd-bayern.de
Brehm, Katharina	Landkreis Vorpommern-Rügen, Fachdienst 34 Veterinärwesen und Verbraucherschutz, Carl-Heydemann-Ring 67, 18437 Stralsund, Tel.: 03831/3572510, E-Mail: FD34@lk-vr.de
Bunzenthal, Claudia	CVUA Rhein-Ruhr-Wupper, Virologie/Diagnostische Molekularbiologie, Deutscher Ring 100, 47798 Krefeld, Tel.: 02151/8491332, E-Mail: claudia.bunzenthal@cvua-rrw.de
Burkhardt, Katinka	Staatliches Tierärztliches Untersuchungsamt - Diagnostikzentrum, Virologie, Löwenbreitestraße 18/20, 88326 Aulendorf, E-Mail: katinka.burkhardt@stuaau.bwl.de
Büttner, Martina	MICROMUN GmbH, Virologie, Walther-Rathenau-Straße 49A, 17489 Greifswald, Tel.: 03834/515600, E-Mail: micromun@micromun.de
Demasius, Wiebke	Fritz-Reuter-Straße 41, 18057 Rostock, E-Mail: wiebke.demasius@googlemail.com

Deutskens, Fabian	IDT Biologika (Riems) GmbH & Co. KG, Lead Generation, An der Wiek 7, 17493 Greifswald-Insel Riems, Tel.: 038351/120115, E-Mail: Fabian.Deutskens@idt-biologika.de
Durban, Markus	IDT Biologika GmbH, Qualitätskontrolle Virologie, Am Pharmapark, 06861 Dessau-Roßlau, Tel.: 034901/8855842, E-Mail: markus.durban@idt-biologika.de
Faust, Anja	Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei M-V, Veterinärdienste, Thierfelderstraße 18, 18059 Rostock, Tel.: 0381/4035605, E-Mail: anja.faust@lallf.mvnet.de
Franz, Daniela	MICROMUN GmbH, Diagnostik, Walther-Rathenau-Straße 49A, 17489 Greifswald, Tel.: 03834/515600, E-Mail: micromun@micromun.de
Fritzsch, Guido	QIAGEN Leipzig GmbH, Deutscher Platz 5b, 04103 Leipzig, Tel.: 0341/1245438, E-Mail: guido.fritzsch@qiagen.com
Führs, Anika	AniCon Labor GmbH, Mühlenstraße 13, 49685 Höltinghausen, Tel.: 04473/943830, E-Mail: Liman@anicon.eu
Gaede, Wolfgang	Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Fachbereich Veterinärmedizin, Haferbreiter Weg 132, 39576 Stendal, Tel.: 03931/631151, E-Mail: wolfgang.gaede@lav.ms.sachsen-anhalt.de
Gaunitz, Christine	QIAGEN Leipzig GmbH, R&D, Deutscher Platz 5b, 04103 Leipzig, Tel.: 0341/1245420, E-Mail: christine.gaunitz@qiagen.com
Gehrmann, Bernd	Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Fachbereich Veterinärmedizin, Haferbreiter Weg 132-135, 39576 Stendal, Tel.: 03931/631318, E-Mail: Bernd.Gehrmann@lav.ms.sachsen-anhalt.de
Ginter, Annita	Bio-X Diagnostics S.A., Direktion, Rue de la Calestienne 38, 5580 Rochefort, Belgien, Tel.: +32 84/322377, E-Mail: a.ginter@biox.com
Griot, Christian	Institut für Virologie und Immunologie, 3147 Mittelhäusern, Schweiz, Tel.: +41 58/4699211, E-Mail: christian.griot@ivi.admin.ch
Haarmann, Miriam	Zentrales Institut des Sanitätsdienstes der Bundeswehr Kiel ASt Berlin, Abt II Veterinärmedizin, Scharnhorststraße 14, 10115 Berlin, Tel.: 030/28412670, E-Mail: MiriamHaarmann@bundeswehr.org
Haas, Ludwig	Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Virologie, Bünteweg 17, 30559 Hannover, Tel.: 0511/9538860, E-Mail: ludwig.haas@tiho-hannover.de
Habierski, Andre	Boehringer Ingelheim VRC GmbH & Co. KG, R&D Diagnostic, Bemeroder Straße 31, 30559 Hannover, Tel.: 06132/77142906, E-Mail: andre.habierski@boehringer-ingelheim.com
Hasenbein, Ines	GAVFmbH, Export-Abteilung, Adenaueralle 118, 53113 Bonn, Tel.: 0228/914240, E-Mail: hasenbein@gavf.de
Hechinger, Silke	Hessisches Landeslabor, II Veterinärmedizin, Schubertstraße 60, Haus 13, 35392 Gießen, Tel.: 0641/48005200, E-Mail: silke.hechinger@lhl.hessen.de
Himmelreich, Anke	Institut für Hygiene und Umwelt, HU 23, Marckmannstraße 129, 20539 Hamburg, Tel.: 040/428457201, E-Mail: anke.himmelreich@hu.hamburg.de
Hlinak, Andreas	Landeslabor Berlin-Brandenburg, Abt. Tierseuchen-, Zoonosen- und Infektionsdiagnostik, Invalidenstraße 60, 10557 Berlin, Tel.: 0335/52172187, E-Mail: andreas.hlinak@landeslabor-bbb.de
Höche, Jennifer	Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Dezernat für virologische, serologische und molekularbiologische Tierseuchendiagnostik, Haferbreiter Weg 132-135, 39576 Stendal, Tel.: 03931/6310, E-Mail: jennifer.hoeche@lav.ms.sachsen-anhalt.de
Holsteg, Mark	Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen, FB 72 Tiergesundheitsdienst, Haus Düsse, Ostinghausen, 59505 Bad Sassendorf, Tel.: 02945/989761, E-Mail: mark.holsteg@lwk.nrw.de

Jäckel, Susanne	Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, Abteilung 3, Fachgebiet 3.2, Johann-Sebastian-Bach-Straße 33, 17489 Greifswald, E-Mail: susanne.jaeckel84@web.de
Kadner, Diana	QIAGEN Leipzig GmbH, Regulatory Affairs Veterinary, Deutscher Platz 5b, 04103 Leipzig, Tel.: 0341/1245433, E-Mail: diana.kadner@qiagen.com
Kaendler, Christian	Bio-X Diagnostics S.A., Vertrieb, Rue de la Calestienne 38, 5580 Rochefort, Belgien, Tel.: 0170/7063668, E-Mail: c.kaendler@biox.com
Kaiser, Bastian	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Münsterland-Emscher-Lippe, Arbeitsgebiet 2-3 Immunologie, Joseph-König-Straße 40, 48147 Münster, Tel.: 0251/9821134, E-Mail: bastian.kaiser@cvua-mel.de
Kenklies, Susanne	Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Dezernat für virologische, serologische und molekularbiologische Tierseuchendiagnostik, Haferbreiter Weg 132-135, 39576 Stendal, Tel.: 03931/631281, E-Mail: susanne.kenklies@lav.ms.sachsen-anhalt.de
Klewer-Fromentin, Kristine	IDvet, Sales, 310 rue Louis Pasteur, 34790 Grabels, Frankreich, Tel.: +33 9 66 94 07 37, E-Mail: kristine.klewer@id-vet.com
Klingelhöfer, Irene	Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz, Institut für Tierseuchendiagnostik, Blücherstraße 34, 56073 Koblenz, Tel.: 0261/9149319, E-Mail: irene.klingelhoefer@lua.rlp.de
Klopfleisch, Constanze	BIOTECON Diagnostics GmbH, Marketing & Sales, Hermannswerder 17, 14473 Potsdam, Tel.: 0331/2300253, E-Mail: cklopfleisch@bc-diagnostics.com
Konow, Margit	Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei M-V, Tierseuchendiagnostik, Thierfelderstraße 18, 18059 Rostock, Tel.: 0381/4035278, E-Mail: margit.konow@lallf.mvnet.de
Konrath, Andrea	Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, FG 6.2 Virologie, Bahnhofstraße 58-60, 04103 Leipzig, E-Mail: andrea.konrath@lua.sms.sachsen.de
Kramer, Matthias	Nds. Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Abt. 5 Untersuchungseinrichtungen, Postfach 39 49, 26029 Oldenburg, Tel.: 0441/57026340, E-Mail: matthias.kramer@laves.niedersachsen.de
Krüger, Steffen	MICROMUN GmbH, Virologie, Walther-Rathenau-Straße 49A, 17489 Greifswald, Tel.: 03834/515600, E-Mail: micromun@micromun.de
Küster, Heike	IDT Biologika (Riems) GmbH & Co. KG, Development, An der Wiek 7, 17493 Greifswald-Insel Riems, Tel.: 038351/120350, E-Mail: h.kuester@idt-biologika.de
Larres, Gudrun	Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz, Institut für Tierseuchendiagnostik Blücherstraße 34, 56073 Koblenz, Tel.: 0261/9149320, E-Mail: gudrun.larres@lua.rlp.de
Liman, Martin	AniCon Labor GmbH, Geschäftsführung, Mühlenstraße 13, 49685 Höltinghausen, Tel.: 04473/943824, E-Mail: Liman@anicon.eu
Lüken, Caroline	LUFA Nord-West, Molekularbiologie, Ammerländer Heerstraße 123, 26129 Oldenburg, Tel.: 0441/97352223, E-Mail: caroline.lueken@lufa-nord-west.de
Marquart, Ronny	Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei M-V, Tierseuchenbekämpfungsdienst, Thierfelderstraße 18, 18059 Rostock, Tel.: 0381/4035609, E-Mail: Ronny.Marquart@lallf.mvnet.de
Müller, Hermann	AniCon Labor GmbH, Mühlenstraße 13, 49685 Höltinghausen, Tel.: 04473/943830, E-Mail: mueller@anicon.eu
Müller, Marcus	IDT Biologika (Riems) GmbH & Co. KG, Lead Generation, An der Wiek 7, 17493 Greifswald-Insel Riems, Tel.: 038351/120107, E-Mail: Marcus.Mueller@idt-biologika.de

Muluneh, Aemero	Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, Abteilung 3, Veterinärmedizinische Diagnostik, Jägerstraße 10, 01099 Dresden, Tel.: 0351/81441500, E-Mail: aemero.muluneh@lua.sms.sachsen.de
Nagy, Livia	MICROMUN GmbH, Bakteriologie, Walther-Rathenau-Straße 49A, 17489 Greifswald, Tel.: 03834/515600, E-Mail: micromun@micromun.de
Nessler, Claudia	Tiergesundheitsdienst Bayern e.V., Zentralinstitut, BSE-Labor, Senator-Gerauer-Straße 23, 85586 Poing, Tel.: 089/9091221, E-Mail: stephanie.bungart@tgd-bayern.de
Neubauer-Juric, Antonie	LGL - Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Virologie - Landesinstitut Tiergesundheit II, Veterinärstraße 2, 85764 Oberschleißheim, Tel.: 09131/68085824, E-Mail: antonie.neubauer-juric@lgl.bayern.de
Nordhoff, Marcel	Lebensmittel- und Veterinärinstitut Oldenburg, Fachbereich 14 Serologie, Philosophenweg 38, 26121 Oldenburg, Tel.: 0441/9713850, E-Mail: marcel.Nordhoff@laves.niedersachsen.de
Petrov, Anja	Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Virologie, Brabeckstraße 104A, 30539 Hannover, Tel.: 0151/50593191, E-Mail: anja.petrov@gmx.de
Polley, Birgitta	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Stuttgart, Diagnostik, Schaflandstraße 3/3, 70736 Fellbach, Tel.: 0711/34261661, E-Mail: birgitta.polley@cvuas.bwl.de
Pourquier, Philippe	IDvet, Director, 310 rue Louis Pasteur, 34790 Grabels, Frankreich, Tel.: +33 4 67 41 49 33, E-Mail: philippe.pourquier@id-vet.com
Rölfing, Anne	BIOTECON Diagnostics GmbH, Forschung und Entwicklung, Hermannswerder 17, 14473 Potsdam, Tel.: 0331/2300267, E-Mail: aroelfing@bc-diagnostics.com
Ruckaberle, Elke	IDEXX GmbH, Livestock, Poultry and Dairy, Mörikestraße 28/3, 71636 Ludwigsburg, Tel.: 0171/5592007, E-Mail: elke-ruckaberle@idexx.com
Sahm, Isabel	LGL - Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, TG 5.1 Virologie, Eggenreuther Weg 43, 91058 Erlangen, Tel.: 09131/68082376, E-Mail: isabel.sahm@lgl.bayern.de
Salditt, Andreas	Staatliches Tierärztliches Untersuchungsamt - Diagnostikzentrum, Molekulare Diagnostik, Löwenbreitestraße 18/20, 88326 Aulendorf, Tel.: 07525/942245, E-Mail: Andreas.Salditt@stuaau.bwl.de
Santracz, Ewa	MICROMUN GmbH, Immunologie, Walther-Rathenau-Straße 49A, 17489 Greifswald, Tel.: 03834/515600, E-Mail: micromun@micromun.de
Saßerath, Michael	Chemisches- und Veterinäruntersuchungsamt Rhein-Ruhr-Wupper, Immunologie, An Bruckhausen 33, 47802 Krefeld, Tel.: 02151/8491304, E-Mail: michael.sasserath@cvua-rrw.de
Sattler, Tatjana	Universität Leipzig, Klinik für Klauentiere, An den Tierkliniken 11, 04103 Leipzig, Tel.: 0341/9738317, E-Mail: tasat@vetmed.uni-leipzig.de
Schatz, Juliane	Landeslabor Berlin-Brandenburg, Fb III-3 Molekularbiologie, Gerhard-Neumann-Straße 2/3, 15236 Frankfurt (Oder), Tel.: 0335/52172127, E-Mail: juliane.schatz@landeslabor-bbb.de
Schelp, Christian	IDEXX Switzerland GmbH, R&D, Stationsstraße 12, 3097 Liebefeld-Bern, Schweiz, Tel.: +41 31/9706265, E-Mail: christian-schelp@idexx.com
Schmidt, Eugen	Veterinäramt Güstrow, Fleischhygieneamt Teterow, Am Koppelberg 2, 17166 Teterow, Tel.: 03996/166107, E-Mail: schmidt-e68@web.de
Schmoll, Friedrich	AGES GmbH, Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, Robert-Koch-Gasse 17, 2340 Mödling, Österreich, Tel.: +43 505/5538200, E-Mail: friedrich.schmoll@ages.at
Schulze, Martina	Landeslabor Berlin-Brandenburg, Abt. III, Gerhard-Neumann-Straße 2/3, 15236 Frankfurt (Oder), Tel.: 0335/52172128, E-Mail: vaivorykste@gmx.de

Schulze, Steffen	MICROMUN GmbH, Molekularbiologie, Walther-Rathenau-Straße 49A, 17489 Greifswald, Tel.: 03834/515600, E-Mail: micromun@micromun.de
Schulze Esking, Wiebke	Chemisches und Veterinäruntrsuchungsamt Münsterland-Emscher-Lippe, Virologie, Joseph-König-Straße 40, 48147 Münster, Tel.: 0251/9821147, E-Mail: wiebke.schulze_esking@cvua-mel.de
Schürmann, Eva-Maria	LGL - Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Virologie - Landesinstitut Tiergesundheit II, Veterinärstraße 2, 85764 Oberschleißheim, Tel.: 09131/68085290, E-Mail: eva-maria.schuermann@lgl.bayern.de
Schwarz, Bernd-Andreas	Vaxxinova GmbH Leipzig, Diagnostik, Deutscher Platz 5e, 04103 Leipzig, Tel.: 0341/46379850, E-Mail: bernd-andreas.schwarz@vaxxinova.com
Scuda, Nelly	LGL - Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, TG 5.1 Virologie, Nelkenstraße 19 A, 90542 Eckental, Tel.: 09126/2609464, E-Mail: nelly.scuda@gmx.de
Seelmann, Matthias	Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei M-V, Tierseuchendiagnostik, Thierfelderstraße 18, 18059 Rostock, Tel.: 0381/4035820, E-Mail: Matthias.Seelmann@lallf.mvnet.de
Seidel, Bertolt	sifin diagnostics gmbh, Immunchemie, Berliner Alle 317-321, 13088 Berlin, Tel.: 030/9270300, E-Mail: b.seidel@sifin.de
Skuballa, Jasmin	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Karlsruhe, Diagnostik/Molekularbiologie, Weißenburger Straße 3, 76187 Karlsruhe, Tel.: 072/19267225, E-Mail: jasmin.skuballa@cvuaka.bwl.de
Springer, Sven	IDT Biologika GmbH, Am Pharmapark, 06861 Dessau-Roßlau, Tel.: 034901/8855482, E-Mail: sven.springer@idt-biologika.de
Steinrigl, Adi	AGES GmbH, Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Mödling, Abteilung für Molekularbiologie, Robert-Koch-Gasse 17, 2340 Mödling, Österreich, Tel.: +43 505/5538248, E-Mail: adi.steinrigl@ages.at
Stief, Birgit	Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, Pathologie, Bakteriologie, Jägerstraße 8/10, 01099 Dresden, Tel.: 0351/81441453, E-Mail: birgit.stief@lua.sms.sachsen.de
Tappe, Dennis	Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin, Nationales Referenzzentrum für tropische Infektionserreger, Bernhard-Nocht-Straße 74, 20359 Hamburg, Tel.: 040/42818/205, E-Mail: tappe@bni-hamburg.de
Teich, Klaus	AniCon Labor GmbH, Mühlenstraße 13, 49685 Höltinghausen, Tel.: 04473/943830, E-Mail: teich@anicon.eu
Thalheim, Sabine	Landeslabor Berlin-Brandenburg, Tierseuchendiagnostik, Gerhard-Neumann-Straße 2/3, 15236 Frankfurt (Oder), Tel.: 0335/52172783, E-Mail: sabine.thalheim@landeslabor-bbb.de
Thalmann, Günter	AniCon Labor GmbH, Mühlenstraße 13, 49685 Höltinghausen, Tel.: 04473/943830, E-Mail: thalmann@anicon.eu
Thoms, Brigitte	Lebensmittel-und Veterinärinstitut Braunschweig/Hannover, Institutsleitung, Eintrachtweg 17, 30173 Hannover, Tel.: 0511/28897211, E-Mail: brigitte.thoms@laves.niedersachsen.de
Thür, Barbara	Veterinärdienst Aargau, Tiergesundheit und Fleischhygiene, Obere Vorstadt 14, 5000 Aarau, Schweiz, Tel.: +41 62/8352970, E-Mail: barbara.thuer@ag.ch
Turowski, Vanessa	Tiergesundheitsdienst Bayern e.V., Zentralinstitut Serologie, Senator-Gerauer-Straße 23, 85586 Poing, Tel.: 089/9091221, E-Mail: stephanie.bungart@tgd-bayern.de
Uebe, Friederike	Bayerisches Staatsminsterium für Umwelt und Verbraucherschutz, Referat 46 Tiergesundheit, Tierseuchenbekämpfung, Rosenkavalierplatz 2, 81925 München, Tel.: 089/92143157, E-Mail: Friederike.Uebe@stmuv.bayern.de
van Ooyen, Jan	IDEXX GmbH, Livestock, Poultry and Dairy, Kapaunenstraße 7, 17489 Greifswald, Tel.: 0171/3307202, E-Mail: Jan-vanooyen@idexx.com
Walraph, Jörg	Landesuntersuchungsanstalt für das Gesundheits- und Veterinärwesen Sachsen, FG 3/4, Rembrandtstraße 4, Chemnitz, Tel.: 0351/81441605, E-Mail: joerg.walraph@lua.sms.sachsen.de

Weiss, Ruth	IDEXX Switzerland GmbH, Regulatory, Stationsstraße 12, 3097 Liebefeld-Bern, Schweiz, Tel.: +41 79/3342203, E-Mail: Ruth-Weiss@idexx.com
Wonnemann, Hubert	Landeslabor Schleswig-Holstein, GeB 2, Veterinärwesen, Max-Eyth-Straße 5, 24537 Neumünster, Tel.: 04321/904869, E-Mail: hubert.wonnemann@lsh.landsh.de
Zimmer, Karl	Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz, Institut für Tierseuchendiagnostik, Blücherstraße 34, 56073 Koblenz, Tel.: 0261/9149310, E-Mail: karl.zimmer@lua.rlp.de

Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Südufer 10, Greifswald-Insel Riems
Tel.: 038351/7-0

Allendorf, Valerie	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71013, E-Mail: valerie.allendorf@fli.de
Beer, Martin	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71200, E-Mail: martin.beer@fli.de
Bergmann, Sven M.	Institut für Infektionsmedizin Tel.: 038351/71150, E-Mail: sven.bergmann@fli.de
Blome, Sandra	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71144, E-Mail: sandra.blome@fli.de
Breidenstein, Christiane	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71013, E-Mail: christiane.breidenstein@fli.de
Conraths, Franz	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71522, E-Mail: franz.conraths@fli.de
Eiden, Martin	Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger Tel.: 038351/71182, E-Mail: martin.eiden@fli.de
Fischer, Stefan	Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger Tel.: 038351/71145, E-Mail: stefan.fischer@fli.de
Fischer, Uwe	Institut für Infektionsmedizin Tel.: 038351/71175, E-Mail: uwe.fischer@fli.de
Forth, Leonie	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71326, E-Mail: leonie.forth@fli.de
Franzke, Kati	Institut für Infektionsmedizin Tel.: 038351/71206, E-Mail: kati.franzke@fli.de
Globig, Anja	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71244, E-Mail: anja.globig@fli.de
Goller, Katja	Abteilung für experimentelle Tierhaltung und Biosicherheit Tel.: 038351/74973, E-Mail: katja.goller@fli.de
Grund, Christian	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71545, E-Mail: christian.grund@fli.de
Halecker, Sabrina	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71224, E-Mail: sabrina.halecker@fli.de
Harder, Timm	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71545, E-Mail: timm.harder@fli.de
Heidrich, Jana	Zulassungsstelle Tel.: 038351/71240, E-Mail: jana.heidrich@fli.de
Henke, Julia	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71267, E-Mail: julia.henke@fli.de
Hoffmann, Bernd	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71201, E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de

Hoffmann, Donata	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71628, E-Mail: donata.hoffmann@fli.de
Höper, Dirk	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71235, E-Mail: dirk.hoeper@fli.de
König, Patricia	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71141, E-Mail: patricia.koenig@fli.de
Kotterba, Günter	Institut für Infektionsmedizin Tel.: 038351/71512, E-Mail: guenter.kotterba@fli.de
Leidenberger, Simone	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71267, E-Mail: simone.leidenberger@fli.de
Meissner, Katharina	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71013, E-Mail: katharina.meissner@fli.de
Mettenleiter, Thomas C.	Präsident Tel.: 038351/71250, E-Mail: thomas.mettenleiter@fli.de
Michelitsch, Anna	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71213, E-Mail: anna.michelitsch@fli.de
Möller, Janika	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71224, E-Mail: janika.moeller@fli.de
Moritz, Tom	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71132, E-Mail: tom.moritz@fli.de
Müller, Thomas	Institut für Molekulare Virologie und Zellbiologie Tel.: 038351/71659, E-Mail: thomas.mueller@fli.de
Pohlmann, Anne	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71296, E-Mail: anne.pohlmann@fli.de
Reiche, Sven	Abteilung für experimentelle Tierhaltung und Biosicherheit Tel.: 038351/71540, E-Mail: sven.reiche@fli.de
Reinking, Elke	Pressestelle Tel.: 038351/71244, E-Mail: elke.reinking@fli.de
Ries, Christina	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71280, E-Mail: christina.ries@fli.de
Sauter-Louis, Carola	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71893, E-Mail: carola.sauter-louis@fli.de
Schäfer, Marc O.	Institut für Infektionsmedizin Tel.: 038351/71246, E-Mail: marc.schaefer@fli.de
Schares, Gereon	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71544, E-Mail: gereon.schares@fli.de
Schlottau, Kore	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71627, E-Mail: kore.schlottau@fli.de
Schröder, Charlotte	Abteilung für experimentelle Tierhaltung und Biosicherheit Tel.: 038351/71125, E-Mail: charlotte.schroeder@fli.de
Silaghi, Cornelia	Institut für Infektionsmedizin Tel.: 038351/71172, E-Mail: cornelia.silaghi@fli.de
Starick, Elke	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 03834/517131, E-Mail: elke.starick@fli.de
Ulrich, Reiner	Abteilung für experimentelle Tierhaltung und Biosicherheit Tel.: 038351/71128, E-Mail: reiner.ulrich@fli.de
Vasic, Ana	Institut für Infektionsmedizin Tel.: 038351/71513, E-Mail: ana.vasic@fli.de
Weber, Saskia	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71627, E-Mail: saskia.weber@fli.de
Weise, Susann	Institut für Epidemiologie Tel.: 038351/71012, E-Mail: susann.weise@fli.de
Wernike, Kerstin	Institut für Virusdiagnostik Tel.: 038351/71212, E-Mail: kerstin.wernike@fli.de

Die 8. Riemser Diagnostiktage werden von den folgenden Firmen finanziell unterstützt:

QIAGEN Leipzig GmbH

AniCon Labor GmbH

Zoetis Deutschland GmbH

IDvet

IDEXX GmbH

IDT Biologika GmbH

Bio-X Diagnostics S.A.

LABOKLIN GmbH&Co.KG

Eppendorf Vertrieb Deutschland GmbH

Sarstedt AG&Co.KG

Vielen Dank!

Notizen

Impressum

Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald - Insel Riems, Deutschland

Redaktion: Kerstin Wernike, Michael Eschbaumer, Friedrich-Loeffler-Institut

Druck: Druckerei Bender GmbH, Wettenberg

Greifswald, 2017