FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT

FLI

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Federal Research Institute for Animal Health

TIERGESUNDHEITS JAHRESBERICHT 2018

Tiergesundheitsjahresbericht 2018
19. Jahrgang 2019
ISSN 1867-9374

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

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

Redaktionsschluss
12. Dezember 2019

Fotos
Bienen, Wildschwein, Pferd © FLI
Amsel © pixabay

Inhaltsverzeichnis

Inhaltsverzeichnis 2
Einleitung 4
Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland 5
Kapitel 2 Finanzielle Beteiligung der Europäischen Union im Rahmen der Verordnung (EU) Nr. 652/2014 10
Kapitel 3 Der Viehbestand 14
Kapitel 4 Fallstatistiken 28
Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten 33
1. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen – American foulbrood 33
2. Aujeszkysche Krankheit – Aujeszky's Disease (Pseudorabies) 35
3. Aviäre Influenza bei Geflügel und Wildvögeln - Avian Influenza in poultry and wild birds 36
4. Beschälseuche der Pferde – Dourine 44
5. Bovine Herpesvirus Typ1-Infektion (alle Formen) – Infectious bovine rhinotracheitis 46
6. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease – Bovine viral diarrhea/Mucosal Disease 50
7. Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen – Bovine, Porcine, Ovine and Caprine Brucellosis 54
8. Chlamydiose – Chlamydiosis 57
9. Echinokokkose – Echinococcosis 61
11. Hantaviren in Mitteleuropa – Hantaviruses in Central Europe 64
12. Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels – Avian infectious laryngotracheitis 69
13. Paratuberkulose – Paratuberculosis (Johne's Disease) 71
14. Q-Fieber – Q-Fever 76
15. Rauschbrand – Blackleg 81
16. Salmonellose der Rinder – Salmonellosis in cattle 85
17. Shigatoxin-bildende *Escherichia coli* [(STEC, syn. Verotoxin-bildende *E. coli* (VTEC)] – Shiga toxin-producing *E. coli* (Vero toxin-producing *E. coli*) 92
18. Tollwut – Rabies 96
19. Toxoplasmose – Toxoplasmosis 98
20. Tuberkulose der Rinder – Bovine Tuberculosis 101
21. Tularämie – Tularemia 107
22. Usutu-Virus-Infektion (USUV) – Usutu virus infection 109
23. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämatopoetische Nekrose (IHN) – Viral Hemorrhagic Septicemia and Infectious Hematopoietic Necrosis 114
24. West-Nil-Virus-Infektion (WNV) – West Nile virus infection 123
25. Zoonotische Bornaviren – Zoonotic Borna Viruses 129
Kapitel 6 Antimikrobielle Resistenz (AMR) 136
Anlagen 139

Anlage 1: Anschriften der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner 139
Anlage 2: Abkürzungsverzeichnis 152

Einleitung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft,
Referat 322 – Tiergesundheit

Der Tiergesundheitsbericht wird zum 19. Mal vorgelegt. Mit ihm kommt das Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, seiner im Tiergesundheitsgesetz verankerten Aufgabe zur Erstellung eines Jahresberichtes zur Situation der Tiergesundheit in der Bundesrepublik Deutschland nach. Ein hohes Tiergesundheitsniveau besonders bei Nutztieren trägt zur Erhaltung und Entwicklung eines leistungsfähigen Tierbestandes bei. Nur von gesunden Tieren können sichere Lebensmittel gewonnen werden. Dem „One-Health"-Gedanken folgend trägt ein gesunder Nutztierbestand somit auch zur Erhaltung der menschlichen Gesundheit bei. Gesunde Tiere bedürfen auch keiner Therapie mit antimikrobiellen Stoffen. Angesichts der massiven Ausbreitung von antimikrobiellen Resistenzen ist dies eine wichtige Feststellung. Der Tiergesundheitsbericht enthält die Ergebnisse von epidemiologischen und labordiagnostischen Untersuchungen, von staatlichen Bekämfpungsmaßnahmen sowie eine Einschätzung zur Gefährdung von Tieren und Menschen durch ausgewählte Tierseuchen/Tierkrankheiten im Jahr 2018.

Die Reihenfolge der Berichte zu bestimmten anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten richtet sich nach der auf der Generalversammlung der Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE) im Mai 2004 beschlossenen neuen Klassifikation (Listung) von Tierkrankheiten. Diese Gliederung ermöglicht eine bessere Vergleichbarkeit und Bewertbarkeit der vorliegenden Daten mit internationalen Berichten. Der Tiergesundheitsjahresbericht 2018 zeigt wiederum, dass in der Bundesrepublik Deutschland das Risiko des Auftretens von Tierseuchen oder Tierkrankheiten nicht unterschätzt werden darf. Globalisierter Handel, der internationale Reiseverkehr, die fortschreitende Klimaerwärmung und die Zerstörung natürlicher Lebensräume erhöhen außerdem das Risiko des Auftretens neuartiger Krankheiten, die oft gefährliche Zoonosen sind. So wurde 2018 erstmals das West-Nil-Virus bei verschiedenen Vögeln, aber auch bei Pferden nachgewiesen. Die West-Nil-Virus-Infektion wird durch Vektoren (Mücken) übertragen. Der Schutz der Tiere vor diesen Vektoren ist eine große Herausforderung. Eine weitere Arbovirose ist die Blauzungenkrankheit, die im Dezember 2018 nach langer Zeit wieder in Deutschland bei Rindern ausbrach und zu großen wirtschaftlichen Verlusten führen kann.

Trotzdem ist der Tiergesundheitsstatus der deutschen Nutztierbestände auf einem sehr hohen Niveau. Dies ist nicht zuletzt das Ergebnis einer erfolgreichen Zusammenarbeit zwischen Bund und Ländern bei der Verhütung und Bekämpfung von Tierseuchen.

Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft, Referat 323
Tierseuchen – EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum

Die Tierärzteschaft insgesamt

In der Bundesrepublik Deutschland waren gemäß der „Statistik 2018: Tierärzteschaft in der Bundesrepublik Deutschland“ zum 31.12.2018 insgesamt 42.147 Tierärztinnen und Tierärzte bei den Kammern gemeldet.

Davon waren 30.603 in Deutschland und 443 im Ausland tierärztlich tätig. Von den im Inland tierärztlich Tätigen waren 21.217 in der tierärztlichen Praxis (einschließlich Assistentinnen und Assistenten sowie Vertreterinnen und Vertreter) und 6.516 im Beamten- (1.533) und Angestelltenverhältnis (4.983) im öffentlichen Dienst tätig. Weitere Tierärzte waren in der Industrie, bei der Bundeswehr und in anderen tierärztlichen Tätigkeiten beschäftigt.

Der Dachverband aller deutschen Tierärzte ist die

Bundestierärztekammer
Französische Straße 53, 10117 Berlin
Tel. 030/201 4338-0
Telefax: 030/201 4338-88
E-Mail: geschaeftsstelle@btkberlin.de.

Das öffentliche Veterinärwesen

Öffentliches Veterinärwesen ist der öffentliche Dienst, der die im allgemeinen Interesse liegenden veterinärmedizinischen Aufgaben zum Schutz der Gesundheit von Tier und Mensch wahrnimmt.

Aufgaben

Für das öffentliche Veterinärwesen sind der Schutz der Gesundheit von Tier und Mensch sowie das Allgemeinwohl übergeordnete und bestimmende Verpflichtungen. Die grundlegenden Aufgaben des öffentlichen Veterinärwesens sind:

- Verhütung und Bekämpfung von Krankheiten, insbesondere von übertragbaren Krankheiten der Tiere
- Schutz des Menschen vor Gefahren und Schädigungen durch Tierkrankheiten
- Schutz des Menschen vor Gesundheitsgefährdung und -schädigung sowie vor Irreführung und Täuschung durch Lebensmittel, darunter Erzeugnisse tierischer Herkunft
- Schutz des Lebens und Wohlbefindens der Tiere sowie Verhütung von Schmerzen, Leiden und Schäden
- Erhaltung und Steigerung der Güte von Lebensmitteln tierischer Herkunft
- Schutz der Umwelt vor den von Tieren sowie tierischen Erzeugnissen und Nebenprodukten ausgehenden schädlichen Einflüssen.

Die Aufgaben des Veterinärwesens decken somit das Prinzip "vom Stall bis zum Tisch" als grundlegendes Prinzip der Lebensmittelsicherheit vollständig ab. Die Aufgaben werden in Abstimmung mit anderen Fachverwaltungen, vor allem mit der Gesundheitsverwaltung und der Landwirtschaftsverwaltung, durchgeführt. Verantwortlich für die Durchführung ist die Veterinärverwaltung.

Verhütung und Bekämpfung von Tierseuchen

Die Veterinärverwaltung ist für die Verhütung und Bekämpfung übertragbarer Tierkrankheiten im Inland und die Abwehr der Einschleppung dieser Krankheiten aus dem Ausland verantwortlich (staatliche Tierseuchenbekämpfung). Sie trägt Mitverantwortung für einen seuchenfreien Tierbestand innerhalb der Europäischen Union, beispielsweise in Form

veterinärrechtlicher Kontrollen an den deutschen Außengrenzen der Gemeinschaft (u. a. Flughäfen).
Den von Tieren auf Menschen übertragbaren Krankheiten (Zoonosen) wird besondere Aufmerksamkeit gewidmet. Die Gesundheitsverwaltung wird über Beobachtungen, die für ihre Tätigkeit von Bedeutung sind, unterrichtet.

Allgemeiner Tiergesundheitsschutz
Außerhalb der staatlichen Tierseuchenbekämpfung werden Aufgaben zur Sicherung und Verbesserung der Tiergesundheit (allgemeiner Tiergesundheitsschutz) in der Regel von Tiergesundheitsdiensten durchgeführt. Die Tiergesundheitsdienste (Pferde-, Rinder-, Schweine-, Schaf-, Geflügel-, Eutergesundheitsdienste u. a.) führen regelmäßig Kontrolluntersuchungen durch und beraten in Fragen der Tierhaltung, insbesondere der Tierhygiene, der Stallhygiene, der Stallbautechnik und der Fütterung. Soweit die Veterinärfachverwaltung keine eigenen Tiergesundheitsdienste unterhält, wirkt sie in den Tiergesundheitsdiensten nichtstaatlicher Einrichtungen mit oder ergänzt bzw. unterstützt diese.

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

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

Fleischhygiene, Schlachttier- und Fleischuntersuchung
Die Veterinärfachverwaltung ist für die amtliche Untersuchung und Beurteilung der Schlachttiere vor und nach der Schlachtung zuständig. Amtlich zu untersuchen ist ferner erlegtes Wild.
Bei der amtlichen Untersuchung wird unter anderem auf sichtbare Zeichen von Zoonosen und Tierseuchen geachtet. Hierunter fallen auch die Untersuchungen auf BSE sowie die Überwachung des Umgangs mit Risikomaterialien (SRM) in Schlacht- und Zerlegungsbetrieben. Die stichprobenartigen Untersuchungen auf Arzneimittelrückstände, mikrobiologische Untersuchungen und die Untersuchung auf Trichinen sind ebenfalls Teil der amtlichen Fleisch- und Geflügelfleischuntersuchung. Die Zulassung von Betrieben für den innergemeinschaftlichen bzw. internationalen Handelsverkehr mit Fleisch, Fleischerzeugnissen und -zubereitungen ist ebenso wie die Hygienekontrollen in diesen Betrieben während des Schlachtens von Tieren, des Zerlegens, Kühlens, Gefrierens, Be- und Verarbeitens, des Beförderns von Fleisch oder Geflügelfleisch ein bedeutendes Aufgabenfeld zur Sicherstellung des vorbeugenden gesundheitlichen Verbraucherschutzes.

Überwachung des Verkehrs mit Lebensmitteln tierischer Herkunft und Milchüberwachung
Die Veterinärverwaltung überwacht den Verkehr mit Lebensmitteln tierischer Herkunft sowie die Gesundheit der Milchviehbestände und die Hygiene bei der Gewinnung, Behandlung und beim Inverkehrbringen von Milch und Milcherzeugnissen, um einen

umfassenden Schutz des Verbrauchers vor Gesundheitsgefährdung und -schädigung sowie vor Irreführung und Täuschung zu gewährleisten.

Arzneimittelüberwachung und Anwendung von Sera und Impfstoffen

Die Veterinärverwaltung überwacht den Verkehr mit Arzneimitteln einschließlich Betäubungsmitteln für Tiere und deren Anwendung, insbesondere bei den Tieren, die der Gewinnung von Lebensmitteln dienen. Sie überwacht ferner den Betrieb der tierärztlichen Hausapotheken und die Ausübung des tierärztlichen Dispensierrechts. Sera, Impfstoffe und Antigene dürfen nur abgegeben oder angewendet werden, wenn sie vom Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit (Friedrich-Loeffler-Institut, FLI) oder vom Bundesinstitut für Impfstoffe und biomedizinische Arzneimittel (Paul-Ehrlich-Institut) zugelassen worden sind.

Überwachung der Beseitigung und Verwendung von tierischen Nebenprodukten

Die Veterinärverwaltung überwacht die Beseitigung und Verwendung von tierischen Nebenprodukten, um die Gefährdung der Gesundheit von Mensch und Tier, die Verbreitung von Erregern übertragbarer Krankheiten sowie toxischer Stoffe zu verhindern. Das Verfüttern dieser Produkte ist weitestgehend verboten.

Aufbau des öffentlichen Veterinärwesens

Der Aufbau und die Verteilung der Kompetenzen des öffentlichen Veterinärwesens in der Bundesrepublik Deutschland folgen dem föderalen Aufbau.

Auf Bundesebene ressortiert das Veterinärwesen im Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)
Rochusstraße 1
D-53123 Bonn
Tel. +49-228/99529-0
Fax: +49-228/99529-4262
E-mail: poststelle@bmel.bund.de

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

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

angesiedelt.

Der Leiter der Unterabteilung 32 ist gleichzeitig Delegierter bei der Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE) und Leiter des Veterinärdienstes („Chief Veterinary Officer“, CVO) der Bundesrepublik Deutschland gegenüber dem Ausland.

Die OIE ist neben der Ernährungs- und Landwirtschaftsorganisation der Vereinten Nationen (FAO) und der Weltgesundheitsorganisation (WHO) einer der drei internationalen Partner, die zu Beginn dieses Jahrtausends offiziell das „One Health-Konzept“ als gemeinsame Strategie zur Bekämpfung von Krankheiten eingeführt haben. Es fasst die bereits lange zuvor gewonnene Einsicht zusammen, dass die Gesundheit von Mensch, Tier und Ökosystemen in engem Zusammenhang stehen. Man geht davon aus, dass es sich bei 60 % der beim Menschen auftretenden Infektionskrankheiten um Zoonosen handelt. Ein konkretes Beispiel für die Umsetzung des „One

Health-Konzeptes“ stellt das gobal vereinbarte Ziel dar, bis 2030 menschliche Todesfälle durch hundevermittelte Tollwutinfektionen auszuschließen. Hierzu wurde eine gemeinsame Strategie erarbeitet, die auf der Massenimpfung in Hundepopulationen beruht.

Ein weiterer Bereich des Veterinärwesens befindet sich in der Unterabteilung 31 „Gesundheitlicher Verbraucherschutz - Sicherheit der Lebensmittelkette“ mit den Referaten:

- 311: Strategie und Koordinierung der Abteilung 3, Internationale Lebensmittelsicherheitspolitik, Digitalisierung in der Abteilung 3, Bürokratieabbau
- 312: Lebensmittelüberwachung, Krisenmanagement
- 313: Rückstände und Kontaminanten in Lebensmitteln, Lebensmittelbedarfsgegenstände
- 314: Fleischhygiene, Lebensmittelhygiene
- 315: Futtermittelsicherheit, Tierernährung
- 316: Lebensmittelrecht, Ernährungsvorsorge

In der Unterabteilung 21 „Ernährung“ sind die Bereiche „Ernährungskompetenz, lebensphasenorientierte gesunde Ernährung, Prävention im Ernährungsbereich, Gemeinschaftsverpflegung“ (Referat 212), „Spezielle Lebensmittel“ (Referat 214) und „Lebensmittelinformation, Lebensmittelkennzeichnung“ (Referat 215) vertreten.

Das Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) ist auf Bundesebene zuständig für die Zulassung von Tierarzneimitteln nach den Vorgaben des Arzneimittelgesetzes. Dabei untersteht es der Fachaufsicht des Bundesministeriums für Gesundheit (BMG).

Im Bereich der Bundeswehr werden alle Belange des Veterinärwesens durch die Sanitätsoffiziere Veterinär wahrgenommen.

Die entsprechende oberste Bundesbehörde ist das
Bundesministerium der Verteidigung (BMVg)
Referat Führung Streitkräfte Sanität 3
Stauffenbergstr. 18
D-10785 Berlin
Tel.: 030/20 04 – 2 48 73
Fax: 030/20 04 – 3 35 48 65
E-Mail: bmvgfuesksan3@bmvg.bund.de

Referat FüSK San 3 –Gesundheitsschutz; öffentlich-rechtliche Aufgaben im Geschäftsbereich BMVg.
Der Veterinärverwaltung auf Bundesebene obliegen die Rechtsetzung auf allen einschlägigen öffentlich-rechtlichen Gebieten sowie der Kontakt zu den Veterinärverwaltungen anderer Staaten, ferner die Wahrnehmung der fachlichen Interessen und Aufgaben innerhalb der Europäischen Union (EU). In veterinärrechtlichen Gesetzen und Verordnungen werden alle notwendigen Maßnahmen, die sich aus den Aufgaben des öffentlichen Veterinärwesens ergeben, für das Bundesgebiet selbst und gegenüber anderen Staaten getroffen und die Durchführung dieser Maßnahmen zusammen mit den Bundesländern koordiniert; dies gilt auch für die Umsetzung von EU-Recht in nationales Recht.

Krisenmanagement Tierseuchen

Beim BMEL ist das Krisenzentrum Tierseuchen als Bestandteil des Referates 323 Tierseuchen - EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum angesiedelt. Die Leiterin des Referates 323 ist gleichzeitig auch Leiterin der Bund-Länder-Task Force Tierseuchenbekämpfung. Die Task Force Tierseuchenbekämpfung besteht ferner aus den Tierseuchenreferenten der Länder sowie Vertretern des BMVg und des FLI. Als Geschäftsstelle der Task Force fungiert

ein Arbeitsstab, der personell aus Länderbediensteten besteht und räumlich beim Nationalen Krisenzentrum im BMEL angesiedelt ist. Ein zusätzlicher Länderbediensteter des Arbeitsstabes ist für die technische Betreuung von Informatiksystemen als Schnittstelle zwischen Bund und Ländern im FLI tätig.

Kapitel 2 Finanzielle Beteiligung der Europäischen Union im Rahmen der Verordnung (EU) Nr. 652/2014

Heuser, R.

Die Verordnung (EU) Nr. 652/2014 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 15. Mai 2014 mit Bestimmungen für die Verwaltung der Ausgaben in den Bereichen Lebensmittelkette, Tiergesundheit und Tierschutz sowie Pflanzengesundheit und Pflanzenvermehrungsmaterial, zur Änderung der Richtlinien des Rates 989/56/EG, 2000/29/EG und 2008/90/EG, der Verordnungen (EG) Nr. 178/2002, (EG) Nr. 882/2004 und (EG) Nr. 396/2005 des Europäischen Parlaments und des Rates, der Richtlinie 2009/128/EG des Europäischen Parlaments und des Rates sowie der Verordnung (EG) Nr. 1107/2009 des Europäischen Parlaments und des Rates und zur Aufhebung der Entscheidungen des Rates 66/399/EWG, 76/894/EWG und 2009/470/EG (ABl. L 189 vom 27. Juni 2014, S. 1), zuletzt geändert durch Artikel 5 der Verordnung (EU) 2017/2393 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 13. Dezember 2017, stellt die Basis für die finanzielle Beteiligung der Union im Veterinärbereich dar.

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

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

festgelegt.

Die weiteren Ausführungen beziehen sich auf die im Jahr 2018 durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen sowie die Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen.

Dringlichkeitsmaßnahmen

Nach den in den Artikeln 6 bis 8 der Verordnung (EU) Nr. 652/2014 zusammengefassten Sofortmaßnahmen im Veterinärbereich besteht für die Mitgliedstaaten die Möglichkeit, im Falle des Ausbruchs einer der in Artikel 7 der genannten Verordnung gelisteten Tierseuchen in ihrem Hoheitsgebiet eine finanzielle Beteiligung der Union an den Seuchentilgungsmaßnahmen zu erhalten, soweit bestimmte Bedingungen seitens des Mitgliedstaates erfüllt wurden.

Grundsätzlich beteiligt sich die Kommission zu 50 % an den Ausgaben des Mitgliedstaates für die Entschädigung der Bestandseigentümer, für die Tötung und unschädliche Beseitigung seiner Tiere, die Reinigung und Desinfektion seines Betriebes und der Geräte, die Ungezieferbekämpfung im Betrieb und an den Geräten sowie die Vernichtung verseuchter Futtermittel und Geräte.

Des Weiteren beteiligt sich die Kommission zu 50 % an den Ausgaben für Impfstoffe und an den Impfkosten, soweit die Durchführung von Impfungen beschlossen wurde.

Bedingt durch das Auftreten der hochpathogenen Aviären Influenza wurde für die durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen eine Finanzhilfe der Union für das Jahr 2018 beantragt.

Programm zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen

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

Überwachung der im Anhang II der genannten Verordnung aufgeführten Tierseuchen und Zoonosen eine finanzielle Beteiligung der Gemeinschaft zu erhalten.

Für das Jahr 2018 hatte die Bundesrepublik Deutschland der Kommission im Hinblick auf eine finanzielle Beteiligung folgende Bekämpfungs- und Überwachungsprogramme vorgelegt:

- Plan zur Bekämpfung der Blauzungenkrankheit,
- Plan zur Bekämpfung bestimmter zoonotisch übertragbarer Salmonellen bei Zucht-, Legehennen- und deren Aufzuchtbeständen, Masthähnchenbeständen der Spezies *Gallus gallus* sowie Zucht- und Mastputenbeständen der Spezies *Meleagris gallopavo*,
- Plan zur Überwachung von Geflügel und Wildvögeln auf die Aviäre Influenza,
- Plan zur Tilgung und Überwachung der Transmissiblen Spongiformen Enzephalopathien (TSE),
- Plan zur Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest.

Die vorgenannten Pläne wurden seitens der Kommission überprüft und gemäß Grant decision vom 31. Januar 2018 genehmigt. Die jeweiligen Höchstbeträge der finanziellen Beteiligung der Union wurden ebenfalls mit der o. g. Grant decison festgesetzt.
Diese beinhaltet darüber hinaus die Voraussetzungen (z. B. Berichtspflichten, Fristen zur Vorlage der Berichte und Erstattungsanträge), welche die Mitgliedstaaten zu erfüllen haben, um überhaupt eine Finanzhilfe der Union erhalten zu können.
Über die Durchführung der Programme war der Kommission im abgelaufenen Jahr Bericht zu erstatten, wobei neben den einzelnen Bekämpfungs- und Überwachungsmaßnahmen auch die dabei angefallenen Kosten aufzuführen waren.
Auf der Grundlage dieser Berichte wurde seitens der Kommission u. a. geprüft, ob die durch die Grant decision ursprünglich zugewiesenen Höchstbeträge für die Pläne der Mitgliedstaaten ausreichten bzw. gekürzt oder erhöht werden mussten.
Die Deutschland betreffenden, vorgenannten Pläne bedurften im Hinblick auf die Höchstbeträge einer Anpassung.

Plan zur Bekämpfung der Blauzungenkrankheit
Gemäß Artikel 3 Absatz 2 Buchstabe c der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 54.000 Euro festgesetzt; dieser Betrag wurde auf der Grundlage der erwähnten Berichterstattung auf 36.000 Euro gekürzt.
Die finanzielle Beteiligung beträgt 50 % der Einheitskosten, die bei der Durchführung der virologischen und serologischen Laboruntersuchungen und der Probenahme entstehen.
Im Jahr 2018 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrags 1.555 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 1.779 virologische Tests mittels PCR und Pool-PCR sowie 3.203 Probenahmen bei Rind, Schaf und Ziege geltend gemacht.

Plan zur Bekämpfung bestimmter zoonotisch übertragbarer Salmonellen bei Zuchtgeflügel, Legehennen- und deren Aufzuchtbeständen, Masthähnchen der Spezies *Gallus gallus* sowie Zucht- und Mastputenbeständen der Spezies *Meleagris gallopavo*
Gemäß Artikel 3 Absatz 2 Buchstabe d der Grant decision wurde der von der Bundesrepublik Deutschland eingereichte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung

der Union auf 571.000 Euro festgesetzt; dieser Betrag wurde auf der Grundlage der erwähnten Berichterstattung auf 539.000 Euro gekürzt.
Die finanzielle Beteiligung der Union beträgt 50 % der Einheitskosten, die bei der Durchführung von bakteriologischen Untersuchungen (Kultivierung/Isolierung, Überprüfung der Desinfektionswirksamkeit, Nachweis antimikrobieller Mittel) sowie Serotypisierungstests im Rahmen der amtlichen Probenahme entstehen. Des Weiteren gewährt die Union eine Finanzhilfe in Höhe von 50 % der Kosten für die Beschaffung von Impfstoffen, die Entschädigung von Bestandseigentümern für die Tötung der unter das Programm fallenden Tiere sowie die Vernichtung von Eiern.
Im Jahr 2018 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrages insgesamt 10.794 bakteriologische Tests, 370 Serotypisierungen, 22 Tests zur Überprüfung der Desinfektionswirksamkeit, sieben Tests zum Nachweis antimikrobieller Mittel, 4.009 Probenahmen, über 560.000 Mio. Impfstoffdosen und Entschädigungszahlungen für 87.076 getötete Tiere gemeldet.
Zu berücksichtigen ist hierbei, dass in einigen Bundesländern Untersuchungen durchgeführt wurden, die für eine Finanzhilfe der Union nicht infrage kamen und somit auch nicht im Rahmen der Erstattung gemeldet wurden.
Eigenkontrolluntersuchungen sind in den oben angegebenen Untersuchungen nicht enthalten, da solche Untersuchungen nicht kofinanzierungsfähig sind.

Plan zur Überwachung von Geflügel und Wildvögeln auf die Aviäre Influenza

Gemäß Artikel 3 Absatz 2 Buchstabe b der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 105.000 Euro festgesetzt; dieser Betrag wurde auf der Grundlage der erwähnten Berichterstattung auf 112.000 Euro erhöht.
Die finanzielle Beteiligung der Union beinhaltet 50 % der Einheitskosten für die Kosten der Probenahme bei Hausgeflügel sowie die Kosten der durchgeführten Labortests. Daneben gewährt die Union 50 % der entstandenen Kosten für Lieferung von Wildvögeln im Rahmen der passiven Überwachung. Im Jahr 2018 wurden nur noch sehr wenige sporadische Virusnachweise geführt; insgesamt wurden fünf Fälle von HPAIV-Infektionen festgestellt. Im Rahmen des der Kommission für das Jahr 2018 vorgelegten Erstattungsantrages wurden insgesamt 1.147 Probenahmen bei Wildvögeln, 3.721 bei Hausgeflügel, 7.089 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 5.965 Hämagglutinationshemmungstests für die Serotypen H5 und H7, 46 Virusisolationstests und 3.530 virologische Tests mittels PCR geltend gemacht.

Plan zur Überwachung der Transmissiblen Spongiformen Enzephalopathien (TSE)

Gemäß Artikel 3 Absatz 3 der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 722.000 Euro festgesetzt; dieser Betrag wurde auf der Grundlage der erwähnten Berichterstattung auf 723.000 Euro erhöht.
Die finanzielle Beteiligung der Union, die 50 % der Einheitskosten beträgt, umfasst im Wesentlichen die Kosten, die für die Durchführung von Tests bei nicht für den menschlichen Verzehr getöteten bzw. verendeten Rindern, Schafen und Ziegen und für diskriminierende Tests bestätigter BSE-Fälle entstanden sind. Darüber hinaus gewährt die Kommission für Tests an gesundgeschlachteten Rindern, die aus Mitgliedstaaten und Drittländern stammen, die nicht im Anhang des Durchführungsbeschlusses 2011/358/EU gelistet sind, ebenfalls 50 % der Einheitskosten.

Daneben beträgt die finanzielle Beteiligung 50 % der Kosten, die im Rahmen der Entschädigung

von Bestandseigentümern für die Tötung und unschädliche Beseitigung der Tiere im Rahmen der Tilgungsprogramme entstehen.
Im Rahmen des der Kommission zu übersendenden Erstattungsantrages wurden 169.188 Tests bei Rindern, 19.302 Tests bei Schafen und 2.084 Tests bei Ziegen gemeldet; daneben umfasst der Erstattungsantrag vier Bestätigungstests bestätigter „atypischer“ Scrapiefälle.
Im Jahr 2018 wurde kein BSE-Fall amtlich festgestellt.
Dagegen wurden vier Scrapieausbrüche (alles atypische Fälle) in vier Bundesländern amtlich festgestellt.
Die Anzahl der gegenüber der Kommission geltend gemachten Genotypisierungen betrug 2.716 Untersuchungen.

Plan zur Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest

Gemäß Artikel 3 Absatz 2 Buchstabe a der Grant decision wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 73.000 Euro festgesetzt; dieser Betrag wurde auf der Grundlage der erwähnten Berichterstattung auf 141.000 Euro erhöht.
Die finanzielle Beteiligung der Union beinhaltet 50 % der Einheitskosten für das Auffinden, die Lieferung und die Probenahme tot aufgefundener Wildschweine sowie die Kosten der durchgeführten Labortests. Daneben gewährt die Union 50 % der Einheitskosten für Aufwendungen, die bei Aufklärungs- und Informationskampagnen entstandenen sind.
Im Rahmen des der Kommission für das Jahr 2018 vorgelegten Erstattungsantrages wurden Kosten für das Auffinden und die Lieferung von 850 toter Wildschweine, 507 Probenahmen von tot aufgefundener Wildschweinen und 2.242 virologische Tests mittels PCR geltend gemacht.
Für Aufklärungs- und Informationskampagnen wurden Kosten in Höhe von über 300.000 Euro geltend gemacht.

Kapitel 3 Der Viehbestand

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

Homeier-Bachmann, T., Wysocki, P.

Vorbemerkungen

Auf der Grundlage des Agrarstatistikgesetzes (AgrStatG) finden regelmäßige Erhebungen der Bestandszahlen für Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen und Geflügel statt. Diese Erhebungen werden zweimal jährlich in allen Bundesländern mit Ausnahme der Stadtstaaten durchgeführt und finden im Rahmen einer Agrarstrukturerhebung, die wechselweise als Vollerhebung oder als Stichprobenbefragung durchgeführt wird, statt. Die Erhebungen zum Rinderbestand werden zweimal jährlich am 3. Mai und am 3. November als Auszug aus dem Herkunfts- und Informationssystem für Tiere (HIT-Datenbank) erstellt und für statistische Zwecke ausgewertet. Im Rahmen der Viehbestandserhebung Schweine werden repräsentativ Betriebe mit mindestens 50 Schweinen oder 10 Zuchtsauen jeweils zum Stichtag 3. Mai und 3. November befragt. Hierzu wird eine geschichtete Stichprobe einmal jährlich gezogen. Zur Erhebung über die Schweinebestände am 3. Mai 2010 wurden die Erfassungsgrenzen auf 50 Schweine oder 10 Zuchtsauen angehoben, um insbesondere die kleineren Betriebe zu entlasten. Daher sind die Schweinebestände zu den Vorerhebungen nur begrenzt und die Betriebszahlen nicht vergleichbar. Im Rahmen der Viehbestandserhebung für Schafe werden repräsentativ Betriebe mit mindestens 20 Schafen jeweils zum Stichtag 3. November befragt. Hierzu wird eine geschichtete Stichprobe einmal jährlich gezogen. Die Stadtstaaten Berlin, Bremen und Hamburg nehmen bei der Viehbestandserfassung eine Sonderstellung ein. Dort finden seit Mai 2005 alle vier Jahre repräsentative Erhebungen für Rinder, Schweine, Schafe, Pferde und Geflügel statt, die seit Mai 2003 durch eine im Vierjahresabstand durchgeführte Totalzählung aufgeführter Tierbestände ergänzt werden.

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

jeweils 10 Rinder
50 Schweine oder 10 Zuchtsauen
20 Schafe oder 20 Ziegen
oder 1.000 Stück Geflügel

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

Die letzten Erhebungsdaten für Rinder, Schweine und Schafe basieren auf dem Zensus vom 3. November 2018. Die Zahlen für das Geflügel, die Ziegen

und Einhufer entstammen der Zählung vom 1. März 2016 (Agrarstrukturerhebung - ASE).

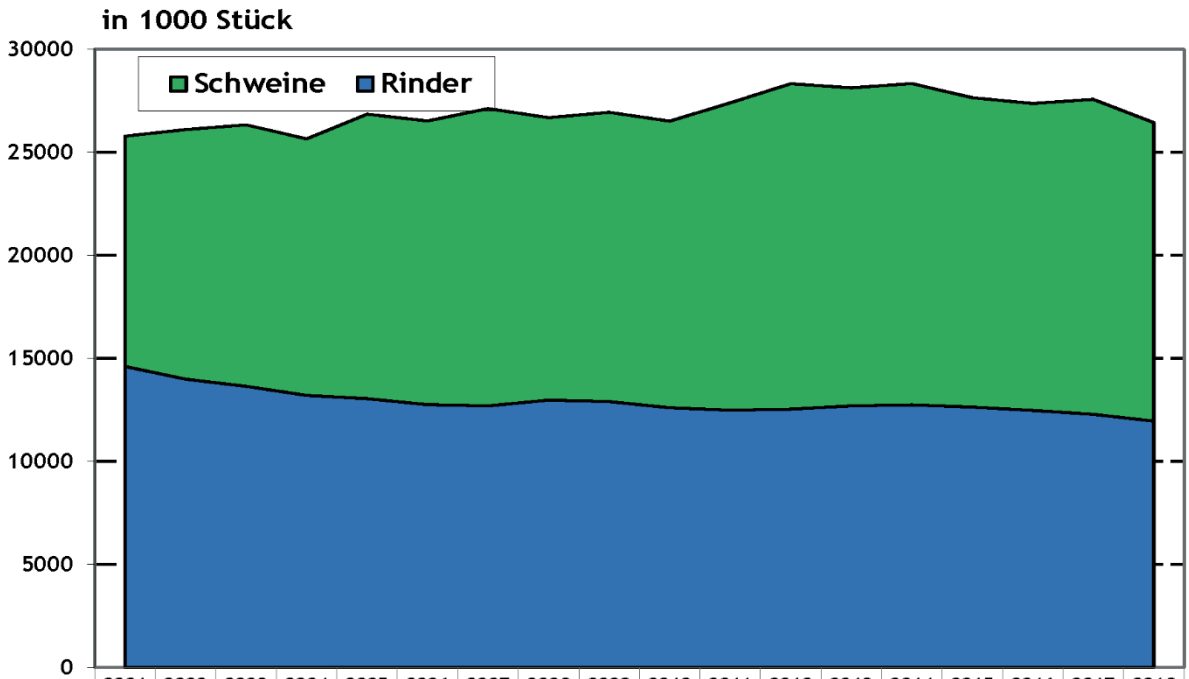
Im Jahr 2010 wurde in Deutschland eine Landwirtschaftszählung (LZ) durchgeführt. Die nach dem Agrarstatistikgesetz durchzuführende Großzählung soll alle zehn Jahre stattfinden. Seit dem Jahr 1999 bis zum Jahr 2007 wurde eine Agrarstrukturerhebung (ASE) im Zweijahresrhytmus durchgeführt, sie wurde 2010 in die LZ 2010 integriert. Seit dem Jahr 2010 soll die ASE nur noch im dreijährlichen Abstand als Stichprobenerhebung mit 80.000 Erhebungseinheiten durchgeführt werden. Die aktuellsten ASE Daten wurden im ersten Halbjahr 2016 erhoben und wurden am 1. August 2017 in der Fachserie 3, Reihe 2.1.3 – Land- und Forstwirtschaft, Fischerei, Viehhaltung der Betriebe Agrarstrukturerhebung 2016, unter Artikelnummer: 2030213169005 vom Statistischen Bundesamt veröffentlicht.

Langzeitentwicklung des Viehbestandes

Die Darstellung der Langzeitentwicklung des Viehbestandes beruht auf Daten des Statistischen Bundesamtes und wurde den Statistiken und Datentabellen der Fachserie 3, Reihe 4.1 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei – Viehbestand 3. November 2018, entnommen (Erscheinungsfolge: jährlich, erschienen am 27. Februar 2019, Artikelnummer: 2030410185325 Herausgeber: Statistisches Bundesamt, Wiesbaden).

Die seit dem Jahr 1990 zu beobachtende kontinuierliche Abnahme des Rinderbestandes (Abb. 1a) hat sich im Jahr 2018 gegenüber den Vorjahren fortgesetzt. Die Gesamtzahl gehaltener Rinder im Jahr 2018 hat um 1,2 % gegenüber dem Vorjahr abgenommen und liegt bei knapp 12 Mio. Tieren. Erstmals seit Beginn der Nutzung des Viehbestandsregisters für die Statistik im Jahr 2008 lag damit die Zahl der Rinder unter 12 Millionen. Ein Vergleich mit dem Jahr 2001 ergibt einen deutlichen Rückgang der Rinderzahlen um ca. 18,8 % oder etwa 2,6 Mio. Rinder (14,6 Mio. Rinder im Jahr 2001).
Allerdings sind diese Zahlenvergleiche mit gewissen Einschränkungen zu bewerten, da sich die Erfassungssysteme geändert haben und man seit dem Jahr 2008 die Erhebung der Zahlen für den Rinderbestand aus den Meldungen in der HI-Tier Rinderdatenbank (Halterbestände) bezieht.
In der Rückschau zeigt sich, dass es einen Trend zu größeren Milchkuhbeständen gibt und gleichzeitig die Zahl der Milchkuhhaltungen insgesamt abnimmt. Während es 2010 durchschnittlich 45 Milchkühe pro Halter in Deutschland gab, sind es aktuell etwa 86 Tiere.

Der Schweinebestand (Abb. 1a) betrug bei der Novemberzählung des Jahres 2018 26,4 Mio. Tiere (ohne Stadtstaaten). Im Vergleich zum Vorjahr (27,6 Mio. Schweine) ist das zwar eine leichte Abnahme, tatsächlich wird jedoch lediglich wieder das Niveau aus dem Vorvorjahr erreicht. Insgesamt bleiben die Zahlen seit Jahren auf ähnlichem Niveau (zum Vergleich: im Jahr 2001 betrug der Schweinebestand 25,8 Mio. Tiere).
Eine ausführliche Darstellung der Schweinebestandszahlen der einzelnen Bundesländer bietet die Tabelle 3.



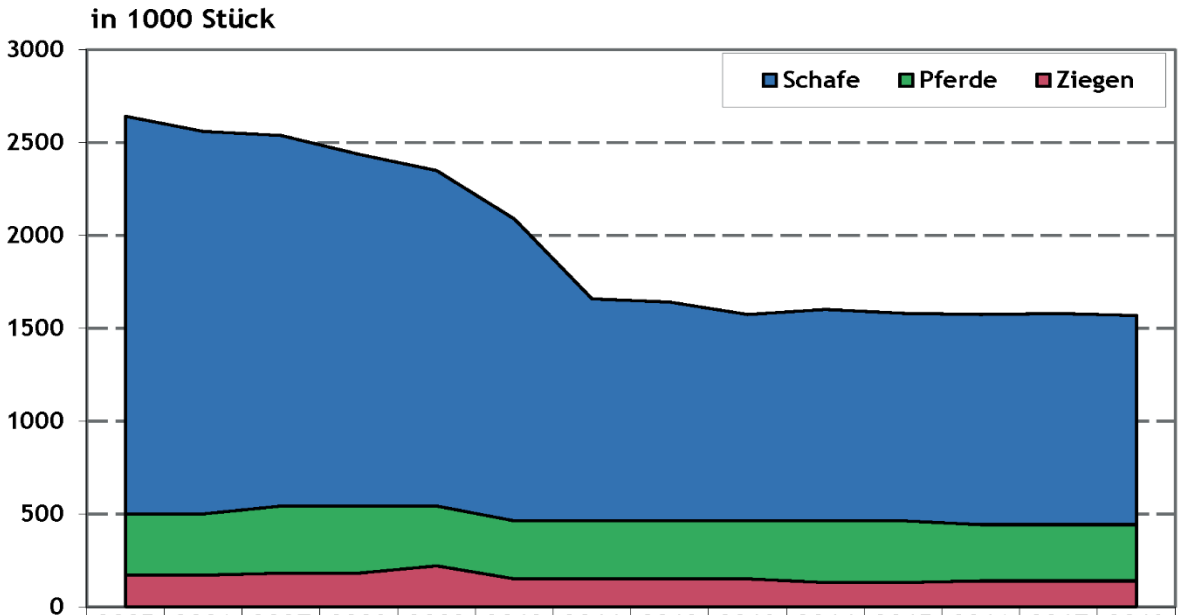
	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Schweine	25784	26103	26334	25659	26858	26521	27125	26687	26948	26510	27402	28333	28133	28339	27652	27376	27577	26445
Rinder	14603	13988	13644	13196	13035	12748	12687	12970	12897	12602	12480	12535	12686	12742	12635	12466	12281	11949

Abb. 1a: Langzeitentwicklung im Viehbestand Deutschlands für Rinder und Schweine
Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2018

Für Pferde (Abb. 1b) sind im Berichtszeitraum keine Daten erhoben worden. Die letzten aktualisierten Zahlen stammen aus der ASE vom 1. März 2016. Damals wurden 441.954 Pferde gezählt. Die letzten davor verfügbaren Zahlen stammen aus der ASE vom 1. März 2013. Es wurden 461.300 Pferde erfasst.

Die Anzahl der Pferdehaltungen beträgt demnach 42.145 in der ASE 2016 (46.300 in der ASE 2013). Bei statistischen Erhebungen zur Pferdehaltung werden ausschließlich in landwirtschaftlichen Betrieben gehaltene Pferde erfasst. Klein- und Hobbyhaltungen gehen nicht in die Erhebung ein. Deshalb ist mit einer sehr großen Dunkelziffer nicht erfasster Pferde mindestens im Größenordnungsbereich der erhobenen Bestandszahlen zu rechnen. Bestandschätzungen für die Pferdepopulation Deutschlands liegen seit dem Jahr 2007 bei ca. einer Million Pferde.

Bei der Schafpopulation (Abb. 1b) wurden im Jahr 2016 bei der Novembererhebung 1,58 Mio. Schafe erfasst (hier fehlen jedoch die Angaben für die Stadtstaaten). Gegenüber dem Vorjahreswert (1,57 Mio.) ist dies ein marginaler Anstieg. Legt man die Zahlen aus der LZ 2010 zu Grunde, damals wurden 2,09 Mio. Schafe in Deutschland gehalten, so ist dies ein deutlicher Rückgang um über 24 %. Ein Vergleich der aktuellen Zahlen mit denen der letzten Erfassung im Jahr 2009 (2,44 Mio.) lässt eine noch wesentlich größere Abnahme erkennen (über 35 %). Genauere Angaben zur Schafpopulation der Bundesländer sind in der Tabelle 4 wiedergegeben.



	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Schafe	2642	2560	2538	2437	2350	2089	1658	1641	1574	1601	1580	1574	1579	1569
Pferde	500		542			462							442	
Ziegen	170		180		220	150			150	130			139	

Abb. *1b:* *Langzeitentwicklung des Pferde-, Schaf- und Ziegenbestands in Deutschland*
Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2018 sowie Fachserie 3, Reihe 2.1.3, 2017

Für den Ziegenbestand wurden im Berichtszeitraum keine aktuellen Zahlen erhoben. Bei der Agrarstrukturerhebung im März 2016 betrug der Ziegenbestand 138.810 Ziegen (130.200 Tiere nach der ASE 2013) (Abb. 1 b).

Beim Geflügel (Abb. 2) beruhen die letzten Zahlen ebenfalls auf der Agrarstrukturerhebung im März 2016. Bei der ASE ist zu bedenken, dass die Daten nur auf einer Stichprobenerhebung von 80.000 Betrieben beruhen. Nach der ASE 2016 betrug der Geflügelbestand am 1. März 2016 insgesamt 184,125 Mio. gehaltene Hühner (160,773 Mio./ASE 2013), davon waren 58,679 Mio. Legehennen (47,987 Mio./ASE 2013) und 109,804 Mio. Masthähnchen (97,146 Mio./ ASE 2013). Weiterhin wurden 500.981 Gänse (544.200/ASE 2013), 3,043 Mio. Enten (2,760 Mio./ASE 2013) und 13,352 Mio. Puten (13,256 Mio./ ASE 2013) gehalten.

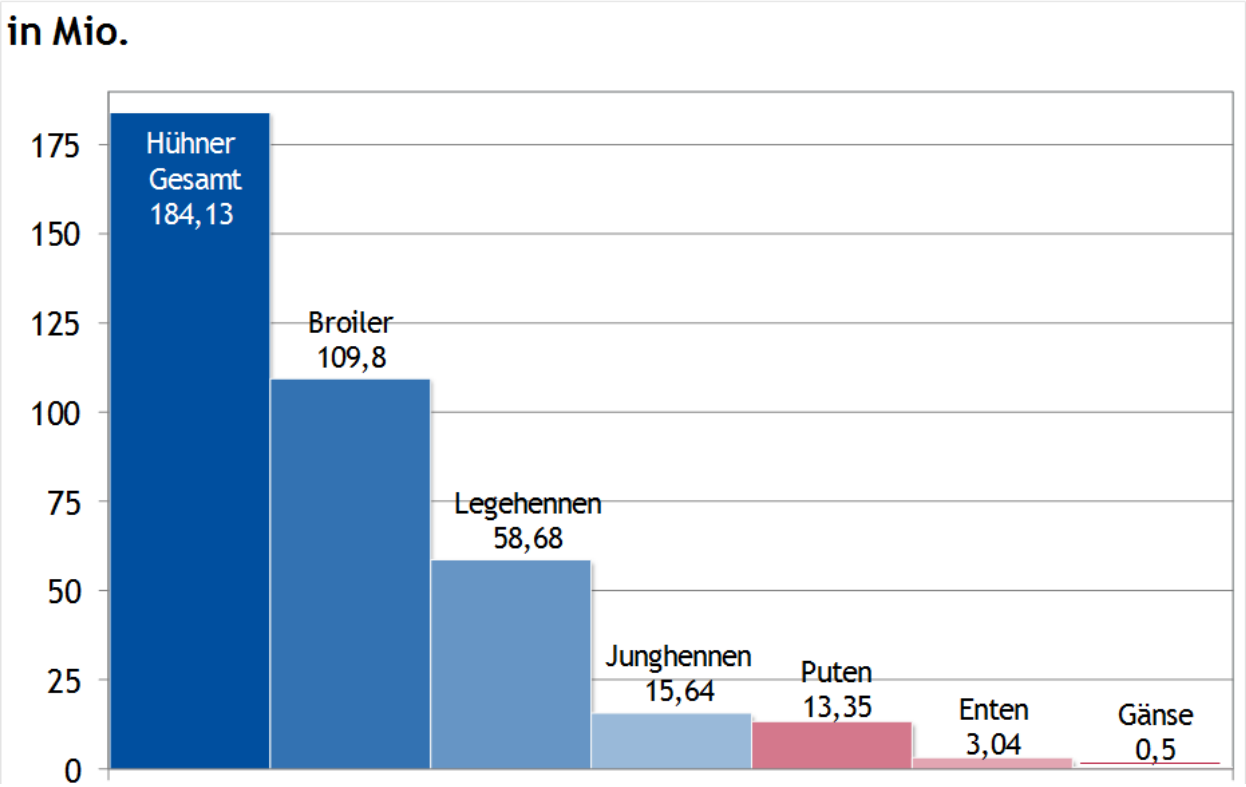


Abb. 2: Geflügelbestand nach Nutzungsrichtung
Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 2.1.3, 2017

Tabelle 1: Anzahl Rinderhalter Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen am 3. November 2018

Bundesland	Anzahl Rinderhalter in genannten Größenklassen							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥ 500
Baden-Württemberg	15 798	3 774	2 592	3 654	2 616	2 163	941	58
Bayern	44 493	6 359	5 279	11 061	11 080	8 438	2 204	72
Berlin	34	15	5	8	5	1	-	-
Brandenburg	4 210	1 887	493	481	366	296	387	300
Bremen	87	13	10	12	15	22	14	1
Hamburg	97	22	24	18	18	7	7	1
Hessen	8 234	2 262	1 594	2 060	1 082	764	436	36
Mecklenburg-Vorpommern	3 220	1 357	363	374	239	235	346	306
Niedersachsen	20 296	4 013	2 027	3 065	2 808	3 781	3 964	638
Nordrhein-Westfalen	16 629	4 101	2 204	3 231	2 485	2 600	1 773	235
Rheinland-Pfalz	4 845	1 185	727	1 063	760	704	375	31
Saarland	676	211	76	148	91	91	55	4
Sachsen	6 651	3 781	905	721	342	351	304	247
Sachsen-Anhalt	2 958	1 490	322	303	191	190	264	198
Schleswig-Holstein	7 308	1 380	721	991	833	1 323	1 753	307
Thüringen	4 076	2 384	567	368	190	172	207	188
Deutschland	**139 612**	**34 234**	**17 909**	**27 558**	**23 121**	**21 138**	**13 030**	**2 622**

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2018

Tabelle 2: Anzahl Rinder Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen in 1000 Tieren am 3. November 2018

Bundesland	Anzahl Rinder in genannten Größenklassen							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥ 500
Baden-Württemberg	957	19	36	119	185	305	256	36
Bayern	3 074	32	75	372	791	1 169	587	49
Berlin	1	-	0	0	0	-	-	-
Brandenburg	519	7	7	15	26	43	126	296
Bremen	9	-	0	0	1	3	4	-
Hamburg	6	0	0	1	1	-	2	-
Hessen	427	11	22	64	76	108	121	24
Mecklenburg-Vorpommern	497	5	5	12	17	34	112	312
Niedersachsen	2 542	18	28	101	203	554	1 172	466
Nordrhein-Westfalen	1 382	19	31	104	178	370	520	160
Rheinland-Pfalz	333	6	10	34	55	100	107	21
Saarland	44	-	1	5	6	13	16	-
Sachsen	469	14	12	22	24	49	99	249
Sachsen-Anhalt	325	5	4	10	14	27	87	178
Schleswig-Holstein	1 050	6	10	32	60	197	534	211
Thüringen	314	9	8	11	14	25	68	180
Deutschland	**11 949**	**152**	**251**	**902**	**1 650**	**2 999**	**3 810**	**2 186**

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2018

Tabelle 3: Anzahl Schweine insgesamt, Zuchtsauen, Ferkel und Mastschweine einschl. Jungschweine und Eber nach Bundesländern (in 1.000 Stück) am 3. November 2018 (ohne Stadtstaaten)

Bundesland	Schweine insgesamt	Ferkel	Zucht-schweine	Mast-schweine
Baden-Württemberg	1 698,9	149,7	649,4	612,4
Bayern	3 195,2	221,2	1 542,0	850,2
Brandenburg	751,7	99,8	205,4	300,5
Hessen	539,4	36,0	257,4	144,4
Mecklenburg-Vorpommern	832,5	90,5	257,6	281,0
Niedersachsen	8 366,5	471,3	4 129,7	2 160,5
Nordrhein-Westfalen	6 955,8	404,1	3 420,0	1 857,5
Rheinland-Pfalz	155,5	10,2	77,0	39,6
Saarland	2,9	0,1	1,9	0,4
Sachsen	669,5	70,7	187,1	265,2
Sachsen-Anhalt	1 125,2	127,0	287,4	475,4
Schleswig-Holstein	1 414,3	86,0	670,6	346,2
Thüringen	738,0	88,4	184,8	338,3
Deutschland	**26 445,4**	**1 854,9**	**11 870,2**	**7 671,6**

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2018

Tabelle 4: Anzahl Schafe insgesamt, davon zur Zucht benutzte weibliche Schafe einschließlich gedeckte Jährlinge (in 1.000 Stück) am 3. November 2018 (ohne Stadtstaaten)

Bundesland	Schafe insgesamt	davon: weibliche Zuchtschafe einschl. gedeckte Jungschafe	
		Milchschafe	andere Mutterschafe
Baden-Württemberg	220,2	2,6	151,0
Bayern	263,8	2,5	179,1
Brandenburg	66,9	0,4	50,0
Hessen	106,3	0,7	74,6
Mecklenburg-Vorpommern	70,2	1,4	43,8
Niedersachsen	172,8	2,2	111,9
Nordrhein-Westfalen	139,7	1,1	96,9
Rheinland-Pfalz	71,7	0,3	49,6
Saarland	4,8	0,2	3,5
Sachsen	67,0	0,6	48,0
Sachsen-Anhalt	69,8	0,3	48,9
Schleswig-Holstein	197,4	0,7	136,5
Thüringen	119,5	0,4	91,8
Deutschland	**1 579,8**	**12,3**	**1 097,1**

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2018

Handelsverkehr

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

Innergemeinschaftliches Verbringen nach Deutschland

War in den Jahren 2005 bis 2006 eine kontinuierliche Zunahme der Anzahl innergemeinschaftlich nach Deutschland verbrachter Rinder zu verzeichnen, hat sich der Trend in den Folgejahren 2007 und 2008 umgekehrt. Seitdem ist ein Abwärtstrend der Verbringungen von Zucht- und Schlachtrindern in die Bundesrepublik zu beobachten. Der bisherige Tiefpunkt wurde im Jahr 2015 mit 64.082 Stück Vieh erreicht, jedoch im Jahr 2018 mit 52.625 Stück Vieh deutlich unterboten. Die absoluten Werte sind in Tabelle 5 dargestellt. Im Vergleich mit den frühen 2010er Jahren bleiben die Importe damit weiterhin auf niedrigem Niveau.
Aus insgesamt 14 Mitgliedsstaaten wurden Rinder innergemeinschaftlich nach Deutschland verbracht, wobei im Vergleichszeitraum der Jahre 2012 bis 2018 erhebliche Verschiebungen bei den Herkunftsländern zu verzeichnen waren. Die Hauptlieferländer im Jahr 2018 waren die Tschechische Republik, die Niederlande, Österreich, Luxemburg und Frankreich. Importe aus den Niederlanden haben gegenüber dem Vorjahr stark abgenommen und befinden sich wieder auf dem Niveau von 2016. Rückläufig sind Importe aus Frankreich und Lettland.

Tabelle 5: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz 2012- 2018 (Quelle: Eurostat)

Verbringungsländer	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Belgien	3.015	2.431	2.766	1.464	1.296	806	1.340
Bulgarien	0	0	3	0	0	150	0
Dänemark	3.056	1.305	10.160	1.373	141	566	359
Estland	2.758	29	1.004	3.907	3.085	1.175	0
Frankreich	8.253	8.016	8.173	7.023	7.769	8.538	4.901
Irland	128	1	3.976	889	12	64	49
Italien	3.227	1.665	259	365	88	3	0
Kroatien	0	0	0	0	13	0	0
Lettland	997	1.342	1.274	1.208	1.591	1.555	356
Litauen	4.351	4.317	2.005	3.107	1.198	325	0
Luxemburg	7.204	6.029	5.844	5.646	5.401	5.363	5.495
Niederlande	17.317	17.526	12.920	6.289	13.552	24.783	12.203
Österreich	24.330	20.354	17.621	11.343	7.083	5.448	5.683
Polen	594	1.993	2.559	845	591	83	62
Rumänien	2.451	725	148	605	799	86	25
Schweiz	55	25	30	27	78	22	32
Slowakei	338	223	393	229	129	62	0
Slowenien	0	257	248	25	0	0	0
Spanien	1.901	0	1.591	229	476	0	0
Tschechische Republik	17.645	26.269	21.377	18.488	23.962	25.947	21.282
Ungarn	133	891	364	0	0	897	708
Vereinigtes Königreich	5	273	937	1.020	537	540	130
Gesamtverbringung Rinder	**97.758**	**93.671**	**93.652**	**64.082**	**67.801**	**76.391**	**52.625**

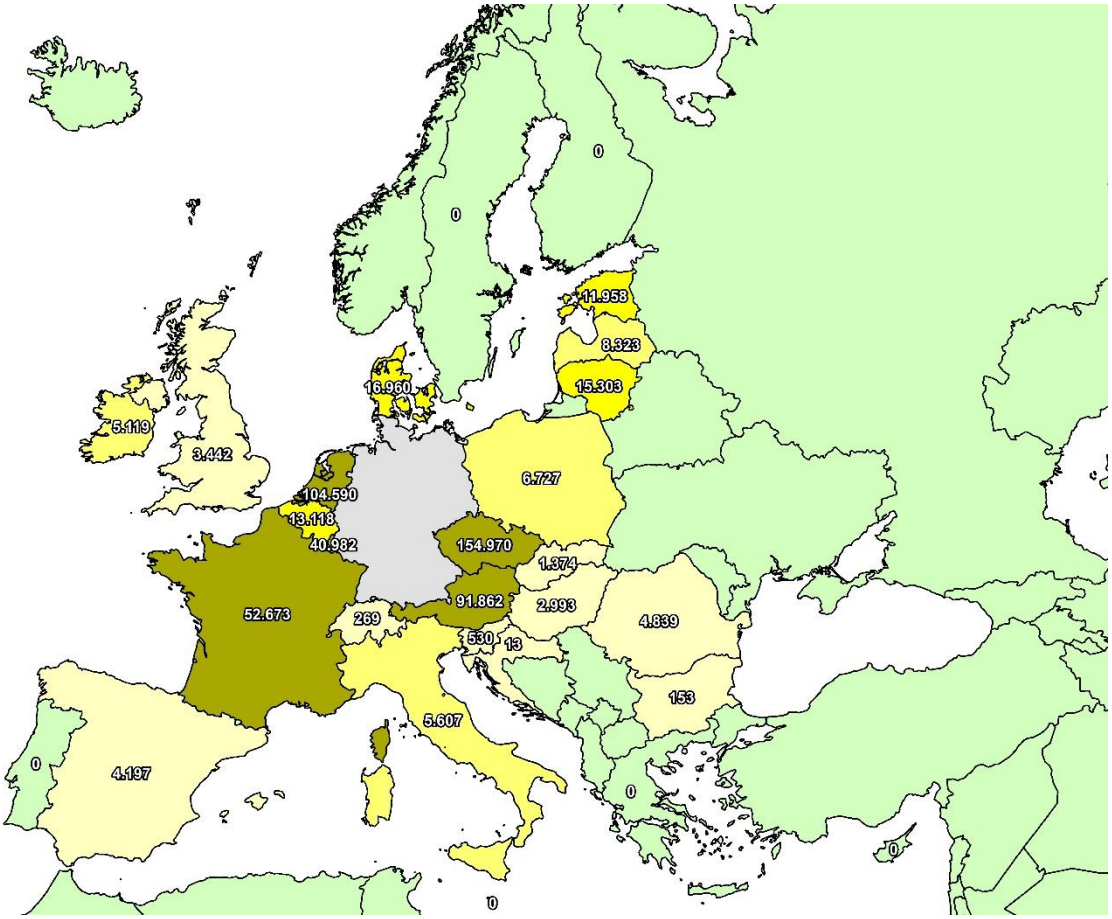


Abb. 3: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz in Stück Vieh 2012 – 2018 (Quelle: Eurostat)

Innergemeinschaftliches Verbringen aus Deutschland und Exporte in Drittstaaten

Beim Verbringen von Schlacht- und Zuchtrindern aus Deutschland in EU-Mitgliedsstaaten und die Schweiz bestätigt sich der letztjährige Höchststand. Das Allzeithoch aus dem letzten Jahr wurde in 2018 nicht ganz erreicht, aber seit 2014 bewegen sich die Verbringungen auf einem deutlich gestiegenen Niveau. Deutschland verbrachte innergemeinschaftlich im Jahr 2018 Rinder in 23 EU-Mitgliedsländer, nur nach Finnland, Slowenien, Malta und Zypern wurden keine Verbringungen durchgeführt. Die Verbringungen in das Nicht-EU-Land Schweiz stagnieren auf niedrigem Niveau. Die Niederlande sind der Hauptempfänger für deutsche Rinder, gefolgt mit großem Abstand von Spanien, Belgien, Italien und Polen (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz 2012 - 2018 (Quelle: Eurostat)

Verbringungsländer	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
BELGIEN	18.634	18.244	42.179	44.597	30.034	47.572	61.622
BULGARIEN	232	193	710	251	744	3.331	682
DÄNEMARK	37	69	16	45	21	39	29
ESTLAND	28	13	36	538	1.440	864	467
FRANKREICH	14.095	16.872	8.805	422	6.330	227	2.833
GRIECHENLAND	277	480	1.249	825	605	524	608
IRLAND	1.578	177	485	359	205	683	321
ITALIEN	27.037	17.011	26.706	22.750	25.390	21.967	21.015
KROATIEN*	-	663	42	835	292	698	714
LETTLAND	594	1.096	786	245	1.077	1.563	1.125
LITAUEN	213	203	75	236	110	27	79
LUXEMBURG	2.459	2.240	1.653	1.462	2.086	1.959	2.309
MALTA	0	0	0	0	1	0	0
NIEDERLANDE	432.032	472.705	539.565	572.239	576.229	589.500	579.590
ÖSTERREICH	94	1.484	2.242	969	1.530	11.092	7.829
POLEN	4.421	6.008	11.659	16.791	14.673	14.131	10.711
PORTUGAL	115	0	372	68	74	68	34
RUMÄNIEN	489	1.631	2.586	2.029	3.221	2.816	3.077
SCHWEDEN	17	0	6	1	0	0	1
SCHWEIZ	142	321	154	209	302	203	277
SLOWAKEI	98	0	4	17	0	556	63
SLOWENIEN	67	2	215	1	14	105	0
SPANIEN	30.839	47.701	65.532	65.166	71.778	69.525	66.558
TSCHECHISCHE REPUBLIK	1.927	809	467	392	205	625	240
UNGARN	2.298	3.645	11.338	21.796	19.910	13.558	8.742
VEREINGTES KÖNIGREICH	3.188	4.383	7.064	3.470	4.443	2.945	3.677
ZYPERN	30	0	0	0	99	98	0
Gesamtverbringung Rinder	**477.011**	**595.950**	**723.946**	**755.713**	**760.813**	**784.473**	**772.603**

**Kroatien ist seit Juli 2013 EU-Mitglied*

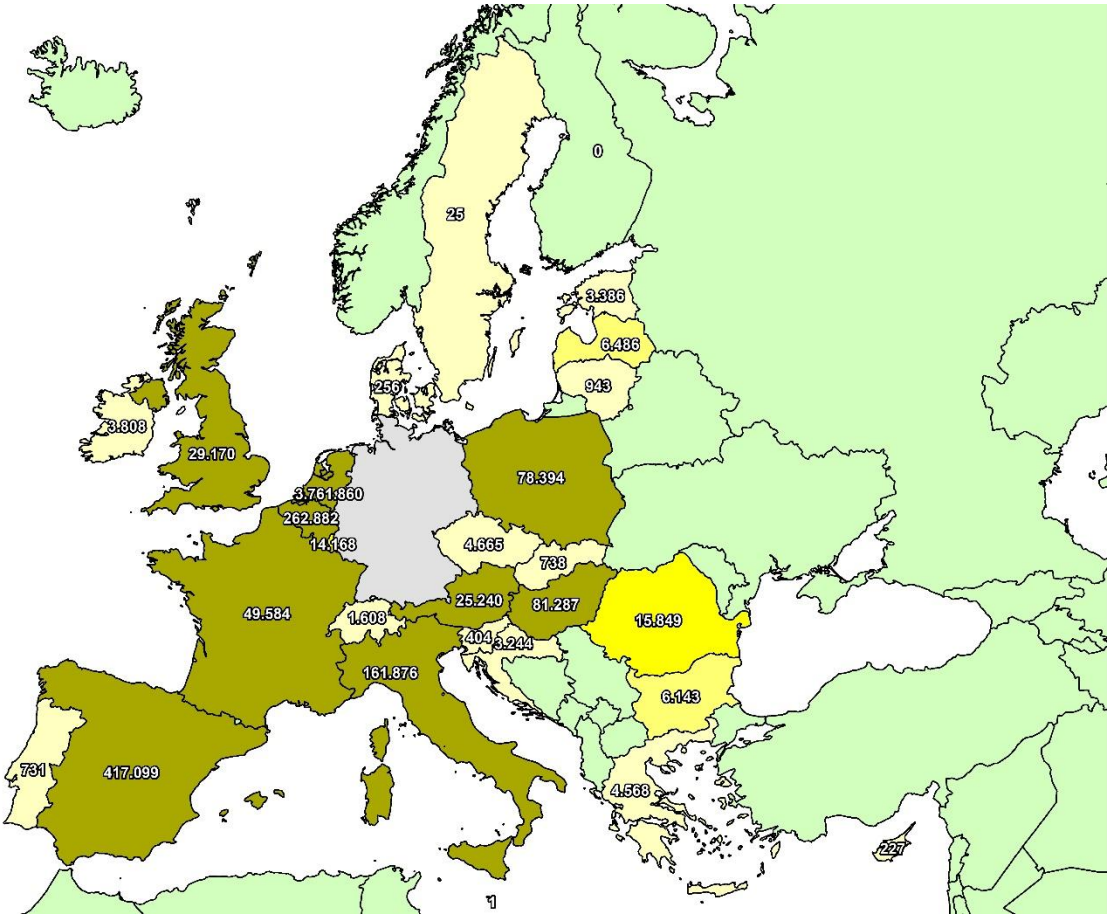


Abb. 4: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz in Stück Vieh 2012 – 2018 (Quelle: Eurostat)

In den Jahren 2012 bis 2018 exportierte Deutschland Rinder in 42 Drittstaaten, wie die Daten von EUROSTAT zeigen. Im Berichtsjahr 2018 wurden Rinder in 26 Drittstaaten ausgeführt. Mit insgesamt 68.515 Tieren wurde der Vorjahreswert deutlich unterschritten und wieder das Niveau von 2016 erreicht. Die wichtigsten Empfängerländer waren die Russische Föderation, die Türkei, Usbekistan und Marokko. Auffällig ist der abermalige starke Anstieg von Rinderexporten in die Russische Föderation. Über den Beobachtungszeitraum von 2012 bis 2018 zeigen sich für die Zahlen der einzelnen Länder starke Schwankungen.

Tabelle 7: Rinderexporte aus Deutschland in Drittländer 2012 - 2018 (Quelle: Eurostat)

AUSFUHR DRITTLÄNDER	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
ÄGYPTEN	1.432	1.412	529	2.865	2.146	986	750
ALBANIEN	66	0	66	0	0	33	96
ALGERIEN	8.786	12.244	5.371	3.986	2.457	567	3.122
ARMENIEN	90	634	65	322	0	124	0
ASERBAIDSCHAN	2.923	559	929	4.872	1.607	2.137	2.956
BOSNIEN-HERZEGOWINA	332	450	150	2.260	43	0	0
BURUNDI	102	0	0	0	0	0	0
EH. REP. JUGOSL. MAZEDONIEN	0	192	615	195	0	0	0
ERITREA	0	0	0	0	0	660	310
GEORGIEN	0	65	91	130	128	0	164
INDIEN	0	0	0	76	0	0	0
INDONESIEN	0	0	2	0	0	0	0
IRAK	0	0	0	165	0	331	446
IRAN	0	0	3	0	4	0	0
JORDANIEN	0	0	0	2.048	0	1.856	0
KASACHSTAN	0	0	0	0	1024	1.220	2.845
KATAR	0	0	0	0	0	330	10
KIRGISTAN	0	0	0	86	0	0	0
KOSOVO	0	163	300	238	360	300	119
KUWAIT	2.886	2.259	1.944	1.849	596	1.319	713
LIBANON	2.359	3.550	8.931	6.989	11.144	4.485	980
LIBYEN	1.852	293	248	98	292	426	33
MAROKKO	4.584	4.897	7.845	1.724	6.881	5.180	5.738
MONGOLEI	0	0	94	0	0	60	0
MAURETANIEN	0	33	0	0	0	33	0
MAZEDONIEN	0	0	615	195	0	0	0
MOLDAWIEN	0	93	475	365	134	193	118
MONTENEGRO	82	28	113	10	136	40	110
NIGERIA	0	0	155	0	0	0	0
NORWEGEN	0	0	20	0	0	0	0
RUSSICHE FÖDERATION	773	937	8.116	4.634	7.730	17.923	21.164
SERBIEN	2.114	22	145	189	232	45	151
SUDAN	250	0	0	0	0	0	0
SYRIEN	0	0	0	0	0	2.079	1.545
TADSCHIKISTAN	0	0	0	0	245	0	365
TUNESIEN	244	1.091	294	558	128	65	515
TÜRKEI	9.295	3.146	7.595	22.610	29.368	30.230	15.450
TURKMENISTAN	0	0	0	516	545	1.714	1.192
UKRAINE	255	38	61	35	407	951	1.101
USBEKISTAN	0	1.599	4.014	4.617	4.554	6.865	8.321
VEREINIGTE ARAB. EMIRATE	1.218	0	495	0	0	656	0
WEISSRUSSLAND	0	0	0	0	0	39	201
GESAMT AUSFUHR	**39.643**	**33.705**	**48.833**	**61.632**	**70.161**	**81.050**	**68.515**

Kapitel 4 Fallstatistiken

Vorkommen von anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2018

Homeier-Bachmann, T.

Anzeigepflichtige Tierseuchen

Einführung

Die Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen umfasste im Berichtszeitraum 2018 insgesamt 54 Tierseuchen (Verkündigungsstand 3. Mai 2016), wovon 23 noch nie in Deutschland aufgetreten sind. Im Jahr 2018 wurden Neuausbrüche von 18 anzeigepflichtigen Tierseuchen im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) dokumentiert (Tabellen 1 und 2).

Die Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen liegt auf dem Niveau der letzten Jahre. Bei der Zahl der BVD-Ausbrüche setzt sich der Abwärtstrend fort, wenn auch in abgeschwächter Form. Erstmals sind West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd aufgetreten. Wiederfestgestellt wurde die Blauzungenkrankheit.

Aviäre Influenza

Im Jahr 2018 wurden im Rahmen des routinemäßigen Wildvogel- und Geflügelmonitorings 618 Geflügelhaltungen (Vorjahr: 635) und 5.869 Wildvögel (passives Monitoring 1.757 und aktives Monitoring 4.112)(Vorjahr: 13.217) untersucht.

a) Hochpathogene aviäre Influenza (HPAI)

Lediglich zwei Geflügelhaltungen waren 2018 von einer Infektion mit hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV) des Subtyps H5, Klade 2.3.4.4b betroffen (Tabelle 1). Es handelte sich um Viren des Subtyps H5N6, der bereits vereinzelt bei Wildvögeln in Deutschland seit 2017 angetroffen wurde und als Reassortante der 2016/17 massiv in Erscheinung getretenen Viren des Subtyps H5N8 charakterisiert werden konnte (Globig *et al.*, 2018; Pohlmann *et al.*, 2018). In beiden Fällen waren Freiland-Kleinhaltungen mit 73 bzw. 133 Stück Geflügel betroffen. Als wahrscheinlichste Eintragsquelle gelten virusinfizierte Wildvögel. Die unverzügliche Tilgung der Bestände verhinderte effektiv eine weitere Virusausbreitung.

Weiterhin konnte in drei Fällen bei Wildvögeln (Greifvogel, Storch und Wildente) HPAIV vom Subtyp H5 nachgewiesen werden.

b) Niedrigpathogene aviäre Influenza (NPAI)

Akute Infektionen mit anzeigepflichtigen AIV niedriger Pathogenität (LPAIV) wurden 2018 bei gehaltenen Vögeln in Deutschland nicht nachgewiesen (Tabelle 1).

Afrikanische und Klassische Schweinepest

Entsprechend der Schweinepest-Monitoring-Verordnung zur Früherkennung der Afrikanischen und Klassischen Schweinepest wurden im Jahr 2018 69.330 gesund erlegte Wildschweine serologisch sowie 2.839 verendet aufgefundene und 691 krank erlegte Wildschweine virologisch mit negativem Ergebnis auf Klassische Schweinepest untersucht. Ebenfalls mit negativem Ergebnis wurden 41.054 Hausschweine auf Klassische Schweinepest untersucht.

Virologisch auf Afrikanische Schweinepest wurden 2.833 verendet aufgefundene sowie 701 krank erlegte Wildschweine ebenfalls mit negativem Ergebnis untersucht.

West-Nil-Virus-Infektion bei Vogel oder Pferd

Im Jahr 2018 kam es estmals zu Fällen von West-Nil-Virus-Infektion bei Vogel und Pferd. Insgesamt waren zehn Vögel (u. a. Habicht und Bartkauz) in fünf Bundesländern (Sachsen-Anhalt (n = 5), Berlin (n = 2), Mecklenburg-Vorpommern (n = 1), Sachsen (n = 1) und Bayern (n = 1)) betroffen. Weiterhin konnte die Infektion bei zwei Pferden in zwei Bundesländern (Sachsen-Anhalt und Brandenburg) festgestellt werden.

BHV1-Infektion (Stand der Sanierung)

Im Jahr 2017 haben die letzten Gebiete (die nordrhein-westfälischen Regierungsbezirke Düsseldorf und Köln sowie die Länder Schleswig-Holstein und Hamburg) den Status nach Artikel 10 der Richtlinie 64/432/EWG erlangt, sodass die Bundesrepublik nunmehr ingesamt als frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis anerkannt ist.

Im Jahr 2018 wurde dennoch in zehn Fällen (Schleswig-Holstein (n = 1), Nordrhein-Westfalen (n = 3), Niedersachsen (n = 5) und Mecklenburg-Vorpommern (n = 1)) der Ausbruch und in weiteren 26 Fällen der Verdacht (Rheinland-Pfalz (n = 2), Nordrhein-Westfalen (n = 20), Hessen (n = 4)) amtlich festgestellt.

Blauzungenkrankheit

Im Jahr 2018 wurden im Rahmen des nationalen Überwachungsprogrammes 14.525 Rinder, Schafe und Ziegen auf BTV geltend gemacht und untersucht (Vorjahr: 16.995). Es wurde ein Fall von BTV-8 in Baden-Württemberg festgestellt.

Tollwut

Zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status gemäß den OIE-Kriterien wurden im Jahr 2018 bundesweit insgesamt 3.340 Tiere (davon 2.053 Füchse) mit negativem Ergebnis auf Tollwut (Rabies Virus, RABV) getestet.

Daneben wurden insgesamt 17 Fledermaustollwutfälle aus den Bundesländern Berlin (n = 1), Brandenburg (n = 4), Mecklenburg-Vorpommern (n = 1), Niedersachsen (n = 8), Nordrhein-Westfalen (n = 1), Saarland (n = 1) und Schleswig-Holstein (n = 1) gemeldet. Bei allen Fällen konnte mittels Sequenzierung EBLV-1 als Erreger identifiziert werden.

Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (TSE)

Scrapie bei Schaf und Ziege

Im Rahmen des TSE-Überwachungsprogramms gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurden im Jahr 2018 19.949 Schafe (Vorjahr: 19.248) und 2.141 Ziegen getestet (Vorjahr: 1.875). Es wurden vier Ausbrüche atypischer Scrapie in vier Bundesländern amtlich festgestellt (Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, Hessen und Baden-Württemberg).

Bovine Spongiforme Enzephalopathie beim Rind (BSE)

Basierend auf der Untersuchung von 172.230 Rindern (Vorjahr: 154.992) gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurde im Jahr 2018 kein BSE-Fall diagnostiziert.

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

Tabelle 1: Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen in den Jahren 2009 - 2018 gemäß TSN (Stand: 03.06.2019)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Amerikanische Faulbrut	164	193	206	268	229	266	150	174	159	136
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	5	27	5	12	-	2	5	-	14	1
Aujeszkysche Krankheit*	4	3	-	-	-	1	3	2	4	5
Blauzungenkrankheit	145	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Bovine Herpesvirus Typ-1-Infektion (alle Formen)	42	40	31	26	14	19	22	20	14	11
Bovine Virus Diarrhoe	1585	5374	8651	4395	2222	1068	562	338	142	129
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	3	-	1	-	-	1	4	1	3	1
Enzootische Leukose der Rinder	4	1	2	3	2	-	-	-	-	-
Geflügelpest (HPAI)	7	-	-	-		3	4	613	738	5
Infektiöse Hämatopoetische Nekrose der Salmoniden	6	5	9	6	5	16	21	5	5	10
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	109	107	76	73	70	49	68	60	158	94
Milzbrand	2	-	-	1	-	1	-	-	-	-
Newcastle Krankheit	-	2	-	-	1	-	-	-	-	-
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel		3	23	3	10	2	3	11	3	-
Rauschbrand	14	22	13	10	6	6	3	7	9	6
Salmonellose der Rinder	84	98	111	102	77	70	66	101	109	98
Klassische Schweinepest	52	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Tollwut	5	6	11	14	10	7	13	23	15	17
Transmissible Spongiforme Enzepha-lo-pathie (alle Formen)	14	13	19	8	7	13	11	5	5	4
Tuberkulose der Rinder (*Mykobakte-rium bovis* und *Mykobakterium caprae*)	23	11	5	23	46	13	12	2	3	6
Vibrionenseuche der Rinder	6	-	1	3	3	2	2	-	-	1
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	36	24	22	12	12	19	24	27	32	35
West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd	-	-	-	-	-	-	-	-	-	12

*gemeldete Fälle genügen aufgrund der Wildtierassoziation nicht der Falldefinition

Tabelle 2: Monatliche Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen im Jahr 2018 gemäß TSN (Stand: 04.12.2019)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Ges
Amerikanische Faulbrut	4	1	3	9	23	35	23	11	9	9	6	3	**136**
Ansteckende Blutarmut der Einhufer				1									**1**
Aujeszkysche Krankheit	2	1									1	1	**5**
Blauzungenkrankheit												1	**1**
Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)	3		2	2						1	1	1	**10**
Bovine Virus Diarrhoe	11	11	9	8	14	9	8	6	11	14	16	9	**126**
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen												1	**1**
Geflügelpest	1				3				1				**5**
Infektiöse Hämatopoetische Nekrose der Salmoniden		2					1	5	1	1			**10**
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	2		2	2	6	19	26	17	9	5	3	3	**94**
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel		1											**1**
Rauschbrand	1					1	2	1	1				**6**
Salmonellose der Rinder	11	2	8	6	5	11	8	9	12	9	11	6	**98**
Tollwut	2	2			2		2	7	1	2			**18**
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)				1				1	2				**4**
Tuberkulose der Rinder (*Mykobakterium bovis* und *Mykobakterium caprae*)	2	1	2				1						**6**
Vibrionenseuche der Rinder							1						**1**
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	11	4	4	5	2	1	1	1	2		3	1	**35**
West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd								1	9	2			**12**

Meldepflichtige Tierkrankheiten

Einführung

Gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (Verkündigungsstand 31. August 2015) unterlag im Jahr 2018 der diagnostische Nachweis von 23 Tierkrankheiten durch die untersuchenden Einrichtungen der Meldepflicht. Bis auf die Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines (TGE) wurden für alle Tierkrankheiten Nachweise in TSN erfasst.

Tabelle 3: Zusammenfassende Darstellung der meldepflichtigen Tierkrankheiten seit dem Jahr 2014 gemäß TSN (Stand: 04.12.2019)

Meldepflichtige Tierkrankheit	2014	2015	2016	2017	2018
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	24	15	22	45	25
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	678	889	1032	877	965
Chlamydiose	289	233	218	149	179
Echinokokkose	168	280	251	265	121
Equine Virus-Arteritis	7	18	7	7	8
Gumboro Krankheit	1	6	6	3	6
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	16	23	39	49	32
Leptospirose	88	106	121	102	75
Listeriose (Listeria monocytogenes)	141	215	218	197	153
Maedi/Visna	32	48	40	60	45
Mareksche Krankheit (akute Form)	56	92	80	74	58
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	-	10	10	10	2
Paratuberkulose	544	573	512	485	466
Q-Fieber	291	309	209	146	174
Salmonellose (*Salmonella spp* außer Rind)	1270	1603	1788	1828	2058
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	21	29	16	7	9
Schmallenberg-Virus-Infektion*	50	73	97	73	21
Toxoplasmose	27	17	16	14	11
Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines	1	0	2	2	0
Tuberkulose ausgenommen *Mycobacterium bovis* und *Mycobacterium caprae* bei Rindern	126	87	119	113	99
Tularämie	70	75	63	55	75
Verotoxin (= Shiga-Toxin)-bildende Escherichia coli	33	62	114	141	155
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	1	15	27	29	30

Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten

1. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen – American foulbrood

Schäfer, M. O.

Summary

With 133 affected apiaries in 2018, the number of outbreaks of American foulbrood (AFB) in Germany was below the average over the last 20 years (ø = 246). The agent, *Paenibacillus larvae*, is detected by microbiological and molecular biological methods.

Zusammenfassung

Die Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut (AFB) in Deutschland lag im Jahr 2018 mit 133 betroffenen Bienenständen unter dem Durchschnitt der letzten 20 Jahre (ø = 246). Der Erreger, *Paenibacillus larvae*, wird mit mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden nachgewiesen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchungen auf AFB werden in den einzelnen Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. von den beauftragten Untersuchungsstellen durchgeführt. Das nationale Referenzlabor (NRL) wird nur in einzelnen Fällen zur Absicherung des Befundes herangezogen. Die hierbei verwendeten mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ der OIE aufgeführt.

Statistische Angaben

In Deutschland werden von ca. 135.000 Imkern ca. 900.000 Bienenvölker gehalten. Die meisten Imker betreiben die Bienenzucht als Hobby oder im Nebenerwerb, nur sehr wenige sind Berufsimker. Die Zahl der Bienenstände, auf welchen die AFB ausgebrochen ist, ist mit 133 Neuausbrüchen im Jahr 2018 etwas niedriger als im Vorjahr (N = 159) und liegt damit deutlich unter dem Durchschnitt von 246 betroffenen Bienenständen der letzten 20 Jahre (Tab. 1). Die Hintergründe hierfür bleiben offen.

Staatliche Maßnahmen

Die Amerikanische Faulbrut ist eine anzeigepflichtige Tierseuche nach der Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen vom 19. Juli 2011 (BGBl. I S. 1404), die zuletzt durch Artikel 3 der Verordnung vom 3. Mai 2016 (BGBl. I S. 1057) geändert worden ist. Die AFB wird nach den Bestimmungen der Bienenseuchen-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 3. November 2004 (BGBl. I S. 2738), die zuletzt durch Artikel 7 der Verordnung vom 17. April 2014 (BGBl. I S. 388) geändert worden ist, in der jeweils geltenden Fassung staatlich bekämpft. Ein Ausbruch der Seuche liegt vor, wenn die AFB amtlich festgestellt worden ist. Hierfür ist neben einem Auftreten von klinischen Symptomen im Bienenvolk der Nachweis des Erregers *Paenibacillus larvae* im Labor erforderlich. Die klinischen Symptome der AFB können je nach Erregertyp und begleitenden Infektionen variieren. Je früher infizierte Larven sterben, desto wahrscheinlicher werden diese von Arbeiterinnen bemerkt und aus den Brutzellen ausgeräumt, wodurch ein lückiges Brutbild entsteht. Sterben die Larven erst nach der Verdeckelung der Brutzellen, wird in den Zellen in der Regel entweder eine breiige, milchkaffeebraun verfärbte, fadenziehende Masse vorgefunden oder der Zellinhalt ist zu einem fest an der Zellwand haftenden Faulbrutschorf eingetrocknet.

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen in Deutschland seit 1997 (TSN; Stichtag: 14.01.2019)

Jahr	Bienenstände	Jahr	Bienenstände
1997	483	2008	150
1998	480	2009	164
1999	419	2010	193
2000	445	2011	207
2001	287	2012	268
2002	398	2013	229
2003	268	2014	266
2004	260	2015	150
2005	309	2016	174
2006	174	2017	159
2007	257	2018	133

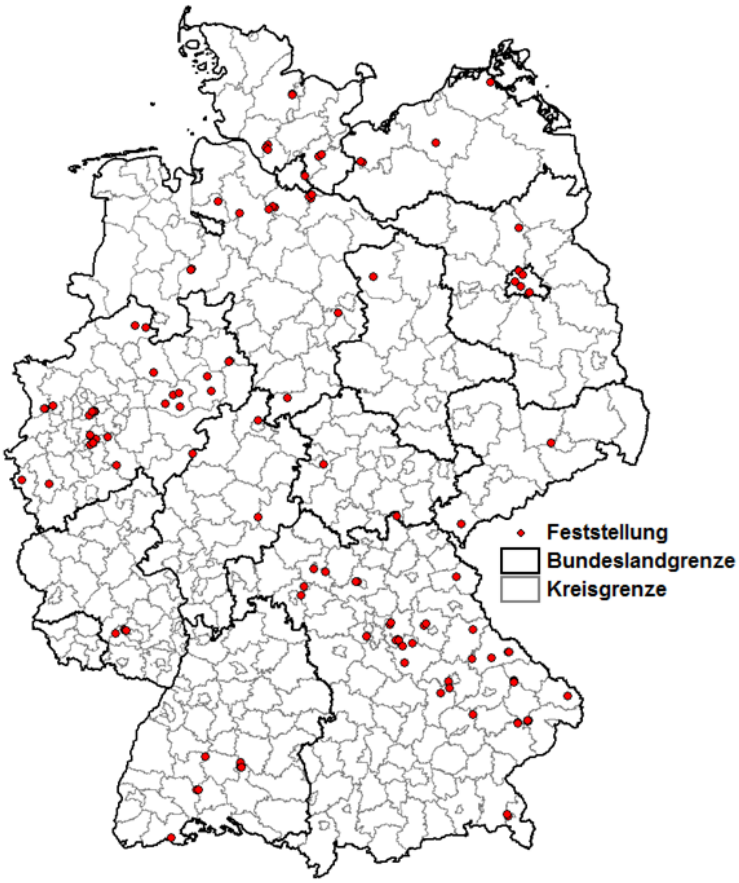


Abb. 1: Geografische Verteilung der im Jahr 2018 angezeigten Neuausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen (TSN; Stichtag: 25.10.2019)

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

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

Summary

Since 2003, Germany has been officially recognized as being free from terrestrial Aujeszky's disease (AD, pseudorabies (PR)) and has maintained this status in 2018 as no case of Aujeszky's disease was reported in domestic pigs. However, infection with pseudorabies was confirmed in four dogs in the districts of Neuss and Warendorf (Rhineland-Palatinate) as well as in Heidelberg and Main-Tauber-Kreis (Baden-Wuerttemberg). Also, a red fox from Oberspreewald-Lausitz (Brandenburg) tested positive for AD. Epidemiological tracing back and molecular characterization of the PrV strains revealed direct contact with infected wild boar as the source of infection. In Germany, like in many other European countries, highly adapted PrV variants are known to circulate in the wild boar population.

According to the OIE terrestrial code, the occurrence of PrV in wild boar does not affect the AD-free status in domestic pigs provided that adequate preventive measures are implemented to avoid transmission of PrV from wild boar to domestic pigs. Measures as laid down in the German national directive on pig sanitary measures (‚Schweinehaltungshygieneverordnung') and the national legislation on Aujeszky's disease have proven adequate to prevent spillover infections from wild baor to domestic pigs.

Zusammenfassung

Deutschland ist seit dem Jahr 2003 anerkannt frei von Aujeszkyscher Krankheit (AK). Der Nachweis der Freiheit und damit verbunden der offiziell anerkannte Status sind an serologische Untersuchungen bei Hausschweinen in Deutschland gekoppelt, die ausnahmslos negativ waren.

Dennoch wurden im Berichtszeitraum vier Fälle von AK bei Hunden aus den Landkreisen Neuss, Warendorf (Rheinland-Pfalz), Heidelberg und Main-Tauber-Kreis (Baden-Württemberg) bestätigt. Auch bei einem Fuchs aus dem Landkreis Oberspreewald-Lausitz (Brandenburg) wurde die AK labordiagnostisch bestätigt und amtlich festgestellt. Epidemiologische Nachfolgeuntersuchungen sowie molekularbiologische Charakterisierung der Virusisolate ergaben direkten Kontakt zu Schwarzwild als Infektionsquelle. In Deutschland wie in anderen europäischen Ländern auch zirkulieren hoch adaptierte PrV-Varianten in Schwarzwildpopulationen. Das Vorkommen von PrV im Schwarzwildbestand gefährdet den AK-freien Status der Hausschweinebestände nach den Kriterien des Terrestrial Animal Codes der OIE nicht.

Die in der Schweinhaltungshygieneverordnung und AK-VO dargelegten und zu implementierenden Sicherheitsmaßnahmen haben ein Übergreifen der Infektion auf Hausschweinebestände bislang wirkungsvoll verhindert.

3. Aviäre Influenza bei Geflügel und Wildvögeln - Avian Influenza in poultry and wild birds

Harder, T.

Summary

The turn of the year 2016/2017 was characterized by a massive spread of infections in wild birds and in poultry by highly pathogenic avian influenza viruses (HPAIV) of subtype H5N8, clade 2.3.4.4b. In April 2017, outbreaks ceased and only very few sporadic cases were detected since. This trend continued throughout 2018: Only three cases in wild birds and two poultry holdings were found to be HPAIV infected. In contrast to previous years, however, reassortant HPAIV of subtype H5N6, clade 2.3.4.4b, had caused those cases. Productive infections by AIV of subtype H5 of low pathogenicity occurred regularly in wild birds but were not reported from poultry in Germany in 2018. In contrast, infections of poultry, mainly turkeys, by non-notifiable H9Nx viruses were detected similar to previous years. A remarkable prevalence of H9 infections particularly in poultry in the Federal State of Lower Saxony was evident also in the poultry seromonitoring program. Sample numbers in the wild bird monitoring program developed regressively when compared to previous years and yielded roughly 1% of AIV-positive samples (n = 58).

Zusammenfassung

Der Jahreswechsel 2016/2017 war von einer massiven Ausbreitung von Infektionen mit hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV) des Subtyps H5N8, Klade 2.3.4.4b, in der Wildvogelpopulation wie auch bei Geflügel geprägt. Ab April 2017 kam dieses Infektionsgeschehen zum Erliegen, und es wurden nur noch sehr wenige sporadische Virusnachweise geführt. Dieser Trend setzte sich auch 2018 fort. Im Gegensatz zu den Vorjahren waren die insgesamt fünf Fälle von HPAIV-Infektionen (Wildvögel: 3; Geflügelbestände: 2) durch Reassortanten des Subtyps H5N6, Klade 2.3.4.4b, charakterisiert. Floride Infektionen mit aviären Influenzaviren des Subtyps H5 mit niedriger Pathogenität wurden 2018 mehrfach in Wildvögeln, jedoch nicht in Geflügelhaltungen nachgewiesen. Dagegen traten Infektionen mit H9Nx Viren, die weder anzeige- noch meldepflichtig sind, wie in den Vorjahren, überwiegend in Putenbeständen auf. Die erhebliche Prävalenz von H9-Infektionen besonders in Niedersachsen wurde auch im serologischen Monitoring von Geflügelbeständen deutlich. Bei stark rückläufiger Entwicklung der Probenzahlen des Wildvogelmonitorings wurden insgesamt etwa 1 % der Proben (n = 58) als AIV-positiv bewertet.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen bezüglich aviärer Influenza werden in den einzelnen Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern, jedoch auch von Privatlaboren im Bereich der Geflügelwirtschaft durchgeführt. Das nationale Referenzlabor (NRL) wird bei allen Verdachtsfällen und Nachweisen aviärer Influenzaviren bei Geflügel und Wildvögeln sowie bei Nachweisen von Antikörpern gegen anzeigepflichtige AIV (Subtypen H5, H7) bei Geflügel zur Absicherung und Erweiterung des Befundes hinzugezogen. Die eingesetzten Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung aufgeführt und entsprechen den Empfehlungen des europäischen Referenzlabors bzw. des EU-Diagnostikhandbuchs für aviäre Influenza (2006/437/EG). Kommerzielle Testkits bedürfen der Zulassung durch das FLI. Eine Liste der für AI zugelassenen Kits kann über die Homepage der Zulassungsstelle abgerufen werden (https://www.fli.de/fileadmin/FLI/Service/Zulassungsstelle/deutsch/02_d_Zul_Mittel.pdf).

Statistische Angaben

Als Teil der jährlichen, europaweiten Überwachung von AIV-Infektionen werden auch in Deutschland AI-Monitoringprogramme bei Wildvögeln (passiv, virologisch) und Geflügel (aktiv, serologisch) durchgeführt. Die Festlegung der Beprobungsdichte bezogen auf die Bundesländer sowie die Stratifizierung nach Geflügelnutzungsrichtung bzw. Wildvogelspezies erfolgt in einem risikobasierten Ansatz durch das FLI. Die Auswahl einzelner Geflügelbestände sowie die intiale Untersuchung der Proben obliegt den Bundesländern. Die ermittelten Daten werden im NRL gesammelt und in aggregierter Form (Geflügelmonitoring) bzw. gesondert für jede Einzelprobe (Wildvogeluntersuchungen) der EU gemeldet. Der Wert des Seromonitorings von Geflügelbeständen ergibt sich insbesondere bei Freitestung von Beständen in HPAI- und LPAI-Restriktionsgebieten. Daneben bleibt das Geflügelseromonitoring essentieller Bestandteil einer aktiven Surveillance von Geflügelbeständen in Bezug auf aviäre Influenza.

Epidemiologische Untersuchungen

Nachweis hochpathogener aviärer Influenza (HPAI) in Geflügel in Deutschland, 2018

Lediglich zwei Geflügelhaltungen waren 2018 von einer Infektion mit hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV) des Subtyps H5, Klade 2.3.4.4b, betroffen (Tabelle 1). Es handelte sich um Viren des Subtyps H5N6, der bereits vereinzelt bei Wildvögeln in Deutschland seit 2017 angetroffen wurde und als Reassortante der 2016/17 massiv in Erscheinung getretenen Viren des Subtyps H5N8 charakterisiert werden konnte (Globig *et al.*, 2018; Pohlmann *et al.*, 2018). In beiden Fällen waren Freiland-Kleinhaltungen mit 73 bzw. 133 Stück Geflügel betroffen. Als wahrscheinlichste Eintragsquelle gelten virusinfizierte Wildvögel. Die unverzügliche Tilgung der Bestände verhinderte effektiv eine weitere Virusausbreitung.

Tabelle 1: Anzeigepflichtige AI-Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2018

Bundesland	Influenzavirus	Pathotyp	Bestandsart	Anzahl Ausbrüche
Anzeigepflichtige HP				
Bayern	H5N6	HP	Wildvogel	1
Mecklenburg-Vorpommern	H5N6	HP	Geflügel	1
Niedersachsen	H5N6	HP	Wildvogel	1
Nordrhein-Westfalen	H5N6	HP	Wildvogel	1
Schleswig-Holstein	H5N6	HP	Geflügel	1
Gesamt				**5**
Anzeigepflichtige LP				
Gesamt				**0**
Nicht anzeigepflichtig				
Mecklenburg-Vorpommern	H11N9		Zoo	1
Keine Zuordnung	H9Nx		Geflügel	➢ 150

HP – hochpathogen; LP – niedrigpathogen (low pathogenic)

Quelle: TSN

LPAI-Infektionen bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2018

Akute Infektionen mit anzeigepflichtigen AIV niedriger Pathogenität (LPAIV) wurden 2018 bei gehaltenen Vögeln in Deutschland nicht nachgewiesen (Tabelle 1). Unverändert auffallend bleibt die hohe Inzidenz von H9Nx-Infektionen in Putenbeständen. Hierbei wurden 2018 neben H9N2- zunehmend auch H9N3- und H9N8-Viren nachgewiesen. Gesicherte epidemiologische Daten zu den H9N2-Ausbrüchen konnten nicht erhoben werden, da weder Anzeige- noch Meldepflicht für diese Infektionen bestehen.

Auf Antrag genehmigen betroffene Bundesländer Impfungen mit bestandseigenen (autogenen) H9Nx-Impfstoffen. Im Antragsverfahren fällt dem NRL AI dabei die Aufgabe zu, H9N2-Isolate, die als autogener Impfstoff vorgesehen sind, auf Freiheit von Kontaminationen mit AIV der Subtypen H5 und H7 zu untersuchen und die Identität „H9Nx“ zu bestätigen. Nur aufgrund dieser Regelung kommt es zur Registrierung von H9Nx-Infektionen bei Geflügel im Arbeitsbereich des NRL (Tabelle 1). Weiterhin wurden in einem Fall AIV des Subtyps H11N9 bei Nandus in einem Zoo detektiert (Tabelle 1).

Tabelle 2: AIV-Seromonitoring in Hausgeflügelbeständen in Deutschland, 2018

Bundesland	Haltungen	Seropositiv
Brandenburg	30 (34)	0
Berlin	n. a.	n. a.
Baden-Württemberg	36 (30)	0
Bayern	82 (87)	7
Bremen	n. a.	n. a.
Hessen	12 (31)	0
Hamburg	6 (13)	0
Mecklenburg-Vorpommern	13 (12)	0
Niedersachsen	215 (213)	9, 1*
Nordrhein-Westfalen	70 (56)	0
Rheinland-Pfalz	5 (12)	0
Schleswig-Holstein	34 (23)	0
Saarland	5 (2)	0
Sachsen	40 (44)	0
Sachsen-Anhalt	51 (58)	1, 1*
Thüringen	19 (20)	0
Gesamt	**618 (635)**	**17 (16), 2***

n. a. - keine Daten verfügbar

Zahlen in Klammern – Vorjahr (2017)

X* - seropositiv für Subtyp H5

Quelle: Meldungen der Bundesländer

Serologisches Monitoring bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, 2018

Das serologische bundesweite Routinemonitoring von 618 (Vorjahr: 635) Beständen gehaltener Vögel (Tabelle 2) ergab in 17 (Vorjahr: 16) Fällen Hinweise auf bestehende bzw. abgelaufene AIV-Infektionen. Davon waren 15 Fälle nicht durch AIV der Subtypen H5 oder H7 begründet. In zwei Fällen wurden H5-spezifische Antikörper nachgewiesen. Epidemiologische und virologische Nachverfolgungen in den H5-seropositiven Haltungen (Freiland-Legehennen, Zoo) führten nicht zur Identifizierung akuter AIV-Infektionen. Die Mehrzahl seropositiver Befunde ergab sich durch Putenbestände mit (abgelaufenen?) H9Nx-Infektionen bzw. nach Vakzinierungen mit autogenen Impfstoffen in Niedersachsen. Die Zahl serologisch untersuchter Geflügelbestände in Deutschland hat sich im abgelaufenen Jahr leicht rückläufig (~5 %) entwickelt. Der Umfang orientiert sich weiterhin im Wesentlichen an dem durch die EU-Kommission jeweils genehmigten Probenplänen.

Monitoring von Wildvögeln in Deutschland, 2018

AIV werden in Deutschland regelmäßig in Wasservögeln nachgewiesen. Im Jahr 2018 wurden in Deutschland 5.869 Wildvögel (Vorjahr: 13.248; 2016: 12.703) auf AIV-Infektionen untersucht (Tabelle 3A - C). Die gegenüber den Vorjahren stark rückläufige Beprobungsintensität besonders des passiven Monitoring ist auf das Abklingen der HPAIV H5N8-Epizootie der Jahre 2016/2017 bei Wildvögeln zurückzuführen. Kofinanzierungsfähig gemäß des EU-Probenplans sind Untersuchungen im Rahmen der passiven Surveillance. Diese belaufen sich 2018 auf 1.757 (Vor-jahr: 8.771) Proben (Tabelle 3A) und machen damit 29,9 % des Gesamtuntersuchungsgutes aus (Vorjahr: 66,2 %). Höhere Beprobungsdichten sind in den Wintermonaten festzustellen (Tabelle 3B). Nahezu 80 % der Beprobungen fokussieren auf Vögel der Ordnung Anseriformes, also Schwäne, Enten, Gänse. Aus Proben dieser Spezies stammt auch das Gros der AIV-positiv getesteten Proben von insgesamt n = 58 (Tabelle 3C).

Tabelle 3: Untersuchungsumfang in Bezug auf aviäre Influenzaviren bei Wildvögeln in den Bundesländern Deutschlands, 2018

A. Zustand des beprobten Vogels

Bundesland	Passives Monitoring						Aktives Monitoring		Bilanz		
	frisch tot gefunden	länger tot gefunden	tot, Tierfraß	tot, skelettiert	krank erlegt	krank	lebend	erlegt	Gesamt Aktiv	Gesamt Passiv	Gesamt total
Baden-Württemberg	168	72	4	0	4	2	643	78	721	250	971
Bayern	80	36	1	1	1	0	0	364	364	119	483
Berlin	34	0	1	1	0	0	0	0	0	36	36
Brandenburg	102	3	2	0	5	1	35	123	158	113	271
Bremen	10	0	0	0	0	0	0	0	0	10	10
Hamburg	83	30	3	0	1	0	34	0	34	117	151
Hessen	213	0	0	0	0	0	624	0	624	213	837
Mecklenburg-Vorpommern	111	3	0	0	4	0	276	39	315	118	433
Niedersachsen	153	0	0	0	0	0	540	325	865	153	1018
Nordrhein-Westfalen	12	215	0	0	5	0	386	158	544	232	776
Rheinland-Pfalz	19	12	0	0	1	0	1	4	5	32	37
Saarland	3	0	0	0	0	0	13	0	13	3	16
Sachsen	150	0	0	0	0	0	0	15	15	150	165
Sachsen-Anhalt	58	18	2	1	7	0	12	0	12	86	98
Schleswig-Holstein	57	8	0	0	0	0	254	163	417	65	482
Thüringen	59	1	0	0	0	0	5	20	25	60	85
Gesamt	**1.312**	**398**	**13**	**3**	**28**	**3**	**2.823**	**1.289**	**4.112**	**1.757**	**5.869**

Quelle: AI-DB, FLI, Institut für Epidemiologie ; NRL-AI, FLI, Institut für Virusdiagnostik

B. Zeitpunkt der Probenahme

Bundesland	Untersuchungsmonat												Gesamt
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
Baden-Württemberg	93	70	84	39	101	49	41	84	106	96	109	99	971
Bayern	98	12	13	13	2	6	16	17	42	97	93	74	483
Berlin	4	2	3	1	1	4	2	9	2	3	4	1	36
Brandenburg	13	7	20	7	4	16	12	14	83	42	46	7	271
Bremen	0	0	0	0	10	0	0	0	0	0	0	0	10
Hamburg	3	8	30	6	4	14	19	44	11	7	1	4	151
Hessen	24	39	69	44	53	61	52	88	102	97	125	83	837
Mecklenburg-Vorpommern	35	21	52	48	34	14	22	26	55	57	50	19	433
Nieder-sachsen	74	26	43	6	32	192	5	28	146	83	278	105	1.018
Nordrhein-Westfalen	249	12	99	56	13	19	28	49	35	50	119	47	776
Rheinland-Pfalz	12	1	0	4	3	0	7	3	1	3	1	2	37
Saarland	0	0	1	0	0	0	13	0	0	0	2	0	16
Sachsen	11	9	21	10	13	14	12	15	17	4	11	28	165
Sachsen-Anhalt	2	1	7	7	1	3	0	10	37	12	18	0	98
Schleswig-Holstein	22	24	53	16	52	9	24	25	20	26	100	111	482
Thüringen	23	2	17	5	3	1	2	11	8	3	3	7	85
Gesamt	**663**	**234**	**512**	**262**	**326**	**402**	**255**	**423**	**665**	**580**	**960**	**587**	**5.869**

C. Speziesverteilung beprobter Wildvögel, 2018

Befunde	Schwäne	Wild-gänse	Wild-enten	Greif-vögel	Eulen	Watvögel	Lappen-taucher	Andere	Summe
positiv	4 (6,9)	12 (20,7)	40 (69)	1 (1,7)	0	0	0	1 (1,7)	58
Gesamt	**306 (5,2)**	**2.364 (40,3)**	**1.768 (30)**	**253 (4,3)**	**58 (1)**	**88 (1,5)**	**5 (0,1)**	**1.027 (17,5)**	**5.869**

Zahlen in Klammern geben Prozentwerte an.

In Bezug auf die Sub- und Pathotypisierung AIV-positiver Proben konnten seit 2016 fortentwickelte Diagnostikmethoden erfolgreich eingesetzt werden. Im Kontingent AIV-positiver Befunde finden sich in drei Fällen auch Nachweise von HPAIV H5N6. Im Einzelnen waren eine Tafelente aus Bayern, ein Bussard aus Nordrhein-Westfalen sowie eine Graugans aus Niedersachsen betroffen. Diese Befunde stammen aus der ersten Jahreshälfte 2018. Im selben Zeitraum, jedoch auch noch in der zweiten Jahreshälfte 2018, wurden vor allem auf den Britischen Inseln sowie in Skandinavien (insbesondere in Dänemark)

weitere HPAIV H5N6 Nachweise bei Wildvögeln bekannt, allerdings in geringerem Umfang als 2016/17. Dennoch plausibilisieren diese Fälle die Annahme eines Viruseintrags in die beiden in Deutschland betroffenen Geflügelbestände. Im Zuge der Epizootie 2016/17 und auch noch 2018 waren Seeadler häufiger als HPAIV-infiziert diagnostiziert worden (Krone et al., 2018). Dies wurde u. a. auf die höhere Virulenz der HPAI-Viren der Klade 2.3.4.4b für Entenvögel zurückgeführt (Grund et al., 2018); Seeadler infizieren sich an erkrankten/verendeten Enten, die sie als Beute aufnehmen.

Nachweise niedrigpathogener H5-Viren (n = 8) wurden ebenfalls in Wildvögeln geführt (Tabelle 4). Die Mehrzahl der non-H5/H7-AIV Nachweise in Wildvögeln rührt wie auch in den Vorjahren von Wildgänsen und -enten her. Das Spektrum entspricht den Erwartungswerten in Mitteleuropa. Hervorzuheben sind die Nachweise der Subtypen H8N4 und H12N5, die in Mitteleuropa als selten einzustufen sind. Aufgrund der optimierten Routinediagnostik bleiben nur noch wenige AIV-positive Proben ohne eine Subtypzuordnung. Die erhöhten Kosten der Subtypisierung mittels real time RT-PCR erscheinen somit gerechtfertigt.

Tabelle 4: AIV-Subtypenspektrum bei Wildvögeln und Geflügel in Deutschland, 2018.

Typisierung	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Gesamt
H1N3	2	1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	**5**
H1N8	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	**1**
H2N3	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	**1**
H3Nx	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	**3**
H3N8	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	**2**
H4N6	0	0	0	0	0	0	0	3	1	0	1	0	**5**
H5N2	0	0	0	3	0	0	0	0	3	0	1	0	**7**
H5N3	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	**1**
HP H5N6	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	**3**
H6N1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	**3**
H6N2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	**6**
H6N9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	**1**
H8N4	1	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	1	**4**
H9N1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0	**4**
H9N2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	**3**
H11N1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	**1**
H11N9	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	**2**
H12N5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	3	**5**
HxNx	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	**1**
Gesamt	**6**	**2**	**1**	**8**	**0**	**0**	**0**	**6**	**7**	**8**	**12**	**8**	**58**

Quelle: AI-DB/TSN, FLI, Institut f. Epidemiologie; NRL-AI, FLI, Institut f. Virusdiagnostik

Forschung

Das NRL AI ist u. a. durch seine Einbindung in das Netzwerk international operierender Referenzlabore der O.I.E. und FAO vielfach in Forschungsprojekte involviert, die durch Haus- und Drittmittel finanziert werden. Der Fokus solcher Projekte im NRL AI ist auf diagnostische Anwendungen und pathogenetische Fragestellungen gerichtet. Ein Schwerpunkt bildet auch der Austausch mit Institutionen und Wissenschaftlern aus außereuropäischen Ländern, in denen akute Probleme mit AI-Infektionen bestehen. Publikationen des Jahres 2018 zu diesen Arbeiten sind im Anhang aufgeführt.

Staatliche Maßnahmen

Maßnahmen zum Schutz vor AI-Infektionen sind in der bundesdeutschen Geflügelpest-Verordnung festgelegt, die europäisches Recht gemäß der geltenden EU-Richtlinie 2005/94/EG umsetzt. Die Maßnahmen dienen zunächst dem Schutz des Nutzgeflügels, zielen aber im Weiteren auch darauf ab, die Verbreitung aviärer Influenzainfektionen aus dem Geflügel in Wildvogelpopulationen zu verhindern. Einige AIV weisen auch zoonotische Eigenschaften auf, können in seltenen Fällen auf Menschen übertragen werden und schwer verlaufende Infektionen auslösen. Monitoring, Prävention und Bekämpfung von AI-Infektionen bei Geflügel und Wildvögeln besitzen somit auch Vorsorgecharakter für die öffentliche Gesundheit.

Abkürzungen

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

Literaturhinweise

- Globig A, Staubach C, Sauter-Louis C, Dietze K, Homeier-Bachmann T, Probst C, Gethmann J, Depner KR, Grund C, Harder TC, Starick E, Pohlmann A, Höper D, Beer M, Mettenleiter TC, Conraths FJ. Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 Clade 2.3.4.4b in Germany in 2016/2017. Front Vet Sci. 2018; 4: 240. PMID: 29417053.

- Grund C, Hoffmann D, Ulrich R, Naguib M, Schinköthe J, Hoffmann B, Harder T, Saenger S, Zscheppang K, Tönnies M, Hippenstiel S, Hocke A, Wolff T, Beer M. A novel European H5N8 influenza A virus has increased virulence in ducks but low zoonotic potential. Emerg Microbes Infect. 2018; 7: 132. PMID: 30026505.

- Krone O, Globig A, Ulrich R, Harder T, Schinköthe J, Herrmann C, Gerst S, Conraths FJ, Beer M. White-Tailed Sea Eagle (Haliaeetus albicilla) Die-Off Due to Infection with Highly Pathogenic Avian Influenza Virus, Subtype H5N8, in Germany. Viruses. 2018; 10. pii: E478. PMID: 30205456.

- Pohlmann A, Starick E, Grund C, Höper D, Strebelow G, Globig A, Staubach C, Conraths FJ, Mettenleiter TC, Harder T, Beer M. Swarm incursions of reassortants of highly pathogenic avian influenza virus strains H5N8 and H5N5, clade 2.3.4.4b, Germany, winter 2016/17. Sci Rep. 2018; 8: 15. PMID: 29311555.

4. Beschälseuche der Pferde – Dourine

Schares, G.

Summary

Dourine is a classical venereal infection of equines caused by the protozoal parasite *Trypanosoma equiperdum*. It mostly presents as chronic disease with an irregularly long incubation time, possibly of several months. Dourine is a notifiable disease that was eradicated in Germany several decades ago. To prevent an introduction of the pathogen, equids may be imported into the EU only from approved third countries where dourine has not occurred for at least 6 months. This also applies to the holdings of origin of equids if animals are moved from one EU member state to another one. According to the import regulations of the EU (93/197/EWG), testing of animals prior to import is based on complement fixation test (CFT; prescribed test according to OIE) to detect specific serum antibodies. However, the close relationship to *T. evansi*, causing "Surra" in camelids but also infections in horses (with symptoms similar to dourine) and other animal species, may induce cross-reactions in serological tests since the antigen recommended for CFT consists of a whole-cell lysate of *T. equiperdum*. Detection and isolation of the pathogen itself is rarely successful, even during the acute stage of the disease.

Zusammenfassung

Die Beschälseuche ist eine durch den einzelligen Parasiten *Trypanosoma equiperdum* hervorgerufene, meist chronisch verlaufende klassische Deckinfektion bei Equiden mit einer unregelmäßig langen Inkubationszeit von bis zu mehreren Monaten. Sie zählt zu den anzeigepflichtigen Tierseuchen und ist seit vielen Jahrzehnten in Deutschland getilgt.

Um Einschleppungen des Erregers zu verhindern, dürfen Equiden gemäß unionsrechtlicher Bestimmungen nur aus zugelassenen Drittländern importiert werden, in welchen seit mindestens sechs Monaten keine Beschälseuche aufgetreten ist. Letzteres gilt auch für die Herkunftsbetriebe von Equiden im Fall des innergemeinschaftlichen Verbringens. Im Rahmen unionsrechtlich vorgeschriebener Importuntersuchungen (93/197/EWG) muss ferner eine Untersuchung mittels Komplement-Bindungsreaktion (KBR; von der OIE empfohlene Methode) auf spezifische Serum-Antikörper erfolgen. Die enge Verwandtschaft des Erregers mit *T. evansi*, dem Erreger der „Surra" bei Kameliden sowie von Infektionen bei Equiden (mit Symptomen ähnlich der Beschälseuche) und anderen Tierarten, kann jedoch zu serologischen Kreuzreaktionen führen, da das für die KBR empfohlene Antigen aus einem Gesamtzell-Lysat von *T. equiperdum* besteht. Ein direkter Nachweis und die Isolierung des Erregers sind sogar im akuten Stadium der Erkrankung nur selten erfolgreich.

Labordiagnostische Untersuchungen

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der Aktivitäten des nationalen Referenzlabors (NRL) aufgelistet.

Staatliche Maßnahmen

Equiden, bei welchen im Blutserum Antikörper gegen das *T. equiperdum*-Antigen nachgewiesen werden, sind von der Zucht ausgeschlossen und werden unter Quarantäne gestellt. Das Referenzlabor hat die Aufgabe, den Landesuntersuchungsämtern für die Durchführung der serologischen Untersuchungen mittels KBR das entsprechende Antigen sowie Kontrollseren zur Verfügung zu stellen. Ferner führt das Referenzlabor Bestätigungsuntersuchungen eingesandter Verdachtsproben durch. Daher wird nach Bedarf im Abstand von ein bis zwei Jahren lyophilisiertes Voll-Antigen in präparativem Maßstab aus einem Referenzstamm von *T. equiperdum* hergestellt. Der Referenzstamm (festgelegt nach Übereinkunft

des Europäischen Referenzlabors, ANSES 2013) sowie das Antigen werden regelmäßig nach Maßgabe der internationalen Literatur mittels molekularer Methoden sowie in internationalen Ringversuchen überprüft. Dem Referenzlabor stehen derzeit drei Trypanosomen-Referenzstämme (ein *T. equiperdum*- und zwei *T. evansi*-Stämme) zur Verfügung. Das im NRL produzierte Antigen wird auf Nachfrage und bei Verfügbarkeit auch an Institutionen in anderen Mitgliedstaaten und Drittländern gesandt.

Forschung

Im Rahmen eines vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Forschungsprojektes (Förderkennzeichen: 0316009C) wurden Bedingungen für die Antigenherstellung mittels *in vitro*-Kultivierung von T. equiperdum erarbeitet, um den derzeit notwendigen Tierversuch verzichtbar zu machen. Dieses Vorhaben konnte erfolgreich abgeschlossen werden. Die Zulassung der in vitro-Kultivierung als Alternative zum Tierversuch wurde bei der OIE beantragt und soll in das OIE Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals aufgenommen werden.

Zoonosepotential

Der Erreger der Beschälseuche besitzt nach heutigem Wissen keine zoonotische Bedeutung. Der ihm nah verwandte Erreger *T. evansi*, der durch Arthropoden übertragen wird, wurde im Jahr 2005 erstmals in Indien als Infektionserreger des Menschen identifiziert. Er verursachte eine fluktuierende Parasitämie mit Fieberepisoden über mehrere Monate und induzierte die Bildung von spezifischen Antikörpern im Blutserum.

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

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen	Blutserum	0
Erregernachweis	Blut / Gewebe	0
Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Positiver Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Positiver Erregernachweis	Polymerase-Kettenreaktion	0
Zulassungsuntersuchungen/Chargenprüfungen	Antigenherstellung und -prüfung	0
Abgabe Referenzmaterial	Antigen	28
	Positivkontrollserum	10
	Negativkontrollserum	6
Ringtest	Teilnahme an einer Laborvergleichs-studie international	1
Ringtest	Durchführung einer Laborvergleichs-studie national	1

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

Probst C., Conraths F., König P., Beer M.

Summary

Germany is recognized as officially free from infectious bovine rhinotracheitis (IBR) since 6 June 2017. For cattle trade, the whole country is entitled to additional guarantees regarding IBR according to Article 3 in Council Decision 2004/558/EC. Despite the IBR-free status, Bovine Herpes Virus type 1 (BHV-1) may still be present in Germany in single farms, which may cause a limited number of outbreaks. The lack of natural infections and banning the use of vaccines, has led to a population of immunologically naïve animals that are highly susceptible to BHV-1-infection. On the other hand, prolonged testing intervals and the lack of very clear and specific clinical symptoms may enhance the risk of an unrecognized virus spread. Epidemiological research revealed the main pathways for BHV-1 reinfections, namely professional visitors, keeping fattening cattle, purchase of cattle from non-BHV-1-free countries, and violation of EU-guaranties. Hence, effective compliance and enforcement of biosecurity measures in cattle farms and trade is crucial for sustained BHV-1 control.

Zusammenfassung

Deutschland ist seit dem 6. Juni 2017 EU-rechtlich anerkannt frei von dem Bovinen Herpesvirus Typ 1 (BHV-1) (Abb. 1). Dennoch kommen nach wie vor in manchen Bundesländern vereinzelt Neuausbrüche vor. Lange Untersuchungsintervalle von bis zu 12 Monaten bergen die Gefahr, dass sich das Virus im Falle eines Neueintrags über einen längeren Zeitraum unerkannt ausbreiten kann, zumal Rinder innerhalb von Deutschland ohne zusätzliche Untersuchungen gehandelt werden dürfen. Erhebliche Infektionsrisiken stellen Personenkontakte, Mastbestände, Tiere aus nicht BHV-1-freien EU-Mitgliedstaaten und Verstöße gegen EU-Garantien dar. Zudem führt das Fehlen von Infektionsantikörpern bei gleichzeitigem Impfverbot zu einer immunologisch naiven und somit hoch empfänglichen Rinderpopulation, die eines besonderen Schutzes bedarf. Um die neu erlangte Freiheit zuverlässig zu erhalten, ist das Einhalten von Biosicherheitsmaßnahmen und Vorschriften besonders wichtig (Tierärztliche Praxis für die Rinderhygiene, FLI Empfehlung 2016).

Rechtsvorschriften

Die Verordnung zum Schutz der Rinder vor einer Infektion mit BHV-1, geändert am 03.05.2016, ist weiterhin gültig. Beim Handel mit Rindern gelten die Zusatzgarantien bezüglich BHV-1 gemäß Artikel 10 der Richtlinie 64/432/EWG. Zucht- und Nutzrinder aus nicht BHV-1-freien Regionen und Mitgliedstaaten, die für Deutschland bestimmt sind, müssen unabhängig davon, wohin sie in Deutschland verbracht werden, die ergänzenden Garantien gemäß Artikel 3 der Entscheidung 2004/558/EG erfüllen.

Innerhalb von Deutschland dürfen nur Rinder verbracht werden, die nicht gegen BHV-1 geimpft sind. Die BHV-1-Bescheinigung für Bestände und Rinder sind nach Anlage 2 und Anlage 3 der BHV-1-Verordnung unbefristet gültig, solange die Untersuchungen regelmäßig und fristgemäß erfolgen. Zur Sicherung des Bestandsstatus wird empfohlen, nur Rinder mit amtstierärztlicher BHV-1-Bescheinigung einzustallen.

Aufrechterhaltung der BHV-1-Freiheit

Die Untersuchungen zur Aufrechterhaltung der BHV-1-Freiheit in den Beständen erfolgen gemäß Anlage 1 Abschnitt I Nr. 1 bis 3 und Abschnitt II Nr. 1 bis 4 und 6 der BHV-1-Verordnung. Um die Problematik der teilweise unklaren BHV-1-Situation in Mastbeständen auf-

zuklären, wird auf die Möglichkeit verwiesen, Fleischsaftproben bei verschiedenen Altersklassen mit BHV-1 ELISA-Tests zu untersuchen (Thoms und Probst, 2017). Der Virusnachweis in Nasentupfern ist nur in Ausnahmefällen möglich, da die Virusausscheidung nur in einem kurzen Zeitfenster von bis zu zwölf Tagen nach Infektion/Reaktivierung erfolgt. Eine Anzucht sollte aber versucht werden, um eine Stammisolierung und -charakterisierung zu ermöglichen.

Labordiagnostische Untersuchungen 2018

Im Jahr 2018 wurden in den Landesuntersuchungsämtern 535.607 Tankmilchproben und 3,22 Mio. Einzeltiere (davon 3,15 Mio. Milchkühe) serologisch auf BHV-1-Antikörper untersucht (Blut- oder Einzelmilch).

Untersuchungen im OIE- und Nationalen Referenzlabor für BHV-1

Dem OIE und Nationalen Referenzlabor (NRL) für BHV-1 wurde im Jahr 2018 eine umfangreiche Probenanzahl zur BHV-1-Abklärung und Grundlagenforschung zugeführt. Mehr als 800 Serum-, Plasma- und Milchproben sowie etwa 750 sonstige Proben (Tupfer, Organ- oder Zellkulturmaterial) aus 89 Einsendungen wurden im Zuge hoheitlicher Amtshilfe oder zu Forschungszwecken an das NRL weitergeleitet. Wie schon im Vorjahr, lag der Schwerpunkt im Bereich von abklärenden virologischen Nachweisuntersuchungen im Ausbruchsfall mit dem Ziel der Methodenoptimierung. Etwa 134 Ampullen von Referenzseren und 60 Referenzmilchproben wurden nationalen und internationalen Untersuchungseinrichtungen zur Verfügung gestellt.

BHV-1 Ausbrüche

Trotz BHV-1-Freiheit und Sicherheitsgarantien für den Handel, kommt in manchen Bundesländern und vor allem auch in anderen EU-Mitgliedstaaten, mit denen Deutschland Rinderhandel betreibt, Feldvirus vor. Die im Jahr 2018 aufgetretenen einzelnen Ausbrüche wurden vor allem durch Zukauf von Tieren sowie durch Defizite in der Biosicherheit verursacht. Insbesondere Rinder mit klinischen Symptomen können große Mengen BHV-1 ausscheiden. Dies verdeutlicht, wie wichtig es ist, Biosicherheitsmaßnahmen einzuhalten (z. B. betriebseigene Kleidung zu verwenden) und respiratorische Symptome differentialdiagnostisch stets auch auf BHV-1 abklären zu lassen.

Tierhaltern wird nachdrücklich empfohlen, Tiere ausschließlich über vertrauenswürdige Händler zu erwerben, soweit sie Rinder auf diesem Weg zukaufen, und genau zu kontrollieren, ob die Angaben korrekt und glaubhaft sind. Im Zweifelsfall sollte auch eine zusätzliche Nachuntersuchung zur Absicherung erfolgen. In diesem Zusammenhang sei darauf hingewiesen, dass § 3 Tiergesundheitsgesetz den Tierhalter verpflichtet, dafür Sorge zu tragen, dass Tierseuchen weder in seinen Bestand eingeschleppt noch aus seinem Bestand verschleppt werden. Darüber hinaus empfiehlt sich bei Zukäufen aus Regionen mit niedrigerem BHV-1-Gesundheitsstatus generell, die Tiere in Quarantänehaltung zu separieren und vor einer Eingliederung in den Bestand einer serologischen Untersuchung zu unterziehen.

Die im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) erfassten Meldungen stellen das BHV-1-Geschehen nach wie vor unvollständig dar. Denn im Sinne der BHV-1-Verordnung liegt nur dann ein Ausbruch vor, wenn dieser durch eine virologische Untersuchung oder durch einen positiven Antikörperbefund in Verbindung mit klinischen Symptomen nachgewiesen wurde.

Im Jahr 2018 wurden zehn BHV-1-Ausbrüche und 26 Verdachtsfälle gemeldet. Der Rückgang der Meldungen setzte sich somit im Vorjahresvergleich weiter fort (2016 und 2017 wurden noch 40 bzw. 41 Verdachtsfälle und 22 bzw. 13 Ausbrüche gemeldet) (Abb. 1). Von den zehn Ausbrüchen traten fünf bei Mastrindern, einer bei einer Milchkuh und vier in nicht näher spezifizierten Rinderbetrieben auf.

Um ein möglichst realistisches Bild der BHV-1-Situation zu erhalten, wird dringend geraten, Serokonversionen in jedem Fall als Verdacht in TSN zu melden, d. h. auch dann, wenn keine klinische Symptomatik beobachtet wurde. Nur so ist ein wirklichkeitsnaher Überblick über die BHV-1-Situation möglich.

Folgende Problemfelder der BHV-1-Diagnostik und -Bekämpfung bestehen unverändert weiter:

- Häufigkeit falsch positiver Testergebnisse nimmt mit zunehmender BHV-1-Freiheit bei unveränderter Spezifität der Testsysteme zu. Zusätzlich bleibt die Prüfung der epidemiologischen Plausibilität als weitere Maßnahme zur Bewertung des Status;
- „Pseudoimpflinge“ z. B. durch unspezifische Reaktionen, Kreuzreaktionen mit anderen Herpesviren, z. B. BHV-2 (Böttcher *et al.*, 2012).

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

- Nach eingehender Prüfung können die zuständigen Veterinärbehörden beim Auftreten von nicht negativen konventionellen Antikörpertests (Vollvirus-/gB-ELISA), die sich epidemiologisch nicht erklären lassen, eine zusätzliche Untersuchung im BHV-1 gE-blocking ELISA anordnen. Dies gilt nur für Bestände, die seit mehr als drei Jahren den Status „BHV-1-frei“ tragen, in denen sich keine Impftiere befinden und keine epidemiologischen Hinweise für die Einschleppung einer BHV-1-Infektion vorliegen.
- Bei der Beurteilung des Testergebnisses wird der geringeren Sensitivität des gE-Tests Rechnung getragen, indem ein deutlich erhöhter Cut-off von P/NK: 0,95 statt 0,60 angesetzt wird.
- Die Probenahme für die Nachuntersuchung darf frühestens 21 Tage nach der Entnahme für die Erstuntersuchung erfolgen. Sind auch diese Untersuchungen negativ, so ist das Tier nicht als Reagent einzustufen und der Betrieb erhält wieder den Status BHV-1-frei.
- Den Tierhaltern wird empfohlen, die in den konventionellen BHV-1-Antikörpertests nicht negativen Tiere bevorzugt und baldmöglichst zur Schlachtung abzugeben.
- Späte Erkennung von Reinfektionen: Awareness schulen und Bereitschaft zur differentialdiagnostischen Abklärung intensivieren;
- Unzureichende zeitnahe Entfernung von Reagenten nach positiver Befundung; Notimpfung reduziert zwar Dauer und Höhe der Feldvirusausscheidung bietet aber keinesfalls zuverlässigen Schutz vor einer Weiterverbreitung der Infektion!
- Ziel: Statuserhalt freier Betriebe und Schutz der zunehmend naiven Rinderpopulation vor Reinfektion.

Literatur

- Thoms B., Probst D. (2017): Validierung der Untersuchung von Fleischsaftproben auf BHV-1 mittels kommerziell verfügbarer ELISA Systeme. 8. Riemser Diagnostiktage 30. November - 01. Dezember 2017, Der LabLOEFFLER Heft 2, Nr. 15, S. 8-9.

- Böttcher J, Boje J, Janowetz B, Alex M, König P, Hagg M, Götz F, Renner K, Otterbein C, Mages J, Meier N, Wittkowski G. (2012) Epidemiologically non-feasible singleton reactors at the final stage of BoHV1 eradication: serological evidence of BoHV2 cross-reactivity. Vet Microbiol;159(3-4):282-90.

- Tierärztliche Praxis für die Rinderhygiene, FLI 2016 https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00000107/FLI_Empfehlung_Tieraerztliche-Praxis-fuer-Rinderhygiene.pdf

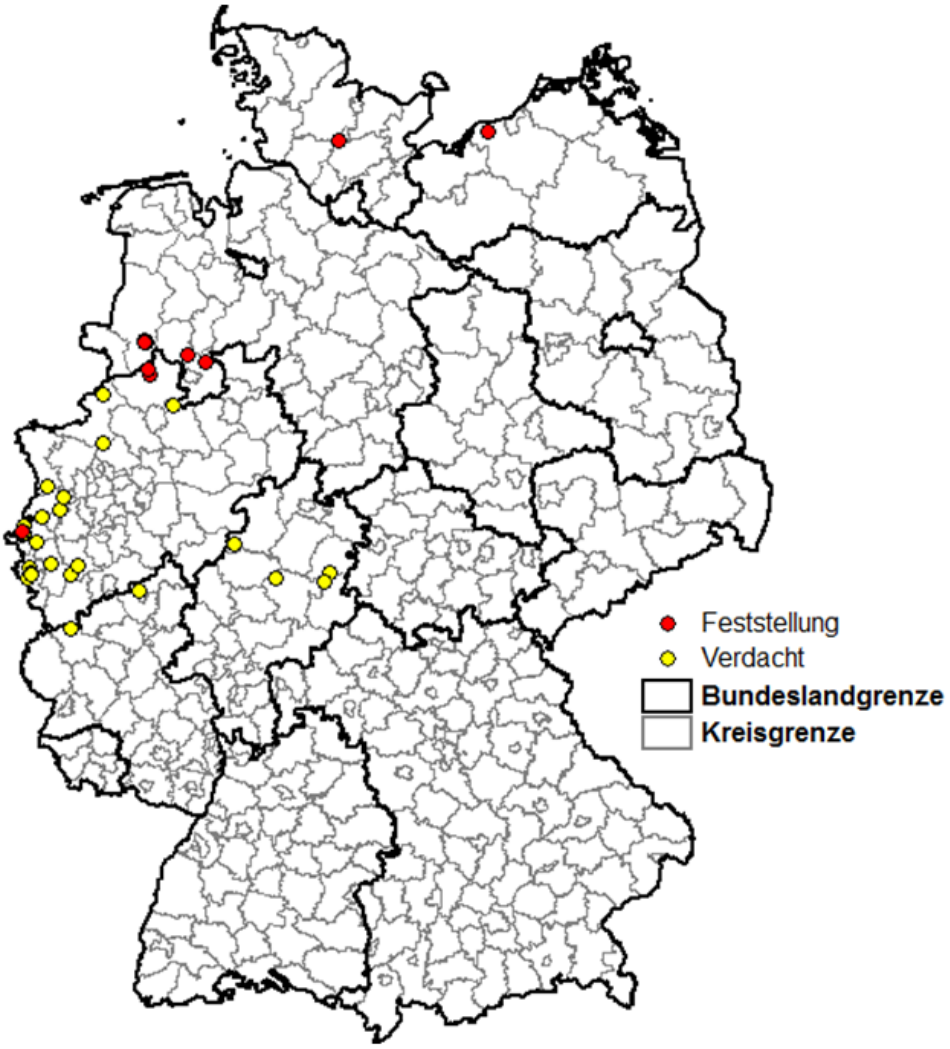


Abb. 1: Geografische Verteilung der im Jahr 2018 an TSN gemeldeten BHV-1-Ausbrüche (rote Punkte) und Verdachtsmeldungen (gelbe Punkte)
(Stand: 09.12.2019)

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

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

Summary

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

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

Since 2011, more than 49,700 BVDV-infected animals have been removed from the cattle population, while about 42 million animals have been classified as "unsuspicious". Related to the newborn calves, the proportion of animals classified as PI was considerably reduced from 0.5 % to about 0.01 % in the last years.

In 2018, a total of 129 BVD outbreaks were reported to the German animal disease notification system (TSN).

Zusammenfassung

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

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

Seit 2011 wurden mehr als 49.700 BVDV-infizierte Tiere aus der Population eliminiert, wobei im gleichen Zeitraum ungefähr 42 Mio. Rinder den Status „unverdächtig" erhielten. Der relative Anteil der als PI klassifizierten Tiere bezogen auf die neugeborenen Kälber reduzierte sich in den letzten Jahren sehr deutlich von ca. 0,5 % auf 0,01 %.

Im Jahr 2018 wurden in TSN insgesamt 129 Ausbrüche von BVD/MD gemeldet.

Allgemeine Informationen

Die Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease (BVD/MD) ist eine durch das Bovine Virusdiarrhoe Virus (BVDV) verursachte Infektionskrankheit bei Rindern. Es werden zwei Genotypen als selbständige Spezies unterschieden (BVDV-1 [syn. Pestivirus A] und BVDV-2 [syn. Pestivirus B]), weitere Subtypisierungen sind möglich. Weiterhin unterscheidet man nach dem Verhalten in Zellkulturen die beiden Biotypen „zytopathogen (cp-)" und „nicht zytopathogen" (ncp-). Die Übertragung des Virus erfolgt horizontal, meist oronasal, über verschiedene Körpersekrete oder vertikal als diaplazentare Infektion. In Abhängigkeit vom Infektionszeitpunkt kann es zu einer transienten oder, nach einer *in utero*-Infektion vor dem 90. Graviditätstag, einer dauerhaften (persistierenden) Infektion kommen.

Bei transienten Infektionen mit dem BVDV hängt die Ausprägung der Krankheitserscheinungen vom Alter, Geschlecht und dem Trächtigkeitszustand des Einzeltieres ab. Während die Infektion nicht tragender Tiere in der Regel klinisch inapparent verläuft, Ausnahmen stellen vereinzelt beschriebene perakute Verlaufsformen mit einem hämorrhagischen Syndrom dar, kann eine Infektion seronegativer trächtiger Rinder zu Fruchtretentionen, Aborten, Missbildungen oder der Entstehung von persistent infizierten (PI) Kälbern führen. Diese PI-Kälber scheiden das Virus lebenslang aus und spielen damit für die Aufrechterhaltung von Infektketten in Beständen oder Regionen eine zentrale Rolle. Eine in der Regel tödlich verlaufende Spätform der Erkrankung stellt

die Mucosal Disease (MD) dar, die entsteht, wenn der ncp-Biotyp im PI-Tier zum cp-Virus mutiert oder wenn PI-Tiere mit einem sehr nah verwandten cp-BVDV infiziert werden.

Staatliche Maßnahmen

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

Seit dem 03.11.2004 unterliegt die BVD/MD in Deutschland der Anzeigepflicht nach dem Tierseuchengesetz. Ein anzeigepflichtiger Fall liegt nach der BVD-Verordnung[1] vor bei Feststellung eines persistent infizierten Tieres: Ein persistent mit BVDV-infiziertes Rind ist *„ein Rind, das mit einer in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Methode mit positivem Ergebnis auf BVDV untersucht worden ist und*

a) das längstens 40 Tage nach der ersten Untersuchung erneut mit einer in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Methode mit positivem Ergebnis auf BVDV untersucht worden ist,

b) bei dem eine Wiederholungsuntersuchung nach Buchstabe a unterblieben ist oder

c) das an Mucosal Disease erkrankt ist,

sowie die Nachkommen eines Rindes nach den Buchstaben a bis c.“

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

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

Statistische Angaben

In TSN wurden im Jahr 2018 insgesamt 129 Ausbrüche von BVD/MD gemeldet, wobei bundeslandabhängige Unterschiede zu beobachten waren (Abbildung 1).

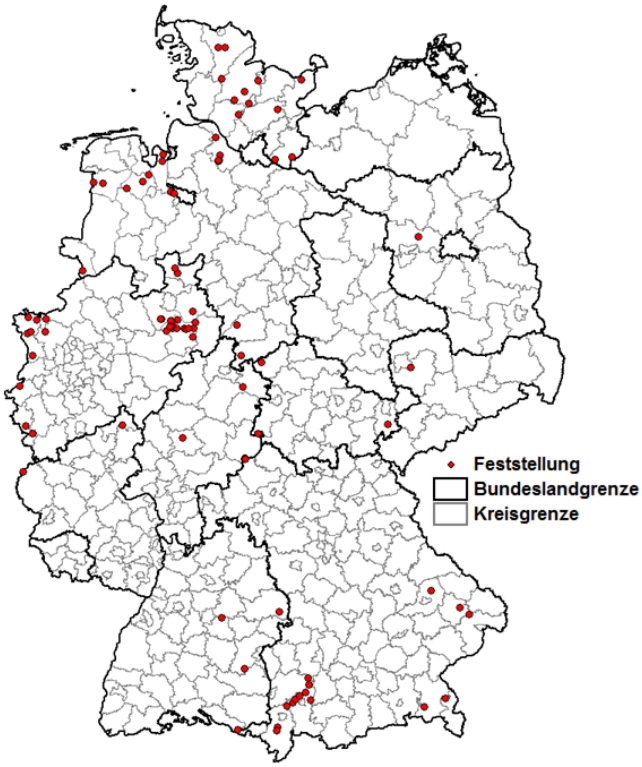


Abb. 1: Übersicht der gemeldeten Ausbrüche 2018

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

Seit dem Beginn der bundeseinheitlichen Bekämpfung reduzierte sich der relative Anteil der in HI-Tier als PI-Tiere klassifizierten Rinder, bezogen auf die neugeborenen Kälber, sehr deutlich von ca. 0,5 % im Jahr 2011 auf ungefähr 0,01 % im Jahr 2018, wobei bis einschließlich 2017 eine annähernd jährliche Halbierung zu verzeichnen war. Der Anteil an Betrieben mit PI-Tieren ist im gleichen Zeitraum von 3,44 % auf 0,06 % gesunken (Abbildung 2). Im Jahr 2018 wurde allerdings erstmals keine weitere Reduzierung der Anzahl an PI-Tieren im Vergleich zum Vorjahr beobachtet. Für den weiteren Sanierungsfortschritt ist daher auf die strenge Umsetzung der BVD-Verordnung und die konsequente Implementierung von weiteren Biosicherheitsmaßnahmen zu achten.

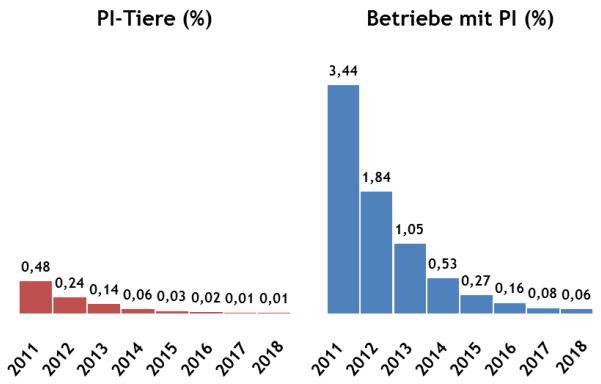


Abb. 2: PI-Prävalenz in Deutschland seit 2011

Labordiagnostische Untersuchungen

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

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

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

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

7. Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen – Bovine, Porcine, Ovine and Caprine Brucellosis

Melzer, F.

Summary

In 2018, one brucellosis outbreak was notified in an outdoor pig farm in Mecklenburg-Western Pomerania. The outbreak was detected during PCR examination of sample material from boar testicles with abscesses. The DNA was initially identified as Brucella spp. The confirmatory examination at the NRL revealed Brucella suis biovar 2. In addition, blood samples from sows of the same stock have also been tested positive for the presence of anti-Brucella antibodies.

Zusammenfassung

Im Jahr 2018 wurde ein Brucelloseausbruch in einer Freilandschweinehaltung in Mecklenburg-Vorpommern angezeigt. Aus einem Eberhoden mit Abszessen konnte im zuständigen Landeslabor mittels PCR Brucella-spezifische DNA nachgewiesen werden. Die Bestätigungsuntersuchung am nationalen Referenzlabor (NRL) ergab Brucella suis Biovar 2. Zusätzlich wurden in Blutproben von Sauen desselben Bestandes Brucella-spezifische Antikörper nachgewiesen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Brucellose werden im Rahmen des Brucellosemonitorings in den Untersuchungsämtern bzw. vergleichbaren Einrichtungen der Bundesländer mittels serologischer Methoden durchgeführt. Dabei wird in der Regel der ELISA bei Milch und Plasma-/Serumproben von Rindern oder der Rose-Bengal-Test (RBT) bzw. die KBR bei Serumproben von Schaf und Ziege angewendet. Das NRL wird in diesem Zusammenhang nur bei sog. nichtnegativen Befunden zur Abklärung einbezogen. Die hierbei verwendeten serologischen, mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ der OIE aufgeführt. Darauf wird in den verschiedenen geltenden Verordnungen und Richtlinien Bezug genommen.

Ausbruch:

Bei einem Eber des betreffenden Bestandes waren Abszesse am Hoden festgestellt worden. Daraufhin wurden Blutproben von Sauen desselben Bestandes entnommen und positiv auf anti-Brucella-spezifische Antikörper getestet. Basierend auf diesen Ergebnissen wurde am 14.12.2018 der Seuchenverdacht ausgesprochen. Bei der Untersuchung von aus dem Hodenmaterial extrahierter Nukleinsäure konnte am zuständigen Landeslabor in Rostock (Landesamt für Landwirtschaft, Lebensmittelsicherheit und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern) mittels realtime PCR Brucella-spezifische DNA nachgewiesen werden. Daher erfolgte am 19.12.2018 die Ausbruchsfeststellung. Alle empfänglichen Tiere des Bestandes wurden am 09.01.2019 getötet.

Bei den am NRL für Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen durchgeführten Abklärungsuntersuchungen (20.12.2018) wurde Brucella suis Biovar 2 mittels PCR nachgewiesen. Auch die zur Abklärung eingesandten Serumproben waren im Rose-Bengal-Test, der Komplementbindungsreaktion und auch in der Serumlangsamagglutination als positiv zu bewerten.

Statistische Angaben

Deutschland ist offiziell frei von Brucellose der Rinder, Schafe und Ziegen. Die Brucellosefreiheit wird durch serologische Bestandsuntersuchungen bei diesen Tierarten und durch die vorgeschriebene Untersuchung von Aborten (Rinder) auf Brucellose über-

wacht. Die Überwachungsuntersuchungen bei Schafen und Ziegen werden nach einem speziellen Probenschlüssel für jedes Bundesland stichprobenartig durchgeführt. Es wurden im Jahr 2018 keine Ausbrüche von Brucellose bei Rindern, Schafen und Ziegen festgestellt.

Schweinehaltungen unterliegen in Deutschland keiner generellen Untersuchungspflicht. Tiere werden im Rahmen von Exporten oder vor Einstallung in Besamungsstationen serologisch auf Brucellose untersucht. In Mecklenburg-Vorpommern und Brandenburg werden Freilandhaltungen nach Vorgaben der zuständigen Behörden überwacht.

Erwähnt sei noch ein Brucelloseausbruch im benachbarten Östereich nahe der deutschen Grenze. Hier wurden genetisch identische Isolate von *Brucella melitensis* aus einem Rind und vom zuständigen Hoftierarzt nachgewiesen. Dieses Beispiel zeigt, dass der Überwachung der relevanten Tierbestände weiterhin ein hoher Stellenwert eingeräumt werden muss, um jederzeit mögliche Infektionen schnell zu identifizieren und Gegenmaßnahmen einzuleiten.

Epidemiologische Untersuchungen

Ein eindeutiger Eintragsweg in den Ausbruchsbestand in Mecklenburg-Vorpommern konnte nicht nachgewiesen werden. Als Risikofaktoren für eine mögliche Einschleppung in Schweinefreilandhaltungen werden das gehäufte Auftreten von Kolkraben, die Möglichkeit des Eintrages durch Wildschweine, Marderhunde und Füchse aus der unmittelbaren Umgebung des Bestandes, der jederzeit mögliche Schadnagerkontakt (Ratten), die Verfütterung von betriebseigener Grassilage (von umliegenden Flächen), das Vorhandensein eines Waldgebietes und der Anbau von Feldfrüchten in der Nachbarschaft sowie Transporteure, die auch Kontakte zu anderen Freilandhaltungen haben, benannt.

Forschung

Als Referenzlabor ist die Entwicklung und Implementierung von diagnostischen Testmethoden ein wichtiger Bestandteil der Forschungsarbeit. Gemeinsam mit anderen europäischen Referenzlaboren wird an der Verbesserung und Standardisierung vorhandener Methoden gearbeitet. Auch im Rahmen der OIE-Tätigkeit konnte eine Reihe von Publikationen zur Brucellose in internationalen Peer-Review Journalen veröffentlicht werden.

Staatliche Maßnahmen

Die Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen ist eine anzeigepflichtige Tierseuche nach der Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen. Die Brucellose wird nach den Bestimmungen der Brucellose-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 17.05.2017 (BGBl. I S. 1267, 3060) staatlich bekämpft. Ein Ausbruch der Brucellose liegt vor, wenn diese durch bakteriologische oder molekularbiologische Untersuchungsverfahren oder durch mindestens zwei unterschiedliche serologische Untersuchungsverfahren in Verbindung mit klinischen oder pathologisch-anatomischen Untersuchungen oder epidemiologischen Anhaltspunkten festgestellt worden ist.

Die Brucellose ist von der durch *Brucella ovis* hervorgerufenen Infektiösen Ovinen Epididymitis abzugrenzen, bei der es im Jahr 2018 zu keinem angezeigten Ausbruch gekommen ist.

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der Brucellose beim Schwein in Deutschland (2008 bis 2018) (TSN; Stichtag: 01.06.2019)

Jahr	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Brucellose beim Schwein	6	1	0	1	0	0	1	4	1	3	1

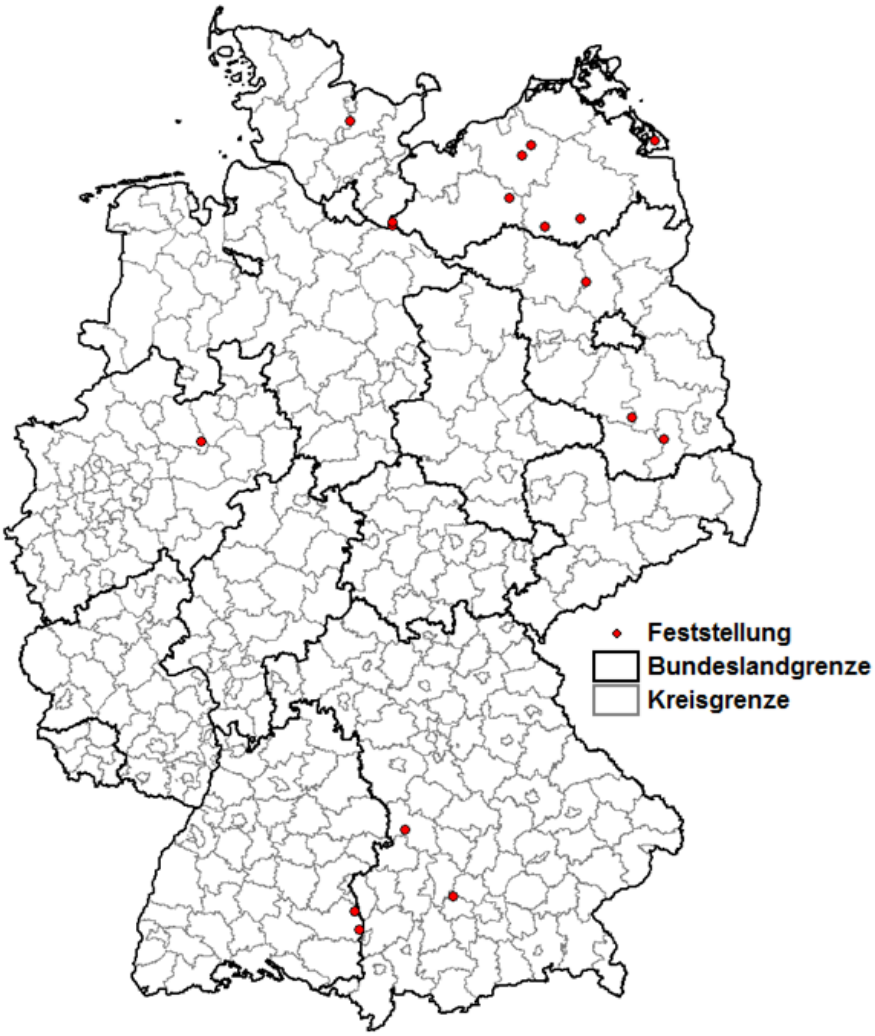


Abb. 1: Geographische Verteilung der 2008 bis 2018 angezeigten Ausbrüche der Brucellose beim Schwein (TSN; Stichtag: 01.06.2019)

8. Chlamydiose – Chlamydiosis

Schnee, C.

Summary

A total of 178 cases of chlamydiosis predominantly in psittacine birds, pigeons, cattle and sheep were reported in 2018. The number of notified human cases remained low at 12. In 2018, the National Reference Laboratory (NRL) for Chlamydiosis organized a ring trial for 42 participants and conducted examinations of (i) four suspected cases of avian chlamydiosis, (ii) five cases of ovine abortion and (iii) two cases of bovine chlamydiosis by using real-time PCR and DNA microarray testing. To assess the prevalence of chlamydial infections in bird populations of zoological gardens and in pig flocks, PCR screenings were conducted.

Zusammenfassung

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 178 Chlamydiosefälle in TSN registriert, vorrangig bei Psittaziden, Tauben, Rindern und Schafen. Die Zahl der gemeldeten humanen Ornithosefälle verblieb mit zwölf auf niedrigem Niveau. Das Nationale Referenzlabor (NRL) für Chlamydiose organisierte im Berichtszeitraum einen Ringversuch für 42 Teilnehmer und untersuchte vier Verdachtsfälle für aviäre Chlamydiose, fünf für enzootischen Schafabort sowie zwei für bovine Chlamydiose mittels Real-Time-PCR und DNA-Mikroarraytest. Zur Ermittlung der Prävalenz von Chlamydieninfektionen bei Zoovögeln und in Schweinebeständen wurden PCR-Screenings durchgeführt.

Labordiagnostische Untersuchungen

Chlamydien sind in Deutschland endemisch in Vögeln, Wiederkäuern und Schweinen verbreitet; akute Chlamydioseausbrüche kommen jedoch selten vor. Im Verdachtsfall werden Untersuchungen auf Chlamydiosen von den veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen der Bundesländer durchgeführt. Das NRL entwickelt, validiert und empfiehlt die verwendeten mikrobiologischen und molekulargenetischen Methoden, die u. a. in der amtlichen Methodensammlung aufgeführt sind. Zur Befundabsicherung und weiterführenden Speziesdifferenzierung bzw. Typisierung oder zur Abklärung von epidemiologischen Zusammenhängen (v. a. im Zoonosefall) wird das NRL zu Rate gezogen und führt selbst labordiagnostische Untersuchungen durch.

In regelmäßigen Abständen werden vom NRL Laborvergleichsuntersuchungen angeboten, die den Teilnehmern die Möglichkeit bieten, ihre Methoden zum molekulargenetischen Nachweis von Chlamydien und zum serologischen Nachweis von Antikörpern gegen *Chlamydia* (*C*). *abortus* zu prüfen und vorhandene Defizite zu identifzieren. Am Ringversuch 2018 nahmen 42 Labore v. a. aus Deutschland und der Schweiz teil. Im Vergleich zum letzten Ringversuch (2015) konnte weniger Laboren eine erfolgreiche Teilnahme am Chlamydiennachweis mittels PCR bescheinigt werden (90 % vs. 80 %). 85,2 % bzw. 94,4 % der Teilnehmer absolvierten erfolgreich die Differenzierungs-PCRs für *C. psittaci* und *C. abortus*. Am Ringversuch zum Antikörpernachweis mit dem ID Screen Chlamydophila abortus indirect ELISA haben alle Labore erfolgreich teilgenommen. Dagegen absolvierten diesmal nur 83,3 % der Teilnehmer den IDEXX Chlamydiosis Total Ab ELISA mit Erfolg im Vergleich zu 93,8 % erfolgreichen Teilnahmen am Ringvesuch 2015.

Im Berichtszeitraum wurden im NRL 60 Proben von Ziervögeln und Geflügel in vier Verdachtsfällen auf aviäre Chlamydiose untersucht. In zwei Fällen wurden Chlamydien nachgewiesen und differenziert. Der Verdacht auf Schafabort wurde in fünf Fällen an 23 Proben untersucht und bestätigt. Einmal wurde

dabei der Impfstamm nachgewiesen. Die potentielle Wirksamkeit des Impfstoffes Ovilis Enzovx wurde durch eine Titration und Auszählung der einschlussbildenden Einheiten in Zellkultur untersucht. Die vom Hersteller angegebene Konzentration an vermehrungsfähigen Chlamydien (Lebendimpfstoff!) konnte bestätigt werden. Ein Chlamydienverdacht in Alpakas, der an zwei Proben untersucht wurde, ließ sich dagegen nicht bestätigen. In neun Rinderproben aus zwei Verdachtsfällen wurde einmal *C. pecorum* nachgewiesen. Der zweite Verdacht konnte nicht bestätigt werden. In acht von schwerer Konjunktivitis betroffenen Schweinebeständen konnte durch die Untersuchung von 110 Proben für alle Bestände die Infektion mit *C. suis* nachgewiesen werden. In zwei Betrieben mit Reproduktionsstörungen wurden nur in einem Fall Chlamydien detektiert.

Interessant war der Nachweis von *C. caviae* in zwei Igelproben. Diese Chlamydienspezies war bisher noch nie im Igel gefunden worden.

Weiterhin wurden Proben von Schlangen (eine von drei positiv, undifferenziert) und Katzen (zwei von fünf positiv, *C. felis*) bearbeitet.

Die Erregerisolation aus Tupfer- und Gewebeproben von Schwein, Wildschwein und Rind gelang in sieben von acht Fällen.

Das NRL stellte Vergleichsmaterial für Forschungs- und Untersuchungseinrichtungen im In- und Ausland zur Verfügung, darunter DNA-Präparationen von zwölf Chlamydienstämmen und Kryokonserven von sieben Stämmen.

Gemäß Tiergesundheitsgesetz §11 Absatz 2 nahm das NRL vier Chargenprüfungen kommerzieller serologischer Diagnostika vor.

Statistische Angaben

Das Tierseuchennachrichtensystem (TSN) erfasste für das Jahr 2018 insgesamt 178 Fälle von Chlamydiose bei Tieren, so dass die Fallzahlen insgesamt auf niedrigem Niveau verbleiben. Die Fälle bei Vögeln waren größtenteils auf Infektionen von Psittaziden (40 Meldungen) und Tauben (16 Meldungen) zurückzuführen; im Geflügel gab es insgesamt nur zwölf Meldungen. Der Trend bei den Schafen (46 Meldungen) ist wieder leicht ansteigend. Im Vergleich zu den Vorjahren wurden in Rindern mit nur 54 Meldungen dagegen, ebenso wie im Jahr 2017, weniger chlamydienbedingte Erkrankungen registriert.

Fast alle Chlamydienarten, sowohl in Geflügel, Tauben und Papageien als auch in Wiederkäuern und Schweinen, sind in Deutschland endemisch verbreitet. Trotzdem sind akute Chlamydiosefälle, die zu einer Meldung im Tierseuchennachrichtensystem führen, selten, so dass die allgemeine epidemiologische Situation anhand der Meldedaten nur sehr begrenzt eingeschätzt werden kann.

Epidemiologische Untersuchungen

Die Chlamydienprävalenz bei verschiedenen Zoovögeln wurde in einem Screening von Sammelkotproben in 43 Volieren mehrerer deutscher Zoos in Zusammenarbeit mit dem Zoo Landau untersucht. Zwei der untersuchten Proben (aus einem Königsgeier- und einem Waldrapp-Bestand) waren positiv.

Das PCR-Screening nach *C. suis* in deutschen Schweinebeständen aus dem Vorjahr wurde fortgesetzt. Nach der Untersuchung von 200 Kotproben aus zehn Beständen wurden ähnliche Ergebnisse wie im Vorjahr ermittelt: eine Herdenprävalenz von 100 % und eine Einzeltierprävalenz von 41 %. Im Gegensatz zum Vorjahr konnte in keiner der 92 Rektaltupfer-

proben von Wilschweinen, die bei fünf verschiedenen Jagden gewonnen worden waren, C. suis gefunden werden.

Zoonosepotential

Das höchste Risiko für eine Übertragung auf den Menschen geht von C. *psittaci*-infizierten Vögeln aus, weshalb sich eine erhöhte Gefährdung für Tierärzte, Geflügelbetriebsmitarbeiter und Tierbesitzer ergibt. Allerdings gibt es inzwischen Fallberichte zur Übertragung von *C. psittaci* vom Pferd auf den Menschen, so dass auch für Stämme aus Säugern ein zoonotisches Potential erwogen werden muss (Polkinghorne und Greub, 2017).

Die Gefahr einer humanen Ansteckung *mit C. abortus* wird als gering erachtet, eine Exposition Schwangerer, z. B. bei Arbeiten mit lammenden Schafen, sollte jedoch vorsorglich vermieden werden.

Dem Robert Koch-Institut wurden im Jahr 2018 zwölf humane Ornithosefälle gemeldet. Somit gab es keine Abweichung vom niedrigen Meldeniveau der Vorjahre. Allerdings ist von einer hohen Dunkelziffer auszugehen, da die unspezifischen Symptome und der zoonotische Zusammenhang oft nicht erkannt werden.

Tabelle 1: Zusammenfassung der gemeldeten Chlamydiose-Ausbrüche nach Tierarten (TSN-Abfrage vom 25.06.2019)

Tierart	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Psittaziden	44	38	36	32	22	26	40
Tauben	21	15	27	17	28	22	16
Hühner	10	20	14	16	15	5	11
Enten	2	0	2	3	0	0	1
Gänse	1	0	2	1	0	1	0
Andere Vögel	0	2	0	0	1	2	0
Rinder	98	158	156	119	78	50	54
Schafe	53	33	34	28	54	30	46
Ziegen	4	4	2	3	5	2	7
Andere Tiere*	10	20	16	14	9	11	3
Gesamt	**243**	**290**	**289**	**233**	**212**	**149**	**178**

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

Tabelle 2: Gemeldete Ornithose-Erkrankungen beim Menschen (https://survstat.rki.de, Abfragedatum 26.06.2019)

2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
31	27	18	19	13	12	12	15	16	12

Literatur

- Polkinghorne A, Greub G. (2017) A new equine and zoonotic threat emerges from an old avian pathogen, Chlamydia psittaci. Clin Microbiol Infect. 2017 Oct;23(10):693-694.

9. Echinokokkose – Echinococcosis

Maksimov, P., Conraths, F. J.

Summary

Infections of humans with the larval stage of the small fox tapeworm *Echinococcus (E.) multilocularis* are regarded as one of the most dangerous parasitic zoonoses in Central Europe.

Since 9 November 2004, infections of animals with *E. spp.* have been reportable in Germany. *E. multilocularis* is a parasite with an indirect life cycle. Infected definitive hosts (*Canidae*, also *Felidae*; in Europe in most cases the red fox [*Vulpes vulpes*], but also the raccoon dog [*Nyctereutes procyonoides*]), harbor the mature, 1-3 mm sized tapeworm, whose number can range from a few to several 100,000, in their small intestines. They excrete tapeworm eggs, which are also infectious for humans, with their feces. The eggs remain infectious for months in the environment, e. g. on the vegetation covering the soil. Regular intermediate hosts are rodents, which become infected by oral uptake of infective *E. multilocularis* eggs. In most cases of alveolar echinococcosis, larval stages of the parasite are found in the liver of the intermediate hosts. The life cycle of *E. multilocularis* is completed when definitive hosts ingest tissues from infected intermediate hosts containing larval stages (metacestodes) with fertile protoscolices. In 2018, a total of 118 cases of echinococcosis were reported, which were recorded in 13 German federal states. The National Reference Laboratory (NRL) for Echinococcosis examined 84 faecal samples and 26 sera, liver, intestine mucosa, lung, sera, and hydatid fluid samples using PCR, immunoblotting, and the sedimentation and counting technique. Infection with the parasite was confirmed in 16 submitted samples (Table 1).

Zusammenfassung

Infektionen von Menschen mit dem Larvenstadium des kleinen Fuchsbandwurms *Echinococcus (E.) multilocularis* gelten als eine der gefährlichsten parasitär bedingten Zoonosen Mitteleuropas. Infektionen bei Tieren mit *E. spp.* sind seit dem 9. November 2004 meldepflichtig (Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten). *E. multilocularis* hat einen obligaten Wirtswechselzyklus. Infizierte Endwirte (*Canidae*, auch bedingt *Felidae*; in Europa vor allem der Rotfuchs [*Vulpes vulpes*], aber auch der Marderhund [*Nyctereutes procyonoides*]) beherbergen wenige bis zu mehreren 100.000 geschlechtsreife, ein bis drei Millimeter kleine Bandwürmer im Dünndarm. Sie scheiden die auch für den Menschen infektiösen Eier mit dem Kot aus. Die Eier können über Monate in der Umwelt infektionsfähig bleiben, zum Beispiel an der bodennah wachsenden Vegetation. Reguläre Zwischenwirte sind Nager, die sich durch eine orale Aufnahme der Bandwurmeier infizieren und das Larvenstadium in nahezu allen Fällen der Infektion in der Leber und gelegentlich in der Lunge beherbergen. Der Lebenszyklus schließt sich über die Räuber-Beute-Beziehung der End- und Zwischenwirte. Im Jahre 2018 wurden im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) insgesamt 118 Fälle von Echinokokkose gemeldet, die in 13 Bundesländern bei End- und Zwischenwirten diagnostiziert worden waren. Das nationale Referenzlabor (NRL) für Echinokokkose führte im Jahre 2018 bei insgesamt 84 Kotproben und 26 sonstigen Einsendungen (Lebermaterial, Darmschleimhaut, Seren und Hydatidenflüssigkeit) Laboruntersuchungen zur Bestätigung bzw. zum Ausschluss einer Echinokokkose mit Hilfe von PCR, SCT (Sedimentation and Counting Technique) und Immunoblot durch. In 16 untersuchten Einsendungen/Proben konnte eine *E. multilocularis* Infektion nachgewiesen werden (Tabelle 1).

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

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen	Gewebematerial/Hydatidenflüssigkeit/Kot/Darmschleimhaut/Seren	110
Erregernachweis (DNA von *E. multilocularis*)	PCR	12
Erregernachweis (*E. multilocularis* Würmer)	IST (Intestinal Scrapping Technique)	-
Erregernachweis (*E. multilocularis* Würmer)	SCT (Sedimentation and Counting Technique)	2
Erregernachweis (*E. multilocularis* Eier)	Sedimentations-/Flotationsverfahren	-
Antikörpernachweis gegen *E. multilocularis*	Immunoblot	2
Antikörpernachweis gegen *E. granulosus*	-	-
Zulassungsuntersuchungen/Chargenprüfungen	-	-
Abgabe von Referenzmaterialien	*E. multilocularis*-positive Fuchsdarmschleimhaut	1
Ringtest (Organisation)	Laborvergleichsstudie	1
Ringtest (Teilnahme)	Laborvergleichsstudie	1

Labordiagnostische Untersuchungen

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

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

Statistische Angaben

Im Jahre 2018 wurden in TSN insgesamt 118 Fälle von Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten gemeldet, die in 13 Bundesländern diagnostiziert worden waren (Tabelle 2).

Die meisten Fälle wurden aus Sachsen-Anhalt (n = 31), Thüringen (n = 30), Hessen (n = 15) und Hamburg (n = 9) gemeldet (Tabelle 2).

Die gemeldeten Echinokokkose-Fälle der oben genannten Bundesländer spiegeln jedoch die wahre Verteilung von *Echinococcus spp*. in Deutschland nicht wider, sondern sind das Ergebnis einer aktiven Überwachung der Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten, die in verschiedenen Bundesländern in unterschiedlicher Intensität durchgeführt wird.

Echinokokkose wurde bei Füchsen (n = 90), Marderhunden (n = 3), Hunden (n = 9), Wildschweinen (n = 8), Mastschweinen (n = 1), Bibern (n = 2), einer Katze, bei sonstigen Affen (n = 3) und bei einem Tier ohne Zuordnung gemeldet.

Staatliche Maßnahmen

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

Tabelle 2: Zahl der in TSN gemeldeten Echinokokkose-Fälle im Jahr 2018 pro Bundesland und Monat

Bundesland	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Gesamt
Baden-Württemberg	3	1		1	1			1			1		**8**
Bayern			3			1			2	2			**8**
Brandenburg				1		1			1				**3**
Hamburg		1		1	1		1	1	2		1	1	**9**
Hessen		5	2	1	3	1	1		1	1			**15**
Mecklenburg-Vorpommern						1						1	**2**
Niedersachsen				1									**1**
Nordrhein-Westfalen	1				1								**2**
Rheinland-Pfalz		1		2	1					1			**5**
Saarland		1											**1**
Sachsen	1	1								1			**3**
Sachsen-Anhalt	10			4	2	5	3	1			5	1	**31**
Thüringen	6	2	2	4	2		1	4	2	4	2	1	**30**
Gesamt	**21**	**12**	**7**	**15**	**11**	**9**	**6**	**7**	**8**	**9**	**9**	**4**	**118**

11. Hantaviren in Mitteleuropa – Hantaviruses in Central Europe

Drewes, S., Ulrich, R. G.

Summary

During the years 2001 to 2018 a total of 12,383 human hantavirus cases were registered by the Robert Koch-Institut (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, https://survstat.rki.de, data as of 2019-02-11). The number of recorded cases shows strong oscillations between the years with major peaks in 2007, 2010, 2012, and 2017. At least three rodent-borne hantavirus species are present in Germany: Human infections by the striped field mouse-associated Dobrava-Belgrade orthohantavirus (DOBV), genotype Kurkino, were documented in northern, north-eastern and eastern Germany. Tula orthohantavirus was detected by molecular analysis in the reservoir, i. e. the common vole *Microtus arvalis*, but frequently also in other vole species. Little is known about potential human infections with this virus. The majority of human cases are caused by Puumala orthohantavirus (PUUV) with the bank vole (*Myodes glareolus*) as reservoir. The heterogeneous occurrence of human PUUV cases in Germany depends on the distribution of the Western bank vole lineage as carrier of Central European PUUV. The current northern and eastern distribution range of PUUV is in Lower Saxony, Saxony-Anhalt and Thuringia. In addition to the rodent-borne hantaviruses further hantaviruses have been identified in Germany in shrews and mole; their zoonotic potential is still unknown.

Zusammenfassung

In den Jahren 2001 bis 2018 wurde durch das Robert Koch-Institut eine Gesamtzahl von 12.383 humanen Hantavirus-Erkrankungen erfasst (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, https://survstat.rki.de, Abfragedatum: 11.02. 2019). Die Anzahl der gemeldeten Fälle zeigte starke Schwankungen mit den höchsten Fallzahlen in den Jahren 2007, 2010, 2012 und 2017.

In Deutschland kommen mindestens drei Nagetier-assoziierte Hantavirus-Arten vor: Humane Infektionen mit dem Brandmaus-assoziierten Dobrava-Belgrad-Orthohantavirus (DOBV), Genotyp Kurkino, wurden in Nord-, Nordost- und Ostdeutschland gefunden. Das Tula-Orthohantavirus wurde bei molekularen Analysen im Reservoirwirt, der Feldmaus *Microtus arvalis*, aber auch in verwandten Wühlmausarten nachgewiesen. Zu humanen Infektionen mit diesem Virus ist bisher wenig bekannt. Die Mehrzahl der humanen Erkrankungen wird durch das Puumala-Orthohantavirus (PUUV) verursacht, das von der Rötelmaus (*Myodes glareolus*) übertragen wird. Die heterogene Verteilung humaner PUUV-Fälle in Deutschland ist auf die Assoziation der mitteuropäischen Linie dieses Hantavirus mit der westlichen evolutionären Linie der Rötelmaus zurückzuführen. Die gegenwärtige nördliche und östliche Verbreitungsgrenze des PUUV verläuft durch Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen. Neben den Nagetier-assoziierten Hantaviren kommen in Deutschland auch weitere Hantaviren bei Spitzmäusen und Maulwurf vor, über deren Humanpathogenität jedoch bisher nichts bekannt ist.

Erreger/Epidemiologie

Bei den Vertretern der Familie *Hantaviridae* handelt es sich um behüllte Viren mit einem segmentierten Negativstrang-RNA-Genom. Hantaviren sind ursprünglich vor allem in unterschiedlichen Nagetierarten, aber in den letzten Jahren auch in Insektenfressern (Spitzmäuse und Maulwürfe) sowie in Fledermäusen entdeckt worden, deren Humanpathogenität jedoch bisher unklar ist (Witkowski *et al.*, 2016). Verschiedene Nagetiere bilden das Reservoir für humanpathogene Hantaviren. Die persistent infizierten Reservoirtiere scheiden das Virus mit Speichel, Kot und Urin aus. Das Virus scheint außerhalb

des Wirtes über mehrere Wochen stabil zu sein. Entsprechend kann eine indirekte Übertragung durch aerogene Aufnahme von viruskontaminiertem Staub erfolgen. Bei humanen Infektionen kann es zu unterschiedlich schweren Krankheitsverläufen kommen, die durch Fieber, grippale Symptome, akutes Nierenversagen und/oder schwere Lungenfunktionsstörungen gekennzeichnet sind. Die geografische Verbreitung der Viren folgt in der Regel dem Vorkommen des jeweiligen Reservoirs (siehe Schlegel *et al.*, 2014).

Humane Hantavirus-Infektionen wurden erstmals in den 1980er Jahren in Deutschland beschrieben (siehe Ulrich *et al.*, 2004). Seit der Einführung der Meldepflicht wurden dem Robert Koch-Institut für den Zeitraum 2001 bis 2018 insgesamt 12.383 Hantavirus-Erkrankungen gemeldet (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, https://survstat.rki.de, Abfragedatum: 11.02.2019). Die Zahl der jährlich gemeldeten Fälle schwankte dabei stark; die höchsten Zahlen wurden bisher in den Jahren 2007, 2010, 2012 und 2017 registriert (Tabelle 1). Die Mehrzahl der gemeldeten Fälle ist auf autochthone Infektionen mit dem Puumala-Orthohantavirus (PUUV) zurückzuführen und wurde in Baden-Württemberg, Bayern, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und Hessen registriert. Die geografische Verteilung der gemeldeten Fälle zeigt Landkreise mit sehr hohen Inzidenzen, während in einigen Landkreisen bisher keine oder nur wenige Hantavirus-Infektionen gemeldet wurden.

Die Ungleichverteilung des PUUV in Deutschland ist wahrscheinlich auf die nacheiszeitliche Besiedlung Deutschlands mit der westlichen evolutionären Linie der Rötelmaus zurückzuführen. Die umfangreichen molekularen Studien zeigten eine Assoziation des mitteleuropäischen PUUV mit der westlichen Linie der Rötelmaus; die vermutliche nördliche und östliche Verbreitungsgrenze des Virus verläuft durch Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen (Drewes *et al.*, 2017). In Regionen mit einem gleichzeitigen Auftreten der östlichen bzw. karpatischen Linie der Rötelmaus konnte PUUV auch in diesen Linien nachgewiesen werden.

Im Jahr 2018 wurde eine im Vergleich zum Vorjahr deutlich geringere Zahl von gemeldeten Hantavirus-Erkrankungen registriert (Tabelle 1).

Forschung

Im Rahmen des vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Zoonoseverbundes „RoBoPub“ wurde die seit 2005 laufende Longitudinalstudie zur räumlichen und zeitlichen Dynamik des PUUV in lokalen Populationen der Rötelmaus im Landkreis Osnabrück, einem Hantavirus-Endemiegebiet in Niedersachsen (Weber de Melo *et al.*, 2015), in Zusammenarbeit mit dem Niedersächsischen Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES), dem Niedersächsischen Landesgesundheitsamt (NLGA, Hannover), dem Julius Kühn-Institut (JKI, Münster) und der Justus Liebig-Universität Gießen fortgesetzt. Zur Aufklärung der aktuellen nördlichen und östlichen Verbreitungsgrenze des PUUV in der Rötelmaus wurden Transekte in Niedersachsen/Nordrhein-Westfalen und Thüringen definiert. Zur Prüfung eines postulierten PUUV-freien Korridors in Bayern (Drewes *et al.*, 2017) wurden Rötelmäuse aus verschiedenen Regionen Bayerns gesammelt.

Darüber hinaus wurde im Rahmen der gemeinsamen Untersuchungen mit dem Konsiliarlaboratorium für Hantaviren an der Charité in Berlin das Kataster von PUUV- und Dobrava-Belgrad-Orthohantavirus (DOBV)-Sequenzen aus Patienten und aus den Reservoirwirten weitergeführt (Ettinger *et al.*, 2012; Krüger, 2012; Hofmann *et al.*, 2014). Ein weiterer Schwerpunkt der Untersuchungen bestand in der Untersuchung von Spitzmaus- und Maulwurfproben aus Deutschland auf das Vorkommen von Seewisvirus, Asikkalavirus und Novavirus.

Ausblick

Im Rahmen des RoBoPub-Verbundes sollen Untersuchungen zu Hantavirus- und Leptospiren-Infektionen bei Feld- und Rötelmäusen durchgeführt werden, um die Verbreitung dieser Erreger genauer zu kartieren. Darüber hinaus werden umweltbezogene Aspekte der Erregerübertragung, Manifestation und Diagnose der humanen Erkrankung sowie soziale Aspekte der Sensibilisierung und Risikowahrnehmung der Bevölkerung und Ärzte untersucht. Mittels dieser Analysen soll das übergeordnete Ziel der Entwicklung von kleinräumigen Gefahrenkarten, Frühwarnmodulen, Risikomanagementplänen und Gesundheitsempfehlungen umgesetzt werden.

Die im Rahmen des Netzwerkes „Nagetierübertragene Pathogene“ (Ulrich *et al.*, 2009) durchgeführten Untersuchungen zu Leptospiren, Rickettsien und Orthopockenviren sollen mit den Untersuchungsergebnissen zur Hantavirus-Durchseuchung zusammengeführt werden, um mögliche Effekte von Koinfektionen im Nagetierreservoir aufzudecken.

Neben der Untersuchung von Rötelmäusen der westlichen und östlichen evolutionären Linie im Landkreis Osnabrück sollen entsprechende Zelllinien dieser Rötelmauslinien hergestellt und auf ihre Suszeptibilität für experimentelle Infektionen mit unterschiedlichen PUUV-Stämmen untersucht werden.

Literatur

- Drewes S, Ali HS, Saxenhofer M, Rosenfeld UM, Binder F, Cuypers F, Schlegel M, Röhrs S, Heckel G, Ulrich RG. (2017). Host-associated absence of human Puumala Virus infections in northern and eastern Germany. Emerg. Infect. Dis., 23: 83-86.
- Ettinger J, Hofmann J, Enders M, Tewald F, Oehme RM, Rosenfeld UM, Ali HS, Schlegel M, Essbauer S, Osterberg A, Jacob J, Reil D, Klempa B, Ulrich RG, Krüger DH. (2012). Multiple synchronous outbreaks of Puumala virus, Germany, 2010. Emerg. Infect. Dis., 18: 1461-1464.
- Hofmann J, Meier M, Enders M, Führer A, Ettinger J, Klempa B, Schmidt S, Ulrich RG, Krüger DH. (2014). Hantavirus disease in Germany due to infection with Dobrava-Belgrade virus genotype Kurkino. Clin. Microbiol. Infect., 20: O648-O655.
- Krüger DH. (2012). Molekulare Unterscheidbarkeit der zirkulierenden Hantavirus-Stämme in den verschiedenen Ausbruchsregionen Deutschlands. Epidemiol. Bulletin des Robert Koch-Instituts, 25: 228-231.
- Reil D, Binder F, Freise J, Imholt C, Beyrer K, Jacob J, Krüger DH, J. H, Dreesman J, Ulrich RG. (2018). Hantaviren in Deutschland: Aktuelle Erkenntnisse zu Erreger, Reservoir, Verbreitung und Prognosemodellen. Berl. Münch. Tierärztl. Wschr., http://vetline.de/open-access/158/3216/
- Schlegel M, Jacob J, Krüger DH, Rang A, Ulrich RG. (2014). Hantavirus emergence in rodents, insectivores and bats. What comes next? In: Role of Animals in Emerging Viral Diseases. (Johnson N, ed.). Academic Press Waltham, MA, pp. 235-291.
- Ulrich RG, Meisel H, Schütt M, Schmidt J, Kunz A, Klempa B, Niedrig M, Pauli G, Krüger DH, Koch J. (2004). Verbreitung von Hantavirusinfektionen in Deutschland. Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitssch., 47: 661-670.
- Ulrich RG, Heckel G, Pelz HJ, Wieler LH, Nordhoff M, Dobler G, Freise J, Matuschka FR, Jacob J, Schmidt-Chanasit J, Gerstengarbe FW, Jakel T, Suss J, Ehlers B, Nitsche A, Kallies R, Johne R, Gunther S, Henning K, Grunow R, Wenk M, Maul LC, Hunfeld KP, Wölfel R, Schares G, Scholz HC, Brockmann SO, Pfeffer M, Essbauer SS. (2009). Nagetiere und Nagetier-assoziierte Krankheitserreger – das Netzwerk „Nagetierübertragene Pathogene“ stellt sich vor. Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitssch., 52: 352-369.

- Weber de Melo V, Sheikh Ali H, Freise J, Kühnert D, Essbauer S, Mertens M, Wanka KM, Drewes S, Ulrich RG, Heckel G. (2015). Spatiotemporal dynamics of Puumala hantavirus associated with its rodent host, *Myodes glareolus*. Evol. Appl., 8: 545-559.
- Witkowski PT, Drexler JF, Kallies R, Ličková M, Bokorová S, Mananga GD, Szemes T, Leroy EM, Krüger DH, Drosten C, Klempa B. (2016). Phylogenetic analysis of a newfound bat-borne hantavirus supports a laurasiatherian host association for ancestral mammalian hantaviruses. Infect. Genet. Evol., 41: 113-119.

Tabelle 1: Anzahl gemeldeter humaner Hantavirusfälle in Deutschland seit Einführung des Infektionsschutzgesetzes am 1. Januar 2001

Bundesland	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Baden-Württemberg	58	164	65	120	110	22	1.089	74	83	997	128	1.694	44	224	474	67	807	61
Bayern	29	17	18	61	40	12	296	41	21	437	46	438	53	65	134	28	375	31
Berlin	0	1	0	1	2	1	1	3	0	3	0	0	1	0	1	1	4	2
Brandenburg	0	0	1	0	3	0	4	3	0	2	6	7	3	4	5	0	8	2
Bremen	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	1
Hamburg	1	0	0	0	1	0	3	1	2	0	1	6	2	0	2	0	5	2
Hessen	21	8	13	5	34	4	27	12	4	174	13	122	5	8	54	7	103	5
Mecklenburg-Vorpommern	4	8	4	4	4	1	11	11	12	11	5	15	7	15	10	12	9	14
Niedersachsen	10	5	3	11	75	6	93	18	16	123	23	143	14	66	35	54	120	44
Nordrhein-Westfalen	51	19	30	29	143	18	124	61	32	156	62	199	22	161	62	96	200	44
Rheinland-Pfalz	2	2	3	3	10	2	11	4	1	28	7	82	1	6	11	7	49	3
Saarland	1	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	9	0	0	0	1	0	1
Sachsen	0	1	0	2	2	1	5	1	0	3	3	11	2	9	4	3	5	2
Sachsen-Anhalt	1	1	3	2	2	0	3	1	1	6	1	8	0	5	7	3	2	2
Schleswig-Holstein	0	1	1	2	7	5	10	6	9	11	6	14	1	8	6	2	14	9
Thüringen	3	1	3	1	14	0	8	7	0	63	4	73	6	2	24	1	30	12
Unbekannt	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0
Gesamt	**182**	**228**	**144**	**242**	**447**	**72**	**1.687**	**243**	**181**	**2.016**	**305**	**2.825**	**161**	**573**	**829**	**282**	**1.731**	**235**

Abfragedatum: 11.02.2019; Quelle: Robert Koch-Institut, SurvStat@RKI 2.0, https://survstat.rki.de/

Fälle entsprechend der Referenzdefinition, Meldepflicht gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG)

12. Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels – Avian infectious laryngotracheitis

Fuchs, W.

Summary

Infectious laryngotracheitis (ILT) is a notifiable worldwide occurring respiratory disease of poultry, which can be lethal due to suffocation or exhaustion of the animals. The causative viral agent (ILTV, *Gallid alphaherpesvirus* 1) possesses a narrow host range. Except for chickens, clinical signs have been observed only in pheasants, and, though very rarely, in turkeys. Surviving animals establish a livelong latent infection in neuronal tissues, particularly in the trigeminal ganglion. Occasionally, e. g. induced by stress, the virus is reactivated and shed, leading to infection of naïve chickens. Attenuated live virus vaccines are in use to prevent a serious clinical course of the disease.

During the last ten years between 6 and 39 cases of ILT have been notified in Germany, indicating an upward trend. In 2018, ILT was diagnosed in 31 chicken flocks. However, due to the frequently mild course of the disease, relatively high numbers of unreported cases should be considered. Whereas ILTV-specific serum antibodies are not always found after infection, the virus genome can be readily detected during the acute phase by PCR in tissues of the upper respiratory tract as well as in tracheal swabs. Therefore, only few samples are forwarded by the local veterinary investigations offices to the national reference laboratory (NRL) at the FLI.

In July 2018, the NRL received tissue samples (trachea) of a suspect chicken from Schleswig-Holstein. The samples were analysed initially by the highly sensitive ILTV-specific real-time PCR described in the official methods collection of the FLI, and subsequently by the sequencing of the obtained products; ILTV DNA was unequivocally detected in these samples, though in low amounts only (C_t values 33 - 35). Consistently, isolation of infectious virus was not successful.

Furthermore, the NRL has validated further batches of the "ID Screen ILT Indirect ELISA", which is distributed by ID VET. They did not exhibit cross-reactions with sera from chickens infected with other pathogens like Marek's disease virus (MDV), herpesvirus of turkeys (HVT), Newcastle disease virus (NDV), or avian influenza viruses (AIV). Besides, in most cases, the sensitivity for ILTV-specific serum antibodies was similar to that obtained with the indirect immunofluorescence test described in the official methods collection of the FLI. Therefore, two currently usable batches of the "ID Screen ILT Indirect ELISA" (C76, expiry date 11/2019 and E95, expiry date 08/2020) have been approved as recommended by the NRL. Because of the limited economical relevance of ILT, the FLI is not conducting fundamental or clinical research at the moment.

Zusammenfassung

Die Infektiöse Laryngotracheitis (ILT) ist eine weltweit auftretende meldepflichtige Atemwegserkrankung des Geflügels, die in einem Teil der Fälle zum Tod der Tiere durch Ersticken oder Erschöpfung führen kann. Der virale Erreger (ILTV, *Gallid alphaherpesvirus* 1) zeigt ein enges Wirtsspektrum. Außer bei Hühnern werden klinische Symptome nur bei Fasanen und, sehr selten, Puten beobachtet. In überlebenden Tieren etabliert ILTV eine lebenslange latente Infektion in neuronalen Geweben, vor allem im Ganglion trigeminale. Sporadisch, z. B. in Stresssituationen, wird das Virus reaktiviert und ausgeschieden, was zur Infektion naiver Tiere führen kann. Zur Prävention schwerer Erkrankungen können abgeschwächte Lebendvirusimpfstoffe eingesetzt werden.

In Deutschland schwankte die Zahl der gemeldeten ILT-Ausbrüche in den letzten zehn Jahren zwischen sechs und 39 mit einer leicht ansteigenden Tendenz.

Im Jahr 2018 wurde die ILT in 31 Hühnerbeständen diagnostiziert. Wegen des häufig milden Krankheitsverlaufes ist darüber hinaus von einer relativ hohen Dunkelziffer auszugehen. Während ILTV-spezifische Serumantikörper nach einer Infektion nicht immer nachweisbar sind, ist das Virusgenom während der akuten Phase in Geweben des oberen Respirationstraktes und der Lunge sowie auch in Trachealtupferproben mittels PCR in aller Regel leicht detektierbar. Aus diesem Grund erhält das am FLI angesiedelte nationale Referenzlabor (NRL) nur relativ wenige Einsendungen von den regionalen Untersuchungsämtern.

Im Juli 2018 erhielt das NRL Gewebeproben (Trachea) von einem ILT-verdächtigen und im Landeslabor Neumünster positiv getesteten Huhn aus Schleswig-Holstein. In diesen Proben konnte mit Hilfe der in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Glykoprotein L Gen-spezifischen realtime PCR und durch anschließende Sequenzierung des Produktes eindeutig ILTV-DNA nachgewiesen werden, jedoch nur in geringer Konzentration (Ct-Werte 33 - 35). Folgerichtig war die Isolierung von infektiösem Virus nicht möglich.

Des Weiteren wurden vom NRL weitere Chargen des amtlich zugelassenen serologischen Tests „ID Screen ILT Indirect ELISA“ der Firma ID VET validiert. Diese zeigten keine Kreuzreaktionen mit Seren von Hühnern, die mit anderen Pathogenen wie dem Virus der Marek Krankheit (MDV), dem Putenherpesvirus (HVT), dem Erreger der Newcastle Krankheit (NDV) oder aviären Influenzaviren (AIV) infiziert waren. In den meisten Fällen war auch die Sensitivität für ILTV-spezifische Serumantikörper ähnlich hoch wie mit dem in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen indirekten Immunfluoreszenztest. Deshalb wurden auf Empfehlung zwei derzeit verwendbare Chargen des „ID Screen ILT Indirect ELISA“ freigegeben (C76, verwendbar bis 11/2019 und E95, verwendbar bis 08/2020). Wegen der begrenzten wirtschaftlichen Bedeutung der ILT in Europa werden zurzeit am FLI keine weiterführenden Forschungsarbeiten an deren Erreger durchgeführt.

13. Paratuberkulose – Paratuberculosis (Johne's Disease)

Köhler, H., Möbius, P.

Summary

Paratuberculosis is distributed in cattle herds all over Germany (fig. 1); goat and sheep flocks as well as zoo ruminants are also affected. In 2018, 490 cases in ruminants were reported in the German animal disease reporting system (TSN). Data about the prevalence on individual animal as well as herd level and on the proportion of infected zoo animals are not available.

There is a great diversity of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) genotypes in Germany. Altogether, 93 different MAP genotypes have been detected until now in about 400 isolates from different hosts and regions in Germany using multi-target genotyping. Furthermore, in 2018, isolates from Germany exhibiting 89 different MAP-C (cattle type group) genotypes could be assigned to 11 of 14 global phylogenetic MAP groups using a new SNP-based assay. These results confirm the high phylogenetic diversity of German MAP-C type strains also at a global scale.

Furthermore, in three affected goat flocks from Thuringia, four different MAP-C genotypes were identified. These genotypes were also found in cattle herds in Thuringia and other Federal States.

In 2018, experimental studies related to the licensing process for three different real-time PCRs for the detection of MAP in faecal samples and other matrices were finalized. Diagnostic samples received by the National Reference Laboratory mainly contained faecal and tissue samples from small ruminants and from wild ruminants kept in zoological gardens.

Current research at FLI aims at identifying and characterizing early diagnostic biomarkers for paratuberculosis with special emphasis on volatile organic compounds (VOC). Furthermore, by the use of a new SNP-based method for the characterization of MAP isolates, it was possible to assign MAP isolates from Germany to global phylogenetic MAP groups. Phylogenetic diverse MAP genotypes from Germany and other regions worldwide will be investigated to unveil common putative virulence factors of MAP as well as to identify specific virulence properties in individual strains or genotypes.

The National Recommendations for Hygienic Requirements in Ruminant Husbandry, which contain special recommendations for measures against paratuberculosis in cattle husbandry, continue to apply. In November 2017, a control regulation for paratuberculosis was set in force in Lower Saxony.

Zusammenfassung

Die Paratuberkulose ist in Rinderbeständen in ganz Deutschland verbreitet (Abb. 1), betrifft aber ebenso Schaf- und Ziegenbestände sowie (Wild-) Wiederkäuer in zoologischen Gärten. Im Jahr 2018 wurden im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) 490 Fälle bei Wiederkäuern erfasst. Eine systematische, bundesweite Untersuchung der Prävalenz der Erkrankung auf Herden- und Einzeltierebene bzw. innerhalb von zoologischen Gärten existiert jedoch nicht.

Die Diversität von *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) Genotypen in Deutschland ist hoch. Insgesamt wurden bis 2018 93 veschiedene MAP-Genotypen in ungefähr 400 Isolaten von verschiedenen Wirtsspezies und Regionen in Deutschland bestimmt. Mithilfe eines neuen SNP-basierten Typisierungsverfahrens konnten einige dieser Isolate, die 89 verschiedene MAP-C (Rindertyp-Gruppe) Genotypen aufwiesen, elf von bisher insgesamt 14 globalen phylogenetischen MAP-Gruppen zugeordnet werden. Dieses Ergebnis bestätigt die große phylogenetische Diversität von MAP-C-Typ-Stämmen aus Deutschland auch im globalen Maßstab.

In drei betroffenen Ziegenbeständen in Thüringen wurden vier verschiedene MAP-C Genotypen gefunden, welche auch bei Rindern in Thüringen und in anderen Bundesländern auftraten.

Im Jahr 2018 fanden experimentelle Untersuchungen im Rahmen der Zulassung von drei Real-time PCR Kits zum MAP-Nachweis in Kot- und Gewebeproben ihren Abschluss. Die labordiagnostischen Untersuchungen konzentrierten sich auf Kot- und Organproben von kleinen Wiederkäuern sowie von Wildwiederkäuern aus zoologischen Gärten und Tierparks mit dem Verdacht auf Paratuberkulose.

Aktuelle Forschungsvorhaben des FLI zielen auf die Identifizierung und Charakterisierung früher diagnostischer Biomarker für die Paratuberkulose mit besonderem Augenmerk auf flüchtige organische Substanzen (VOC). Eine Fragestellung ist dabei, ob durch die VOC-Analyse im Luftraum über Kulturen eine Verkürzung und Vereinfachung der kulturellen Diagnostik von MAP erreicht werden kann.

Durch die Etablierung einer neuen SNP-basierten Methode zur Charakterisierung von MAP-Isolaten wurde eine Zuordnung der MAP-Genotypen aus Deutschland zu großen globalen MAP-Clustern und ein Vergleich eigener zu internationalen Studien ermöglicht. Die Ergebnisse bilden die Grundlage für eine Stammauswahl zur geplanten Identifizierung von Virulenzfaktoren und Virulenzeigenschaften von MAP. Das SNP-basierte Typisierungsverfahren wurde hinsichtlich der Frage geprüft, inwiefern es sich für die Untersuchung von epidemiologischen Zusammenhängen eignet.

Die „Empfehlungen für hygienische Anforderungen an das Halten von Wiederkäuern“, die „Maßnahmen zum Schutz gegen die Paratuberkulose in Rinderhaltungen“ enthalten, gelten weiterhin. Niedersachsen hat als einziges Bundesland eine „Verordnung zum Schutz der Rinder gegen Paratuberkulose“ in Kraft gesetzt.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Primärdiagnostik der Paratuberkulose erfolgt in Deutschland in den Untersuchungsämtern der Länder bzw. der Tiergesundheitsdienste. Das nationale Referenzlabor (NRL) für Paratuberkulose sieht seine Aufgaben in der Entwicklung und Implementierung neuer diagnostischer Tests sowie in der Unterstützung der Untersuchungsämter bei der Sicherung der Qualität etablierter diagnostischer Methoden. Ein Schwerpunkt der NRL-Tätigkeit im Jahr 2018 lag in der Optimierung des kulturellen Nachweises von MAP in Kotproben vom Schaf. Die Untersuchungen werden 2019 fortgesetzt.

Weiterhin ist das NRL an der Zulassung und Chargenprüfung kommerziell verfügbarer diagnostischer Tests beteiligt. Im Rahmen der Zulassung von drei Real-time PCR-Kits zum MAP-Nachweis in verschiedenen Probenmatrices wurden umfangreiche experimentelle Untersuchungen durchgeführt und abgeschlossen. Diese konzentrierten sich auf Kot- und Organproben von kleinen Wiederkäuern sowie von Wildwiederkäuern aus zoologischen Gärten und Tierparks mit dem Verdacht auf Paratuberkulose.

Statistische Angaben

Die Paratuberkulose ist in Deutschland eine meldepflichtige Tierkrankheit. Im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) wurden im Jahr 2018 beim Rind 450 Fälle erfasst (Tab. 1), die in ganz Deutschland verbreitet waren (Abb. 1). Im Vergleich zu den Vorjahren gingen die Meldezahlen bei Schaf und Ziege leicht zurück. Als wichtigste Untersuchungsgründe wurden klinischer Seuchenverdacht (n = 220), Monitoringuntersuchungen (n = 155), sonstige Diagnostik (z. B. Einsendung verendeter Tiere, n = 69) und Pflichtuntersuchungen (n = 25) benannt. PCR (n = 195) und kultureller Erregernachweis (n = 201) kamen etwa gleich häufig als primäre diagnostische Methoden zur Anwendung. 65 Feststellungen basierten auf der serologischen Diagnostik bzw. dem Antikörpernachweis, obwohl gemäß Falldefinition der

Antikörpernachweis nur den Verdacht auf Paratuberkulose begründet.

Epidemiologische Untersuchungen

Die am FLI etablierte komplementäre Genotypisierung für MAP ermöglicht eine Charakterisierung des Erregers mit sehr hoher Diskriminierungskraft. Die Ergebnisse von drei Typisierungsmethoden mit insgesamt 13 verschiedenen Zielregionen (IS*900*-RFLP- [2 Pattern], MIRU-VNTR- [8 Loci] und MLSSR [3 Loci]) werden dabei kombiniert. Diese Methode ist sehr aufwändig und deshalb nicht immer vollständig anwendbar. Die Ergebnisse sind aber sehr gut für epidemiologische Studien zu verwenden. Die Genotypisierung von ca. 400 MAP-Isolaten, vorwiegend von Rindern aber auch von acht weiteren Wirtsspezies aus verschiedenen Regionen, ergab 93 MAP-Genotypen für Isolate aus Deutschland. Zusätzlich wurde eine weitere Methode zur Differenzierung von MAP am FLI etabliert. Mit Hilfe des neuen „Single-Nucleotide-Polymorphism (SNP)-based assays“ [Leão *et al.*, 2016] konnten die verschiedenen Genotypen aus Deutschland elf von bisher 14 globalen phylogenetischen Clustern zugeordnet werden. Dieses Ergebnis zeigt die hohe Diversität von MAP in Deutschland im Weltmaßstab und die globale Verbreitung von MAP-Subtypen, die auch in Deutschland vorkommen. Es reflektiert die lange Geschichte der Paratuberkulose in Deutschland basierend auf einem intensiven nationalen und internationalen Tierhandel.

Im Jahr 2018 wurden MAP-Isolate aus drei verschiedenen Thüringer Ziegenbeständen mit Paratuberkulose charakterisiert. In Bestand Nr. 1 wurde MAP aus Kotproben von 90 Ziegen kulturell isoliert (Speziesbestätigung mittels PCR). Serologisch zeigten nur 37 % dieser Tiere ein positives Ergebnis (IDVET PTB). 45 von 46 Isolaten besaßen den gleichen Genotyp. Zusätzlich wurden die Isolate beider Genotypen mittels „SNP-based assay“ auch zwei verschiedenen phylogenetischen Clustern zugeordnet. Aus den Paratuberkulose-positiven Ziegenbeständen Nr. 2 und Nr. 3 wurden zwei weitere Genotypen isoliert. Die in den Ziegen detektierten Genotypen traten in Deutschland, unter anderem auch in Thüringen, ebenfalls in Rinderbeständen auf.

Paratuberkulose kommt in Deutschland auch bei wild lebenden Wiederkäuern vor. Eine Übertragung von MAP zwischen Rind und Rotwild wurde mittels kombinierter Genotypisierung im Rahmen eigener Untersuchungen im Gebiet des Nationalparks Eifel in Nordrhein-Westfalen nachgewiesen (Fritsch *et al.*, 2012). Im Jahr 2018 wurde aus einem vereiterten Lymphknoten eines aufgebrochenen aber ansonsten unauffälligen Frischlings (Fundort: Nordrhein-Westfalen) MAP isoliert und charakterisiert. Das Isolat wies einen in Deutschland bei Rindern weit verbreiteten Genotyp auf. Eine Übertragung über die Umwelt wird vermutet. Damit wurde nach Mensch und klinisch krankem Esel (Stief *et al.*, 2014) MAP in Deutschland aus einem dritten Wirt isoliert, der nicht zu den Wiederkäuern zählt. Dieser Befund belegt erneut die weite Verbreitung von MAP in der Umwelt und eine Aufnahme des Paratuberkuloseerregers auch durch Nichtwiederkäuer.

Forschung

2017/2018 wurde am FLI der „SNP-based assay“ von Leão *et al.* (2016) etabliert. Diese Methode basiert auf Vollgenomanalysen von 133 Isolaten verschiedener Wirtsspezies aus 17 Regionen der Welt und ermöglicht eine Zuordnung von MAP-Isolaten zu 14 phylogenetischen Gruppen und Subgruppen. Außerdem wurde untersucht, ob sich diese Methode auch für epidemiologische Untersuchungen eignet.

156 MAP-C-Typ Isolate, die 89 verschiedene Genotypen umfassten (Kombination aus IS900-RFLP, MIRU-VNTR und MLSSR) und von neun Wirtsspezies aus zwölf Bundesländern in Deutschland stammten, wurden mit dem „SNP-based assay“ charakterisiert.

Die Studie zeigte die phylogenetisch hohe Diversität von deutschen MAP-C-Typ-Stämmen in einer globalen Dimension. Die Genotypen bzw. Isolate aus Deutschland gehörten zu neun von zehn Untergruppen innerhalb der Subgruppe A und zur Subgruppe B, welche durch Leão *et al*. (2016) definiert wurden. Übereinstimmend mit Leão *et al*. (2016) fanden sich in Klade 10 Isolate bzw. deren Genotypen mit der größten Anzahl an Wirtsspezies (n = 7); dazu gehörten auch der Mensch und das Bison. Es wurden zusätzlich viele Genotypen mit unbekanntem SNP-Profil gefunden, die phylogenetisch zur Subgruppe A gehören. Unabhängig von der geographischen Herkunft oder der Wirtstierspezies gehörten identische Genotypen in den meisten Fällen zur gleichen phylogenetischen Gruppe. Epidemiologische Verknüpfungen von MAP-Stämmen aus Rind und Rotwild, welche mit Hilfe der kombinierten Genotypisierung für das Gebiet des Eifel-Nationalparks in einer früheren Studie aufgedeckt wurden, konnten mit Hilfe des „SNP-based assays“ im Wesentlichen bestätigt werden.

Die Ergebnisse bekräftigen, dass MAP-C-Typ-Stämme keine Wirtsassoziation besitzen und phylogenetisch verwandte Stämme in Wiederkäuern und Nichtwiederkäuern vorkommen. Die phylogenetische Zuordnung von Isolaten mit dem SNP-basierten Assay kann ein Ausgangspunkt für die weitere Charakterisierung dieser Isolate und die Untersuchung von Übertragungswegen sein.

In einem von der DFG geförderten Forschungsvorhaben wurde untersucht, ob im Luftraum über bakteriellen Kulturen (*headspace*) spezifische Profile flüchtiger organischer Substanzen (VOC) nachweisbar sind und ob diese Profile diagnostisch genutzt werden können. Dazu wurden die VOC-Muster im Luftraum (*headspace*) über MAP-Kulturen aus drei unabhängigen Studien, in denen unterschiedliche Kulturbedingungen vorlagen und verschiedene Präkonzentrierungsmethoden zum Einsatz kamen, vergleichend untersucht. Unabhängig von der methodischen Variabilität konnten 28 definierte VOC unterschiedlicher chemischer Stoffklassen als indikativ für MAP-Wachstum identifiziert werden. Weiterführende Untersuchungen sollen nun klären, ob dieses VOC-Profil auch für die Identifizierung von MAP-Wachstum in diagnostischen Proben geeignet ist.

Staatliche Maßnahmen

Die Paratuberkulose ist nicht bekämpfungspflichtig. Die „Empfehlungen für hygienische Anforderungen an das Halten von Wiederkäuern“ enthalten die deutschlandweite Bekämpfungsstrategie, die in den „Maßnahmen zum Schutz gegen die Paratuberkulose in Rinderhaltungen“ formuliert ist. In sieben Bundesländern werden, zum Teil schon seit mehr als zehn Jahren, freiwillige Programme zur Kontrolle bzw. Bekämpfung der Paratuberkulose durchgeführt. Im November 2017 trat in Niedersachsen und damit erstmals in einem Bundesland die „Verordnung zum Schutz der Rinder gegen Paratuberkulose“ in Kraft.

Zoonosepotenzial

Es gibt auch weiterhin keine wissenschaftlich gesicherten Erkenntnisse über einen ursächlichen Zusammenhang zwischen Morbus Crohn des Menschen und der Paratuberkulose bei Wiederkäuern.

Veröffentlichungen

[1] Fontana S, Pacciarini M, Boifava M, Pellesi R, Casto B, Gastaldelli M, Koehler H, Pozzato N, Casalinuovo F, Boniotti MB. 2018. Development and evaluation of two multi-antigen serological assays for the diagnosis of bovine tuberculosis. J Microbiol Meth 153:118-126.
https://doi.org/10.1016/j.mimet.2018.09.013

[2] Küntzel A, Oertel P, Trefz P, Miekisch W, Schubert JK, Köhler H, Reinhold P. 2018. Animal science meets agricultural practice: Preliminary results of an innovative technical approach for exhaled breath analysis in cattle under field conditions. Berl. Münch. Tierärztl. Wochenschr. DOI 10.2376/0005-9366-17101

[3] Möbius P, Köhler H. 2018. Assignment of MAP type C strains from Germany to global phylogenetic MAP groups. 14th International Colloquium on Paratuberculosis, June 04 - 08 2018, Riviera Maya, Mexico [O-02.1, page 96].

Tabelle 1: In TSN gemeldete Paratuberkulose-Fälle 2018

Jahr	Rind	Schaf	Ziege	Andere Tierarten/ Boviden/ Muffelwild	Gesamt
2018	450	21	15	4	490

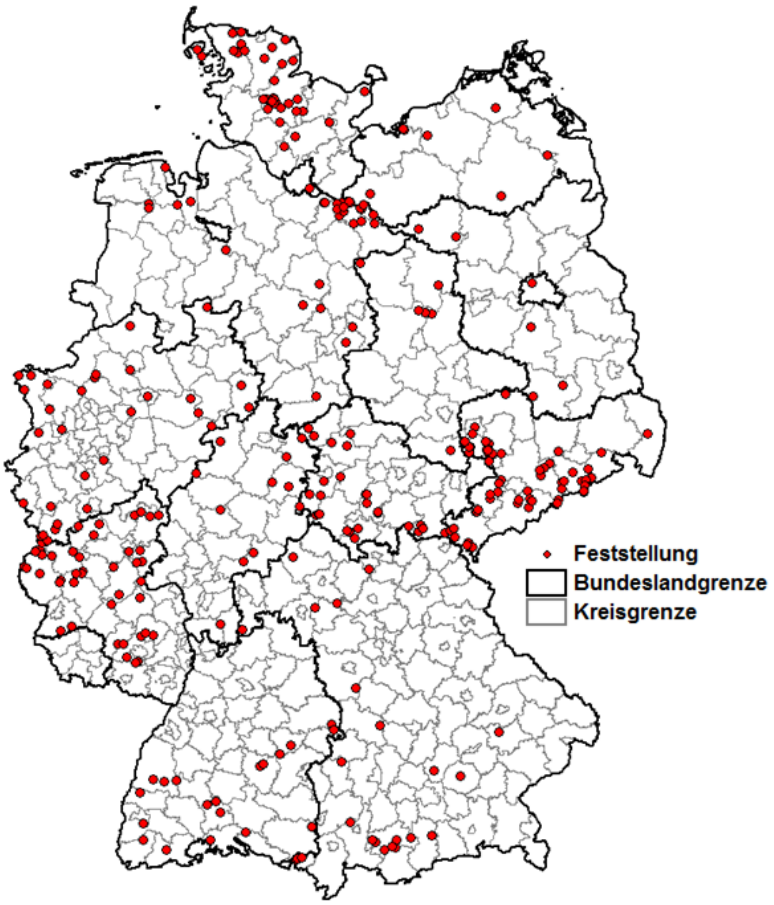


Abb. 1: Regionale Verteilung der im Jahr 2018 in Deutschland gemeldeten Paratuberkulosefälle (Quelle: TSN)

14. Q-Fieber – Q-Fever

Henning, K., Wittwer, M., Stellfeld, M., Parvizi, O., Mertens-Scholz, K.

Summary

Coxiella burnetii is a small, intracellular bacterium that causes abortion in cattle, sheep and goats. These animals are considered as the main reservoir for human Q-fever infection (zoonosis), which manifests as a flu-like illness, hepatitis or endocarditis. *Coxiella burnetii* can be transmitted via aerosol or by ticks. The agent might also have some relevance as food-borne pathogen particularly in association with raw milk and raw milk products. Real-time PCR is a quick and sensitive method for detection of the Q-fever agent. In some cases isolation of *C. burnetii* in cell culture is used as confirmation of an infection. Over the last decades, between 46 and 416 human cases were annually reported in Germany including both, outbreaks and sporadic cases. Persons in regular contact with farm animals including farmers, veterinarians and abattoir workers have an elevated risk of contracting the disease.

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

Phone: ++49(0)3641-804 2499

E-mail: Katja.Mertens-Scholz@fli.de

Zusammenfassung

Beim Q-Fieber handelt es sich um eine grippeähnliche Erkrankung des Menschen, die durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht wird. Als Erregerreservoir gelten insbesondere infizierte Wiederkäuer (Zoonose).

Das durch den zoonotischen Erreger *Coxiella burnetii* verursachte Q-Fieber kommt bis auf Neuseeland weltweit vor. Aufgrund der geringen minimalen Infektionsdosis und der Übertragung über Aerosole gilt *C. burnetii* als Biowaffenagens (Oyston *et al.*, 2011). In Menschen verläuft Q-Fieber in etwa 60 % der Infektionen symptomlos, während bei der anderen Hälfte eine akute, grippeähnliche Erkrankung auftritt. Bei 1 - 5 % der Fälle kann sich eine lebensbedrohliche, chronische Krankheit (Endokarditis, Hepatitis) entwickeln.

Q-Fieber-Ausbrüche stellen eine ernsthafte Bedrohung für die öffentliche Gesundheit dar, mit bis zu 415 bestätigten humanen Infektionen pro Ausbruch (Roest *et al.*, 2013). Der große Q-Fieber Ausbruch in den Niederlanden von 2007 - 2010 hatte 4.000 akute und 284 chronische Erkrankungen zur Folge, wobei die Sterblichkeitsrate der chronisch Infizierten bei 19,1 % lag (Kampschreur *et al.*, 2014).

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

Labordiagnostische Untersuchungen

Im Jahre 2018 wurden 1.988 Proben mittels real time-PCR oder ELISA auf *C. burnetii*-spezifische DNA bzw. *C. burnetii*-spezifische Antikörper untersucht. Bei diesen Proben handelte es sich um Organ- und Serumproben von Rindern, Ziegen und Schafen sowie um DNA-Proben.

Forschung

Sichere Diagnostik zur Bekämpfung zoonotischer Erreger - Entwicklung eines neuen Testsystems für *Coxiella burnetii*

[1]Stellfeld, M.; [2]Henze, S.; [2]Richter,I.-G.; [3]Scholz, F.; [1]Melzer, F. und [1]Mertens-Scholz, K.

[1]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Jena
[2]Forschungszentrum für Medizintechnik und Biotechnologie GmbH, Bad Langensalza
[3]Senova Gesellschaft für Biowissenschaft und Technik mbH, Weimar

Die oft subklinische Ätiopathologie sowie die suboptimale Sensitivität und Spezifität der derzeit verwendeten serologischen Diagnostika verhindern eine schnelle und zuverlässige Erkennung infizierter Tiere (Paul *et al.*, 2013). Daher sind neue, innovative diagnostische Tests notwendig.

Ziel dieser Studie ist es, einen monoklonalen antikörperbasierten Pen-Side-Test für den Antigennachweis zu entwickeln. Dies soll einen Erregernachweis vor Ort und am Tier ermöglichen, um somit das Erregerreservoir zu eliminieren und eine weitere Erregerausbreitung zu verhindern. Für den serologischen Antigennachweis werden bakterielle Proteine rekombinant hergestellt, die in der Literatur oder aus eigenen Studien als serologisch reaktiv identifiziert wurden (Gerlach *et al.*, 2017). Anhand der Reaktivität mit positiven und negativen Feldseren von Schafen, Rindern und Ziegen im Western Blot werden für *Coxiella* spezifische Proteine ermittelt. Diese bilden die Grundlage für die Generierung von monoklonalen Antikörpern und deren Einsatz für die Entwicklung eines mobilen Pen-Side-Tests zum Antigennachweis.

Im Zellkulturinfektionsmodell auf Basis von Makrophagen und Trophoblasten, den natürlichen Wirtszellen von *C. burnetii*, soll die Wirt-Pathogen-Interaktion charakterisiert werden. Hierfür werden Transkriptionsanalysen (mRNA-Sequenzierung) von zellfrei und in Zellkultur propagierten Bakterien durchgeführt. Unterschiede in der Expression einzelner Gene können mögliche Regulations- und Adaptionsmechanismen des Erregers identifizieren, die wichtig für das intrazelluläre Überleben von *Coxiella burnetii* sein können.

Ein preiswertes, einfach zu bedienendes und mobiles Testsystem, welches den direkten und schnellen Nachweis von infizierten Tieren im Feld ermöglicht, könnte den Nachweis von Ausscheidern verbessern. Die Behandlung dieser Tiere wird die weitere Ausbreitung des Q-Fiebers begrenzen und kann zu einer Verbesserung der Gesundheit von Mensch und Tier sowie zur Verringerung wirtschaftlicher und ökologischer Verluste führen.

Literatur

- Paul, S., *et al.* (2013) Bayesian estimation of sensitivity and specificity of Coxiella burnetii antibody ELISA tests in bovine blood and milk. Prev Vet Med 109(3-4): 258-263.
- Gerlach, C., *et al.* (2017) *Coxiella burnetii* immunogenic proteins as a basis for new Q fever diagnostic and vaccine development. Acta Virol. 61(3):377-390.

Epidemiologische Untersuchungen zur Verbreitung der bovinen Anaplasmose in Nordafrika und im Nahen Osten

[1]Parvizi, O.; [1]Mertens-Scholz, K.; [1]El-Adawy, H.; [1]Melzer, F.; [2]Rösler, U. und [1]Neubauer, H.

[1]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Jena
[2]Freie Universität Berlin, Institut für Tier- und Umwelthygiene, Berlin

Die bovine Anaplasmose (BA) ist eine weltweit in tropischen und subtropischen Regionen verbreitete, durch Zecken übertragbare Krankheit mit großer ökonomischer Bedeutung für die Rinderhaltung. Der Erreger *Anaplasma marginale* ist ein obligat intra-

zelluläres Alpha-Proteobakterium und repliziert innerhalb von Erythrozyten. Eine Infektion in Rindern führt zu Anämie, Gewichtsverlust, Fieber bis hin zum Tod des Tieres. Nach einer überwundenen Infektion sind diese Tiere lebenslange Träger der Anaplasmose. *A. centrale*, *A. bovis* und *A. phagocytophilum* können ebenfalls Rinder infizieren, aber mit weitaus milderen Symptomen.

Das Ziel dieses Projekts ist es, die Verbreitung der bovinen Anaplasmose anhand eines Literaturreviews in 19 Ländern Nordafrikas und im Nahen Osten zu analysieren. Weiterhin soll die Prävalenz in Ägypten mittels serologischer und molekularer Analyse gesammelter Serumproben von Rindern bestimmt werden.

Anhand des Literaturreviews konnte gezeigt werden, dass BA in Algerien, Ägypten, Marokko, Tunesien, Sudan, Irak und Saudi-Arabien seit Anfang 2000 vermehrt in Rindern, Schafen, Ziegen und Kamelen anhand mikroskopischer, serologischer oder PCR-Techniken nachgewiesen werden konnte. Die Anzahl der positiven Tiere unterliegt dabei großen Schwankungen von unter 10 % bis über 60 % für jedes Land. Zur Bestimmung der Prävalenz von BA in Ägypten wurden 753 Seren von Rindern mittels cELISA untersucht, die während einer Q-Fieber-Studie in 2015 und 2016 in 24 Governorates gesammelt worden waren. Für die Analyse wurde Ägypten in drei Domänen unterteilt. In der westlichen Wüstenregion wurden 333 (44,2 %), im Nil-Delta 285 (37,8 %) und in der östlichen Wüstenregion 135 (18 %) Rinder beprobt. Insgesamt sind 140 (18,6 %) Seren serologisch positiv für Anaplasmen. In allen drei Domänen liegt die Anzahl der positiven Proben zwischen 18 % und 19 %. Einige der Seren (2 % - 7%) waren ebenfalls positiv für *C. burnetii*-spezifische Antikörper. Abschließend sollen die positiven Proben auf Anaplasma-spezifische DNA mittels real time-PCR untersucht und die Spezies mittels Sequenzierung bestimmt werden. Die hier ermittelten Daten zeigen eindeutig, dass BA endemisch in Nordafrika und im Nahen Osten ist.

Untersuchung der Übertragung von *Coxiella burnetii* durch Zecken

[1,2]Körner, S.; [1]Makert, G.R.; [2]Mertens-Scholz, K.; [2]Henning, K.; [3]Pfeffer, M. und [1]Ulbert, S.

[1]Fraunhofer Institut für Zelltherapie und Immunologie, Leipzig
[2]Friedrich-Loeffler Institut, Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Jena
[3]Institut für Tierhygiene und öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Fakultät, Universität Leipzig

Der Q-Fieber-Erreger *C. burnetii* wird überwiegend aerogen durch die Inhalation infizierter Stäube übertragen. Auch Zecken wird eine potentielle Vektorrolle zugesprochen, da bereits in den 1930er Jahren *C. burnetii* aus einer Zecke isoliert werden konnte (Davis, Cox, 1938); in Prävalenzstudien konnte auch Coxiellen-DNA in Wirtstiere suchenden Zecken detektiert werden (Bonnet *et al.*, 2019). Die Abwesenheit infizierter Zecken im Rahmen größerer Q-Fieber-Ausbrüche (Sprong *et al.*, 2012) und der Nachweis eng mit *C. burnetii* verwandter, nicht pathogener Endosymbionten in Zecken steht jedoch im Widerspruch zu einer möglichen Vektorfunktion (Duron *et al.*, 2015). Im Rahmen des Projektverbundes Q-GAPS werden verschiedene Übertragungswege innerhalb von Zeckenpopulationen und von Zecken auf den Wirt untersucht. In einem membranbasierten, artifiziellen Fütterungssystem (Kröber, Guerin, 2007) wurden zunächst adulte Zecken der Spezies *Ixodes ricinus* mit Blut gefüttert, welches zum Teil *C. burnetii* enthielt. Mittels real time-PCR wurden anschließend Zecken sowie deren Kot auf Erreger-DNA überprüft. Auch juvenile Zecken (Nymphen) wurden infiziert, um eine transstadiale Übertragung in das nächste Entwicklungsstadium zu überprüfen, welche für eine Übertragung über den Zeckenbiss notwendig wäre. Das *in vitro*-Fütterungssystem konnte etabliert werden, wobei sich 50 % der adulten Zeckenweibchen vollsaugten.

Durch die Zecken erfolgte eine Aufnahme der Erreger mit der Blutmahlzeit und DNA von *C. burnetii* konnte über fünf Wochen nach der Fütterung in den Zecken detektiert werden. Im Kot konnte ebenfalls *C. burnetii* nachgewiesen und im Zellkulturversuch Infektions- und Replikationsfähigkeit gezeigt werden. Die Ausscheidung von *C. burnetii* über eine Woche nach dem Kontakt der Zecken mit erregerhaltigem Blut lässt auf eine Vermehrung der Bakterien im Mitteldarm der Zecken schließen. Somit ist, wie bereits bei anderen Zeckenspezies beschrieben (Schliesser, 1991), von einer möglichen Gefahr durch die Inhalation von infiziertem Zeckenkot von *I. ricinus* auszugehen. Im weiteren Verlauf wird nun untersucht, ob auch eine Übertragung durch den Speichel möglich wäre und ob die nächste Zeckengeneration ebenfalls Erreger in sich trägt.

Literatur

- Bonnet, S. *et al*. (2013) Prevalence of tick-borne pathogens in adult *Dermacentor* spp. ticks from nine collection sites in France. Vector Borne Zoonotic Dis.13(4):226-36.
- Davis GE, Cox HR. (1938) A filter-passing infectious agent isolated from ticks. I. Isolation from *Dermacentor andersonii*, reactions with animals, and filtration experiments. Publ Health Rep 53:2259–2276.
- Duron O. *et al*. (2015): The mportance of ticks in Q fever transmission: What has (and has not) been demonstrated? Trends Parasitol. 31(11):536-552.
- Kröber T, Guerin PM. (2007) *In vitro* feeding assays for hard ticks. Trends Parasitol. 23(9):445-9. Epub 2007 Jul 27. Review.
- Schliesser T. (1991) Epidemiology and importance of Q fever in German livestock. / Zur Epidemiologie und Bedeutung des Q-Fiebers bei Tieren. Wien Tieraerztl Monat. 1991: 78: 7-12.
- Sprong H. et al. (2012) Prevalence of *Coxiella burnetii* in ticks after a large outbreak of Q fever. Zoonoses Public Health. 59(1):69-75.

Inaktivierung von *Coxiella burnetii* bei der Kurzzeiterhitzung von Milch

Wittwer, M.[1], Mertens-Scholz, K.[1], Hammer, P.[2], Henning, K.[1]

[1]Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Bakterielle Infektionen und Zoonosen, Jena
[2]Max Rubner-Institut, Institut für Sicherheit und Qualität bei Milch und Fisch, Kiel

Bereits kurz nach der Entdeckung von *Coxiella burnetii* als ätiologisches Agens für das Q-Fieber wurde der Erreger in der Milch verschiedener Wiederkäuer (Ziege, Rind, Büffel) nachgewiesen. Die Präsenz von *C. burnetii* in der Milch infizierter Tiere variiert stark, je nach Art der durchgeführten Studie. Sowohl der Fokus auf dem Tier- bzw. Herdenlevel, die zu untersuchende Tierart als auch das Nachweissystem haben signifikanten Einfluss auf das Ergebnis. Infizierte Tiere können das Bakterium unter anderem durch den Melkprozess ausscheiden. Nicht immer ist das gesamte Euter infiziert. Die Infektion kann sich auf einzelne Viertel beschränken, ohne sich auf die anderen Viertel auszubreiten. Vermehrungsfähige Erreger konnten aus Rohmilch und aus Milchprodukten, wie z. B. Buttermilch, Butter und Käse isoliert werden. Daher ist es nötig, Rohmilchprodukte zu pasteurisieren, bevor sie in die Nahrungskette des Menschen gelangen. Die Vorschriften für die Pasteurisierung von Milch wurden während der 50er und 60er Jahre des letzten Jahrhunderts durch zahlreiche Experimente erarbeitet und sind nach wie vor der internationale Standard.

Ziel dieser Studie ist es, die Bedingungen für die Kurzzeiterhitzung von *Coxiella burnetii*-haltiger Milch entsprechend den Vorgaben des Codex Alimentarius zu analysieren. Des Weiteren sollen die

Mechanismen der Hitzeresistenz des Bakteriums untersucht werden, indem die sporenähnliche (SCV) und die metabolisch aktive (LCV) Zellform miteinander verglichen werden. Hierbei wurden sowohl SCV-angereicherte als auch Mischkulturen beider Zellformen unter verschiedenen Stresssituationen getestet und anschließende Transkriptionsanalysen durchgeführt.

C. burnetii-Feldisolate von Rindern, Schafen und Ziegen wurden erfolgreich im axenischen Medium vermehrt. Hierbei konnten bei den Isolaten deutliche Unterschiede in der Vermehrungsrate beobachtet werden: Während die Isolate von Schaf und Ziege sich relativ schnell vermehrten, wiesen die Isolate vom Rind eine wesentlich geringe Vermehrungsrate auf. Obwohl ähnliche Beobachtungen auch bei der Vermehrung in der Zellkultur beobachtet wurden, können aufgrund der geringen Anzahl der getesteten Isolate noch keine gesicherten Aussagen getroffen werden, ob sich hinsichtlich dieser Eigenschaft Isolate vom Rind grundsätzlich von Isolaten von Schaf und Ziege unterscheiden.

Im Berichtszeitraum wurden u. a. folgende Ergebnisse erzielt: Die Breakpoints aller sechs zu untersuchenden Isolate konnten erfolgreich bestimmt werden. Bei fünf Isolaten lag der Breakpoint im Bereich von 65 °C, in einem Fall sogar bei ca. 61 °C. Beim Anteil der überlebenden Kolonien bei den Pasteurisierungsversuchen der Breakpoint-Proben zeigten sich deutliche Unterschiede in der Hitzeresistenz: Beide Schafisolate wiesen eine höhere Überlebensrate nach einer Hitzebehandlung bei 61 °C auf als die Isolate von Ziege und Rind. Hieraus ergab sich ein Hinweis darauf, dass die Hitzeresistenz von Coxiellen eine Isolat-spezifische Eigenschaft sein könnte.

Von Coxiellen wurden large cell variants (LCV) und small cell variants (SCV) mittels Transferelektronenmikroskopie (TEM) untersucht. Die SCV, die als die resistentere Form gilt, wurde angereichert. Die Untersuchungen hierzu wurden bereits durchgeführt, die statistische Auswertung ist allerdings zurzeit noch in Bearbeitung. Hierdurch sollen, wie eingangs erwähnt, kinetische Daten zur Hitzeinaktivierung gewonnen werden, die für eine Prozessmodellierung verwendbar sind.

15. Rauschbrand – Blackleg

Seyboldt, C.

Summary

Blackleg is an acute, infectious, but non-contagious gas oedema with an epizootic course. Young cattle are most commonly affected. However, younger calves, older cattle as well as sheep and goats of any age may become infected as well.
Blackleg is a notifiable disease in Germany. The causative agent is *Clostridium (C.) chauvoei*, which has to be differentiated from other gas oedema causing bacteria, especially *C. septicum*, the infectious agent of malignant oedema. Further *Clostridium* species have to be considered in differential diagnosis.
Since 1950, the beginning of the statistical recording of blackleg outbreaks, a downward trend in the yearly number of outbreaks was observable till the 1990ies (Tab.1, Tab. 2). In 2018, a total of 6 outbreaks were noted.

Zusammenfassung

Seit 1950, dem Beginn der statistischen Erfassung der Rauschbrandausbrüche in Deutschland, konnte bis in die 1990 Jahre ein tendenzieller Rückgang der jährlichen Ausbruchszahlen beobachtet werden (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2018 wurden sechs Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

Epidemiologie

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

Labordiagnostische Untersuchungen

Bei den Gasödeminfektionen sind weitere Clostridienspezies, wie *C. novyi*, *C. perfringens*, *C. histolyticum*, *C. sordellii* und *C. fallax* differentialdiagnostisch zu berücksichtigen, darüber hinaus ist Milzbrand auszuschließen. Die Abgrenzung von *C. chauvoei* und *C. septicum* mit traditionellen mikrobiologischen Methoden ist problematisch, da sich die beiden Erreger in vielen Eigenschaften gleichen. Eine Differenzierung ist über die Wuchsform und biochemische Tests sowie die direkte Immunfluoreszenz möglich, doch bringen nicht alle Reaktionen immer eindeutige Ergebnisse. Alternativ bzw. zur Ergänzung und Bestätigung der mikrobiologischen Diagnose von *C. chauvoei* eignen sich konventionelle PCR-Methoden (z. B.: Sasaki *et al.* 2000, Sasaki *et al.* 2001) und Realtime PCR-Methoden (z. B.: Lange *et al.* 2010).

Statistische Angaben

Seit der statistischen Erfassung der Rauschbrandausbrüche im Jahr 1950 ließ sich in den beiden Jahrzehnten von 1980 bis 1999 ein tendenzieller Rückgang der Neuausbrüche pro Jahr beobachten, von 1999 bis 2009 sank die Zahl der Neuausbrüche im langjährigen Mittel nicht weiter (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2018 wurden sechs Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

Tabelle 1: Rauschbrandausbrüche 1950 bis 2009

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

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 16.04.2019)

Tabelle 2: Rauschbrandausbrüche 2008 bis 2018

Rauschbrand	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Neuausbrüche	34	14	22	13	10	6	6	3	7	9	6

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 16.04.2019)

Die Fallzahlen der Jahrgänge 1950 – 1990 beziehen sich ausschließlich auf das Gebiet der alten (11) Bundesländer. Ab 1991 werden die Fallzahlen für das gesamte Bundesgebiet (16 Bundesländer) wiedergegeben.

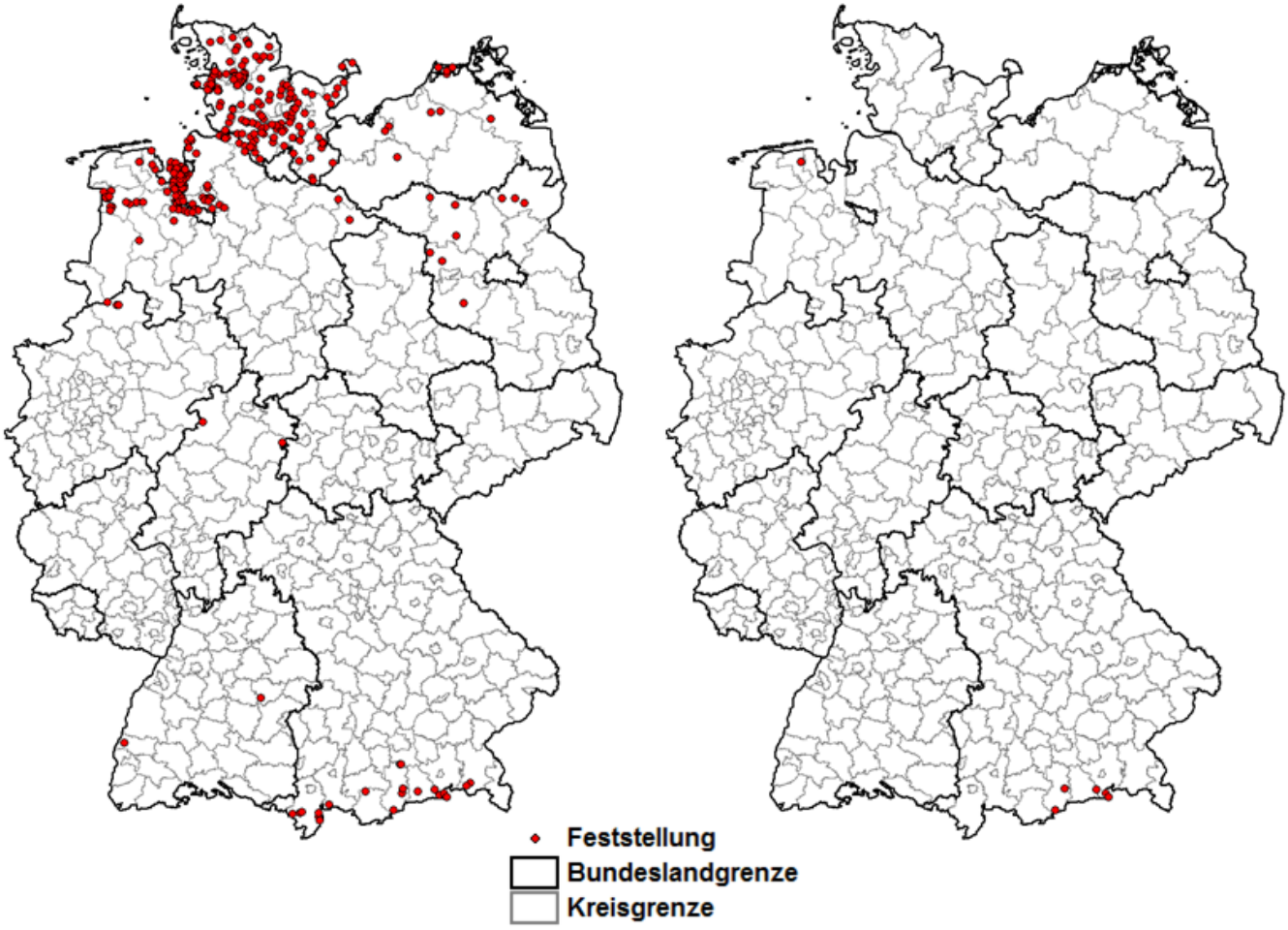


Abb. 1: Räumliche Verteilung der Rauschbrandausbrüche (n = 359) von 01.01.1995 bis 31.12.2018 (linke Karte) und im Berichtszeitraum (n = 6) von 01.01.2018 bis 31.12.2018 (rechte Karte)

Forschung

Zur Verbesserung der molekularen Diagnostik aus infiziertem bzw. verdächtigem Gewebe sowie zur Identifikation von Isolaten wurde eine Realtime PCR zur Detektion von *C. chauvoei* und *C. septicum* entwickelt (Lange *et al*. 2010). Ein weiteres Forschungsziel ist die kontinuierliche Erweiterung der Stammsammlung.

Staatliche Maßnahmen

Ein Ausbruch des Rauschbrandes im Sinne der Verordnung zum Schutz gegen den Milzbrand und den Rauschbrand liegt vor, wenn dieser durch bakteriologische oder serologische Untersuchung festgestellt ist. *C. chauvoei* muss dabei von anderen Gasödemerregern, insbesondere von *C. septicum*, dem Erreger des Pararauschbrandes, abgegrenzt werden. Die Verordnung sieht einen gewissen Er-

messensspielraum bei der Anordnung von Schutzmaßregeln gegen den Rauschbrand vor. In den letzten Jahren wurde teilweise von der möglichen Anordnung der Impfung für Tiere, die auf sogenannte Rauschbrandalpen oder -weiden in der Voralpenregion aufgetrieben werden sollten, Gebrauch gemacht. Seit dem 01.01.2015 wird die Rauschbrandimpfung in Bayern nicht mehr angeordnet und die Kosten nicht mehr von der Bayerischen Tierseuchenkasse erstattet. Eine freiwillige Impfung wird empfohlen.

Zoonosepotential

Im Jahr 2008 erschien der erste Bericht zu einem humanen Gasödemfall, der durch *C. chauvoei* verursacht wurde (Nagano *et al*. 2008). Ein weiterer Fallbericht wurde im Jahr 2011 veröffentlicht (Weatherhead and Tweardy 2012). Obwohl diese die bisher einzigen Fallbeschreibungen darstellen, sollte *C. chauvoei* als potentiell humanpathogen betrachtet werden.

Literaturverzeichnis

- Lange M, Neubauer H, Seyboldt C. Development and validation of a multiplex real-time PCR for detection of Clostridium chauvoei and Clostridium septicum. Mol Cell Probes. 2010 24(4):204-10.
- Nagano N, Isomine S, Kato H, Sasaki Y, Takahashi M, Sakaida K, et al. Human fulminant gas gangrene caused by Clostridium chauvoei. J Clin Microbiol 2008;46:1545-7.
- Sasaki Y, Yamamoto K, Kojima A, Tetsuka Y, Norimatsu M, Tamura Y. Rapid and direct detection of Clostridium chauvoei by PCR of the 16S-23S rDNA spacer region and partial 23S rDNA sequences. J Vet Med Sci 2000;62:1275-81.
- Sasaki Y, Yamamoto K, Amimoto K, Kojima A, Ogikubo Y, Norimatsu M, et al. Amplification of the 16S-23S rDNA spacer region for rapid detection of Clostridium chauvoei and Clostridium septicum. Res Vet Sci 2001;71:227-9.
- Weatherhead JE, Tweardy DJ. Lethal human neutropenic entercolitis caused by Clostridium chauvoei in the United States: tip of the iceberg? J Infect. 2012 Feb;64(2):225-7. Epub 2011 Sep 16.

16. Salmonellose der Rinder – Salmonellosis in cattle

Methner, U.

Summary

In Germany, outbreaks of salmonellosis in cattle herds, which are officially confirmed by the competent authority, are notifiable. In 2018, 98 outbreaks of bovine salmonellosis were recorded (table 1). The number of outbreaks in the federal states between 2014 and 2018 is shown in table 2. The regional distribution of salmonellosis outbreaks in cattle herds between 2015 and 2018 is presented in figure 1.

While the serovar *Salmonella (S.) Typhimurium* caused ca. 50% of the annually reported oubreaks of salmonellosis from 1995 to 2002 and thus represented the most important serovar, this percentage decreased in 2003 and 2004 to ca. 38% and 39%, respectively. After an increase during the following years, *S. Typhimurium* outbreaks reached their lowest point in 2018 with a percentage of 34% (table 3). The share of outbreaks caused by the host-adapted serovar *S.* Dublin amounted to 45% in 2018. Outbreaks by the serovar *S. Abony* were not recorded in 2018, and ca. 10% of all registered outbreaks were caused by *S. Enteritidis*. The summarised group of all other serovars accounted for 11% of all outbreaks of salmonellosis in cattle. The distribution of the serovars in the reported outbreaks reveals considerable differences between the federal states in Germany. The finding that the host-adapted serovar *S. Dublin* is not detected in some federal states but caused repeatedly the majority of salmonellosis outbreaks in some other federal states is an indicator that this serovar is endemic in several areas.

Zusammenfassung

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2018 insgesamt 98 Ausbrüche (Stand: 15.03.2019) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die Anzahl der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2014 bis 2018 zeigt Tabelle 2. Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in Deutschland ist in Abbildung 1 dargestellt.

Während die Serovar *Salmonella (S.) Typhimurium* von 1995 bis 2002 mit einem Anteil von ca. 50 % an den angezeigten Ausbrüchen die Hauptursache für die Salmonellose der Rinder in Deutschland war, verringerte sich dieser Anteil in den Jahren 2003 und 2004 auf ca. 38% bzw. 39%. Nach einem Anstieg der *S.-Typhimurium*-Ausbrüche in den nachfolgenden Jahren betrug der Anteil in 2018 ca. 34%. Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 45 % aller Salmonellose-Ausbrüche. *S. Abony* wurde in 2018 nicht nachgewiesen. Der Anteil der *S.-Enteritidis*-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig. Im Jahr 2018 wurden jedoch wieder zehn Ausbrüche durch diese Serovar angezeigt. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf. Im Jahr 2018 wurden durch diese Gruppe nur 11 % aller Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist. Die Verteilung der Salmonella-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche regionale Unterschiede hin. Während die Serovar *S. Typhimurium* sowohl 2017 als auch 2018 in fast allen Bundesländern mit Salmonellose-Ausbrüchen nachgewiesen wurde, bestehen bei den anderen Salmonella-Serovaren Unterschiede.

Die Tatsache, dass die an das Rind adaptierte Serovar Dublin in einigen Bundesländern nicht nachgewiesen wird, in einigen Bundesländern jedoch den größten Anteil der gemeldeten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht, ist ein Hinweis darauf, dass diese Serovar in einigen Regionen nur ausnahmsweise oder gar nicht vorkommt, in bestimmten Bundesländern, jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen, endemisch ist.

Labordiagnostische Untersuchungen

Seit Februar 2011 werden die Serotypisierung, die Lysotypie, die Antibiotikaresistenztestung, die Impfstamm-Wildstamm-Differenzierung und die molekularbiologische Feintypisierung von Salmonella-Stämmen des Rindes am nationalen Referenzlabor (NRL) für Salmonellose der Rinder in Jena durchgeführt. Im Jahr 2018 wurden insgesamt 305 eingesandte Salmonella-Stämme typisiert. Weitere Aufgaben umfassen die Beratung bei Ausbrüchen an Salmonellose der Rinder. Vom NRL Salmonellose der Rinder wurde der Artikel „Salmonellose der Rinder: Empfehlungen zur Vorgehensweise nach Feststellung eines Ausbruchs“ in der Zeitschrift Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle (4/2012, 253-260) veröffentlicht. Darüber hinaus erfolgen durch das NRL Salmonellose der Rinder umfangreiche Chargenprüfungen sowie Untersuchungen zur Zulassung von Diagnostika. In 2018 wurden insgesamt 34 Chargenprüfungen von ELISA-Tests zur serologischen Diagnostik von Salmonella-Infektionen beim Geflügel und beim Schwein sowie Untersuchungen im Rahmen von drei Zulassungsverfahren durchgeführt.

Statistische Angaben

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2018 insgesamt 98 Ausbrüche (Stand: 15.03.2019) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche von 2015 bis 2018 ist in Abbildung 1 dargestellt. Der in Deutschland seit dem Jahr 2002 erfolgende Rückgang der angezeigten Ausbrüche der Salmonellose beim Rind setzte sich erneut nicht fort. Seit 2016 schwankt die Anzahl der Ausbrüche um den Wert 100.

In den meisten Bundesländern ist die Anzahl der jährlich angezeigten Ausbrüche relativ konstant. Ein stärkerer Anstieg oder Rückgang der Anzahl der Ausbrüche in einzelnen Jahren tritt in mehreren Bundesländern auf (Tab. 2). Eine kontinuierliche Entwicklung über mehrere Jahre ist jedoch in keinem Bundesland nachweisbar. Es ist offen, inwieweit die Anzahl der amtlich festgestellten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in Deutschland das Vorkommen von Salmonellen in der Rinderpopulation tatsächlich widerspiegelt. Während die Serovar *Salmonella (S.) Typhimurium* von 1995 bis 2002 mit einem Anteil von ca. 50 % an den angezeigten Ausbrüchen die Hauptursache für die Salmonellose der Rinder in Deutschland war, verringerte sich dieser Anteil in den Jahren 2003 und 2004 auf ca. 38 % bzw. 39 %. In den nachfolgenden Jahren hatte sich dieser Anteil stabilisiert. In den Jahren 2016 und 2017 verursachte die Serovar *S. Typhimurium* 41 %, in 2018 nur 34 % aller angezeigten Ausbrüche (Tab. 3). Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 45 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Die Serovar *S. Abony* verursachte in 2018 keine amtlich festgestellten Ausbrüche. Die Anzahl der *S.-Enteritidis*-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, im Jahr 2014 wurden jedoch wieder fünf und in den Jahren 2015, 2016 und 2018 zehn bzw.

acht Ausbrüche durch diese Serovar angezeigt. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf. Im Jahr 2018 wurden durch diese Gruppe 11 % aller Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist. Es wird eher beobachtet, dass die Serovaren in dieser Gruppe nahezu jährlich wechseln.

Eine Übersicht über die Verteilung der Salmonella-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche regionale Unterschiede hin (Tab. 4). Während die Serovar *S. Typhimurium* bis auf einzelne Ausnahmen in allen Bundesländern mit Salmonellose-Ausbrüchen vorkommt, bestehen bei den anderen Salmonella-Serovaren Unterschiede. Die Tatsache, dass die an das Rind adaptierte Serovar Dublin in einigen Bundesländern nicht nachgewiesen wird und z. B. in einigen Bundesländern seit Jahren den größten Anteil der gemeldeten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht, ist ein Hinweis darauf, dass diese Serovar in einigen Bundesländern nur ausnahmsweise oder gar nicht vorkommt, während sie speziell in Niedersachsen, Schleswig-Holstein und Bayern, jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen, endemisch ist. Das wird insbesondere durch den sehr starken Anstieg der *S.-Dublin* Ausbrüche in Bayern in 2017 und in Schleswig-Holstein in 2018 deutlich. Andere einzelne Salmonella-Serovaren scheinen keine besonderen Verbreitungsgebiete zu haben, da die Nachweisraten von *S. Abony* und *S. Enteritidis* in den letzten Jahren sowohl zwischen den Bundesländern als auch innerhalb der Bundesländer erheblichen Schwankungen unterlagen. Die Gruppe der anderen Serovaren verursachte nach einem Rückgang im Jahr 2014 auf nur sieben Ausbrüche im Jahr 2015 wiederum 13, in 2016 insgesamt 23 und im Jahr 2017 auch 20 Ausbrüche an Rinder-Salmonellose. Dabei traten jedoch jährliche Schwankungen zwischen den Bundesländern sowohl hinsichtlich der ausbruchsverursachenden Serovaren als auch deren prozentualer Anteile auf. In 2018 wurde ein Rückgang der angezeigten Ausbrüche durch diese Gruppe beobachtet. Eine zunehmende Tendenz einzelner Serovaren aus dieser Gruppe ist nicht erkennbar.

Für die Immunprophylaxe von Kälbern gegen die Salmonellose des Rindes stehen *S.-Dublin*- und *S.-Typhimurium*-Lebendimpfstoffe zur Verfügung. Gegen *S.-Typhimurium*-Infektionen bei älteren und adulten Tieren kann ein kommerzieller Inaktivatimpfstoff eingesetzt werden. Darüber hinaus besteht bei anderen Salmonella-Serovaren die Möglichkeit, stallspezifische Inaktivatimpfstoffe herstellen zu lassen. Grundsätzlich sollten Impfungen gegen die Salmonellose der Rinder prophylaktisch durchgeführt werden, um die Widerstandsfähigkeit der Tiere gegen eine Infektion zu erhöhen.

In der Praxis wird die Immunisierung jedoch nahezu ausschließlich erst nach der Feststellung einer Salmonellose in einem Bestand als Interventionsmaßnahme eingesetzt. Die Angaben aus dem TSN lassen jedoch keine Rückschlüsse auf die Durchführung einer Immunisierung nach einem festgestellten Rinder-Salmonellose-Ausbruch zu. Der prophylaktische Einsatz von Salmonella-Impfstoffen sollte insbesondere in Gebieten erfolgen, in denen bestimmte Serovaren endemisch auftreten und wiederholt Salmonellose-Ausbrüche verursachen.

Epidemiologische Untersuchungen durch das NRL Salmonellose der Rinder

Ein wesentlicher Schwerpunkt der Aufgaben des NRL Salmonellose der Rinder sind Untersuchungen zur Epidemiologie der Salmonellose in Rinderbestän-

den. Damit sollen auch allgemeingültige Erkenntnisse gewonnen werden, um eine bessere Beratungsfunktion gewährleisten zu können.

Im Jahr 2018 wurden durch das NRL Salmonellose der Rinder in Zusammenarbeit mit den zuständigen Veterinärbehörden und den Untersuchungsämtern nach einer entsprechenden Anfrage fünf Ausbrüche an Rinder-Salmonellose begleitet.

Darüber hinaus steht das NRL Salmonellose der Rinder bei Rückfragen zur Diagnostik, Epidemiologie, Prophylaxe und Bekämpfung von Ausbrüchen an Salmonellose der Rinder bzw. Salmonella-Infektionen bei allen anderen landwirtschaftlichen Nutztieren zur Verfügung.

Das Ziel dieser Untersuchungen besteht insbesondere darin, die Übertragungswege und die Ursachen für das Zirkulieren der Salmonellen in den Beständen zu analysieren, um danach effektive herdenspezifische Barrieresysteme einzurichten. Es hat sich klar gezeigt, dass eine wirksame Bekämpfung der Salmonellose der Rinder eine kritische Analyse der hygienischen Bedingungen im Betrieb und die Etablierung bzw. Wiederetablierung von effektiven Hygieneregimen zur nachhaltigen Unterbrechung der betriebsinternen Salmonella-Ausbreitungswege erfordert.

Zoonosepotential

Salmonellen gehören weltweit zu den wichtigsten von Tieren auf den Menschen übertragbaren Krankheitserregern. Anteilmäßig besitzen dabei die durch kontaminierte Lebensmittel hervorgerufenen Infektionen die größte Bedeutung. Nach dem bis zum Jahr 1992 erfolgten Anstieg (ca. 195.000 gemeldete Infektionen) der Salmonellosen beim Menschen in der Bundesrepublik Deutschland hat sich die Anzahl der Infektionen bis zum Jahr 2016 (ca. 12.881) kontinuierlich verringert. Im Jahr 2017 kam es nach einem sehr langen Zeitraum erstmals wieder zu einem Anstieg der gemeldeten Salmonella-Infektionen beim Menschen auf 14.074 Fälle, der sich jedoch in 2018 (13.460 Fälle) nicht fortsetzte. *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* sind nach wie vor die Serovaren mit der größten Bedeutung. Seit dem Jahr 2009 änderten sich jedoch erstmals seit mehr als zehn Jahren die prozentualen Häufigkeiten der krankheitsverursachenden Salmonella-Serovaren beim Menschen. Im Jahr 2017 wurden 28 % der humanen Infektionen durch *S. Enteritidis*, 31 % durch *S. Typhimurium* und 41 % durch die Gruppe aller anderen Serovaren verursacht. Unter Berücksichtigung epidemiologischer Daten über das Vorkommen von Salmonellen in verschiedenen Lebensmitteln kann geschlussfolgert werden, dass *S.-Enteritidis*-Infektionen des Menschen vorwiegend durch Eier, Eiprodukte sowie Geflügelfleisch und *S.-Typhimurium*-Infektionen durch Schweinefleisch bzw. Schweinefleischerzeugnisse hervorgerufen werden.

Der genaue Anteil an Salmonella-Infektionen des Menschen durch vom Rind stammende Lebensmittel ist nicht bekannt. Es muss jedoch darauf hingewiesen werden, dass zum Rohverzehr bestimmte Lebensmittel (insbesondere Rohmilch, Rohmilchkäse) aus Rinderbeständen mit nachgewiesenen oder möglicherweise nicht erkannten Salmonella-Infektionen ein hohes Gesundheitsrisiko, besonders für Risikogruppen (Kleinkinder, Schwangere, ältere Menschen, immunsupprimierte Personen) darstellen. Um das Infektionsrisiko für den Ver¬braucher so gering wie möglich zu halten, muss das Inverkehrbringen von Rohmilch aus mit Salmonellen infizierten Rinderbeständen ausgeschlossen werden.

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

2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
99	120	81	95	109	102	77	68	65	100	106	98

Tabelle 2: Anzahl angezeigter Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2014 bis 2018

Bundesland	**2014**	**2015**	**2016**	**2017**	**2018**
Berlin	-	-	-	-	-
Brandenburg	1	1	6	5	4
Baden-Württemberg	8	7	9	15	15
Bayern	20	11	25	27	13
Hessen	1	2	6	3	5
Mecklenburg-Vorpommern	1	1	3	3	1
Niedersachsen	13	14	17	12	14
Nordrhein-Westfalen	5	10	6	7	9
Rheinland-Pfalz	4	4	3	4	2
Saarland	-	-	1	-	-
Schleswig-Holstein	9	7	11	15	27
Sachsen	2	3	2	9	3
Sachsen-Anhalt	3	1	2	5	2
Thüringen	1	4	9	1	3
Gesamt	**68**	**65**	**100**	**106**	**98**

Tabelle 3: Nachgewiesene *Salmonella*-Serovaren bei Ausbrüchen in den Jahren 2015 bis 2017 in der Bundesrepublik Deutschland

***Salmonella*-Serovaren**	**2016**		**2017**		**2018**	
	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%
Typhimurium	33	41,0	43	40,6	33	33,7
Dublin	26	26,0	37	34,9	44	45,0
Abony	2	2,0	2	1,8	0	0
Enteritidis	8	8,0	4	3,8	10	10,2
Salmonella ssp.	23	23,0	20	18,9	11	11,2

Tabelle 4: Anteil von *Salmonella*-Serovaren an angezeigten Ausbrüchen in den Bundesländern in den Jahren 2017 und 2018

Bundes-land	Anzahl (n) Ausbrüche gesamt		*Salmonella*-Serovaren									
			Typhimurium		Dublin		Abony		Enteritidis		*S.* ssp.	
	2017	2018	2017	2018	2017	2018	2017	2018	2017	2018	2017	2018
B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BB	5	4	3	2	-	1	-	-	-	1	2	-
BW	15	15	7	10	-	1	1	-	2	4	5	-
BY	27	13	8	2	13	8	-	-	2	-	4	3
HE	3	5	2	3	-	-	1	-	-	-	-	2
MV	3	1	1	-	2	1	-	-	-	-	-	-
NI	12	14	2	4	10	7	-	-	-	1	-	2
NW	7	9	3	5	2	2	-	-	-	-	2	2
RP	4	2	4	-	-	-	-	-	-	2	-	-
SL	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SH	15	27	3	3	9	24	-	-	-	-	3	-
SN	9	3	8	2	-	-	-	-	-	-	1	1
ST	5	2	1	-	1	-	-	-	-	2	3	-
TH	1	3	1	2	-	-	-	-	-	-	-	1
Gesamt	**106**	**98**	**43**	**33**	**37**	**45**	**2**	**0**	**4**	**9**	**20**	**11**

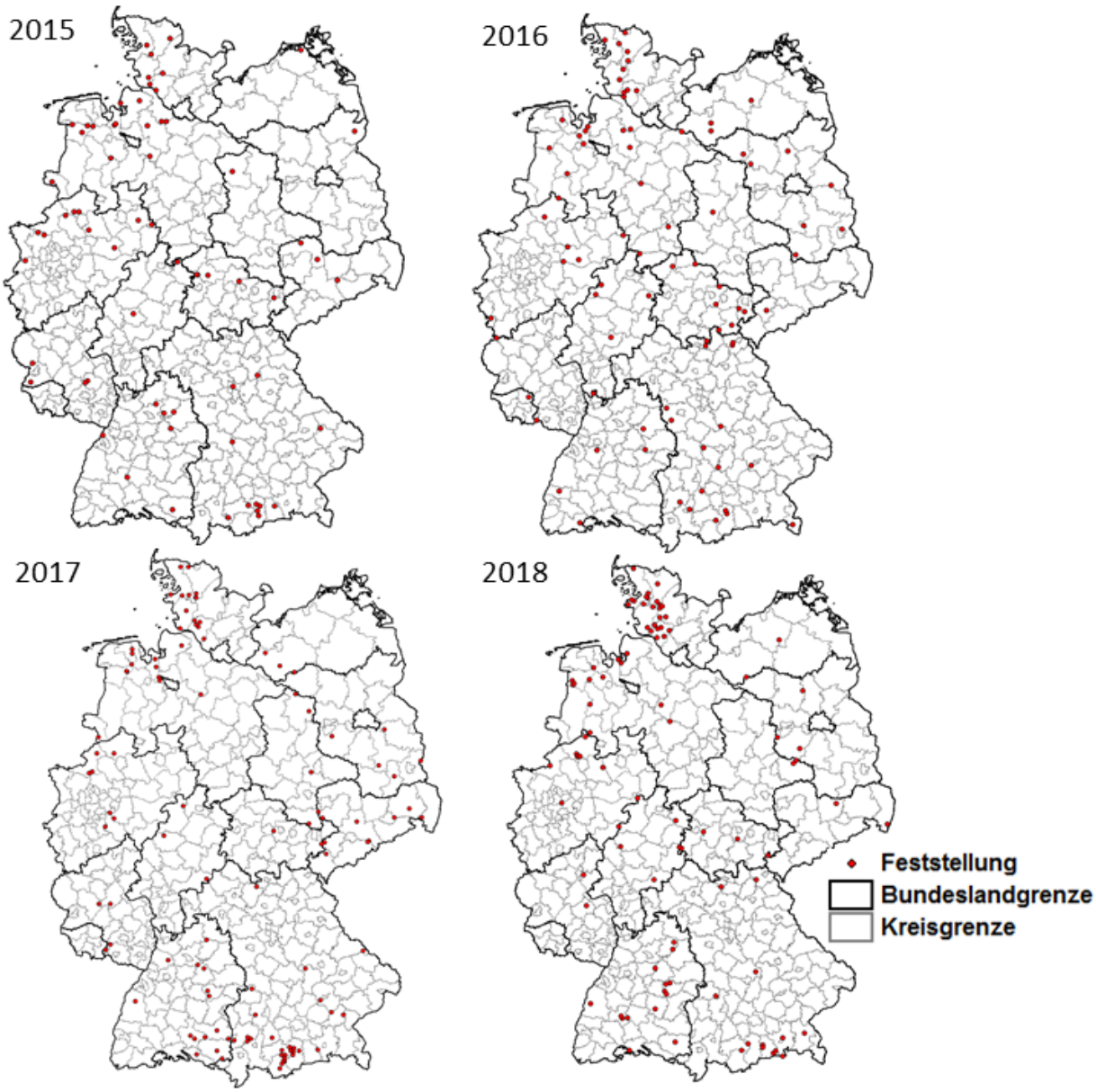


Abb. 1: Regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in der Bundesrepublik Deutschland in den Jahren 2015 bis 2018 (2015: 65 Ausbrüche, 2016: 100 Ausbrüche, 2017: 106 Ausbrüche und 2018: 98 Ausbrüche)

17. Shigatoxin-bildende *Escherichia coli* [(STEC, syn. Verotoxin-bildende *E. coli* (VTEC)] – Shiga toxin-producing *E. coli* (Vero toxin-producing *E. coli*)

Barth, S. A., Berens, C., Menge, C.

Summary

Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC, also designated as vero toxin-producing *E. coli* (VTEC), including the enterohaemorrhagic *E. coli* (EHEC) associated with haemorrhagic colitis (HC) and haemolytic-uraemic syndrome (HUS), range among the most important food-borne bacterial zoonotic infections. Cattle, other farm ruminants such as sheep and goats, and wildlife ruminants represent the main reservoir for STEC/EHEC. Undercooked beef, raw milk, raw milk products, and non-pasteurized milk as well as other beef or dairy products are described as main sources of human infection. Contaminations, which are spread from chilled products (meat) to non-contaminated food products such as cooked sausages as well as contaminated cold-pressed fruit juices and contaminated vegetables are also proven sources. Furthermore, pastures contaminated with faeces of cattle harboring the pathogen and cultivable land fertilized with cattle manure where STEC/EHEC strains can survive for several months must be considered, too. Bathing or drinking water (wells) infiltrated with STEC/EHEC, e. g. from neighboring pastures, can pose a significant risk of infection as well as direct contact with animals (petting zoos, visits to agricultural enterprises, agrotourism) and faecal-oral transmission between humans, especially in shared accommodations.

STEC producing Shiga toxin (Stx) of the subtype Stx2e and expressing F18ab fimbriae are the causative agents of edema disease that occurs preferably in piglets during the first two weeks after weaning from the sow. Edema disease occurs worldwide in intensive pig farming and can lead to significant economic damage.

In Germany, suspected human infections, human disease or death from enteropathic HUS are notifiable by name pursuant to article 6 of the Infection Protection Act. Non-HUS EHEC diseases must be notified separately. In these cases, direct or indirect detection of EHEC strains is also notifiable by name, if the bacteria are considered to be responsible for acute disease (article 7 of the Infection Protection Act).

Detection of STEC in samples from domestic animals must be notified pursuant to the regulation on other reportable animal diseases.

Allgemeine Angaben

Shigatoxin-bildenden *Escherichia coli* (STEC, syn. Verotoxin-bildende *E. coli* (VTEC)), zu denen auch die mit der hämorrhagischen Colitis (HC) und dem hämolytisch-urämischen Syndrom (HUS) assoziierten enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) gezählt werden, gehören zu den bedeutendsten durch Lebensmittel übertragene bakteriellen zoonotischen Infektionen. Das Hauptreservoir für STEC/EHEC stellen Rinder, andere landwirtschaftlich genutzte Wiederkäuer wie Schafe und Ziegen sowie Wildwiederkäuer dar. Unzureichend gegartes Rindfleisch, Rohmilch und Rohmilchprodukte bzw. nicht pasteurisierte Milch sowie andere Produkte von Rindern werden als hauptsächliche Infektionsquelle für den Menschen beschrieben. Aber auch Kontaminationen, die von

Kühlware (Fleisch) auf unbelastete Lebensmittel wie Kochwurst übergingen, kontaminierte, kalt gepresste Fruchtsäfte sowie kontaminiertes Gemüse sind bestätigte Quellen menschlicher Infektionen. Weiterhin sind durch erregerhaltigen Rinderkot kontaminierte Weiden sowie mit Rindergülle gedüngte Anbauflächen, auf denen sich STEC/EHEC-Stämme mehrere Monate halten können, mögliche Infektionsquellen. STEC/EHEC, die von dort aus in anliegende Badegewässer bzw. ins Trinkwasser (Brunnenanlagen) gelangen, können ein erhebliches Infektionsrisiko darstellen. Daneben darf aber auch das Risiko von Infektionen durch direkten Kontakt zu Tieren (Streichelzoos, Besuche in landwirtschaftlichen Betrieben, „Ferien auf dem Bauernhof“) sowie die fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch, besonders in Gemeinschaftseinrichtungen, nicht übersehen werden.

STEC, die Shigatoxin (Stx) des Subtyps Stx2e bilden und über Fimbrien vom Typ F18ab verfügen, sind Verursacher der weltweit in Intensivhaltungen von Schweinen verbreiteten Ödemkrankheit, die vorzugsweise bei Ferkeln während der ersten beiden Wochen nach dem Absetzen vom Muttertier auftritt und zu bedeutenden ökonomischen Schäden führen kann.

Labordiagnostische Untersuchungen

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

An das nationale Referenzlabor (NRL) für VTEC können *E. coli*-Isolate für eine weitere Charakterisierung bzw. Feintypisierung eingesandt werden. Das angebotene Methodenspektrum reicht von konventioneller und real-time PCR über Micro-Array-Analysen bis hin zur Genomsequenzierung. Für epidemiologische Fragestellungen werden Multi-Lokus-Sequenz-Typisierungen (MLST) und Restriktionsfragment-Muster-Analysen (RFLP) mittels Pulsfeld-Gelelektrophorese angeboten. Der Nachweis des Stx mittels ELISA bzw. Zytotoxizitätstest (Verozelltest) kombiniert mit dem Verozellneutralisationstest steht ebenfalls zur Verfügung.

Wünschenswert wäre die Einbeziehung des NRL für VTEC auch in Verfolgsuntersuchungen in Tierbeständen, die im Zusammenhang mit humanen EHEC-Erkrankungen stehen.

Statistische Angaben

Im Jahr 2018 wurden STEC-Nachweise aus 161 Beständen in TSN gemeldet (Tabelle 1). Die häufigsten Nachweise erfolgten dabei in Schweinebeständen (n = 120). Außerdem wurden in 31 Rinder- und vier Schafbeständen sowie bei drei Hunden und einer Katze STEC gefunden und gemeldet. Daneben wurden bei zwei Wildtieren (Rehwild) STEC gemeldet.

Die gemeldeten Nachweise spiegeln jedoch die wahre Verbreitung von STEC in Deutschland nicht wider und sind eher das Ergebnis von Zufallsbefunden.

Tabelle 1: Übersicht über die in 2018 gemeldeten Nachweise von STEC bei Tieren (TSN; Stichtag 12.06.2019)

Bundesland	Anzahl gemeldete Fälle	betroffene Tierarten
Baden-Württemberg	5	Schwein, Rind
Bayern	23	Rind, Schwein, Schaf, Hund
Brandenburg	1	Rind
Hessen	8	Rind, Schwein, Schaf
Mecklenburg-Vorpommern	14	Rind, Schwein
Niedersachsen	47	Rind, Schwein, Hund, Katze, Rehwild
Nordrhein-Westfalen	34	Rind, Schwein
Rheinland-Pfalz	8	Rind, Schwein, Schaf, Hund
Saarland	2	Rind
Sachsen	1	Schaf
Sachsen-Anhalt	6	Schwein
Schleswig-Holstein	10	Rind, Schwein
Thüringen	2	Schwein
Gesamt	**161**	**-**

Forschung

Eine vollständige Eliminierung von STEC aus den Reservoirwirten erscheint derzeit nicht erreichbar, jedoch zielt die Forschung auf eine Reduzierung der Erreger im Rind ab. Dabei werden verschiedene Strategien verfolgt. Eigene, langjährige Studien haben gezeigt, dass neben den sporadisch auftretenden STEC auch STEC-Klone, die in einzelnen Tieren oder Herden über einen langen Zeitraum persistieren können, nachweisbar sind. Da Shigatoxin auf Bakteriophagen kodiert wird, können aus persistierenden STEC-Klonen heraus jederzeit neue Klone mit unkalkulierbarem humanen Gefährdungspotential entstehen. Deshalb werden Interventionsstrategien auf solche Klone ausgerichtet, die als bakterielles Reservoir für stx-konvertierende Phagen im Gastrointestinaltrakt von Rindern dienen. Gemeinsam mit kanadischen Kollegen gehen wir der Frage nach, inwieweit endemische Häufungen von EHEC-Infektionen oder HUS-Fällen in Gebieten mit inten-

siver Rinderhaltung eher auf die Übertragung von das Rind sporadisch oder persistierend kolonisierenden Stämmen zurückzuführen ist. Neben der Analyse der komplexen Mechanismen für das Persistenzvermögen der Klone sollen die Regelkreise zwischen dem genetischen Hintergrund der STEC sowie ihren Adhärenz-Eigenschaften, den klonspezifischen Wirtszellantworten und der wirtsinduzierten bakteriellen Genexpression aufgeklärt werden. Dazu werden derzeit primäre intestinale 3D-Organoide aus Darmzellen des Rindes entwickelt. Mit dem Shigatoxin haben wir bereits einen bakteriellen Faktor identifiziert, der über die Manipulation des bovinen Immunsystems der persistierenden STEC-Infektion und -Ausscheidung durch Rinder Vorschub leistet. Diese Ausscheidung kann durch eine Kombination aus aktiver und passiver Immunisierung von Kälbern mit genetisch inaktivierten rekombinanten Shigatoxoiden reduziert werden. In Zusammenarbeit mit schottischen und argentinischen Kollegen untersuchen wir, wie diese Immunisierung in eine Interventionsstrategie gegen STEC-Ausscheidung durch Rinder eingebettet werden kann.

Staatliche Maßnahmen

In der Humanmedizin sind in Deutschland nach § 6 des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) der Krankheitsverdacht, die Erkrankung sowie der Tod an enteropathischem HUS namentlich meldepflichtig. Vom HUS abgegrenzt werden in der Meldepflicht die anderen EHEC-bedingten Erkrankungen. In diesen Fällen ist nach § 7 IfSG der direkte oder indirekte Nachweis von EHEC-Stämmen, soweit er auf eine akute Infektion hinweist, ebenfalls namentlich zu melden.

Nachweise von STEC bei Tieren sind seit dem Jahr 2005 nach der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (in der Fassung der Bekanntmachung vom 20. Dezember 2005, BGBL I S. 3516) ebenfalls meldepflichtig.

18. Tollwut – Rabies

Müller, T., Freuling, C.

Summary

In 2018, Germany maintained its status as being free from terrestrial rabies. In the framework of targeted rabies surveillance following international requirements of the World Organistaion of Animal Health (OIE) for maintenance of a rabies-free status and based on available data in the reporting period, a total of 3,030 animals of various species (thereof 1,763 foxes) were tested nationwide for rabies. Rabies surveillance and diagnosis follow international recommendations as laid down in the Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals (Terrestrial Manual) of the OIE and the national legislation on rabies control as amended and promulgated on 4 October 2010 (BGBl. I S. 1313).

In 2018, a total of 17 cases of rabies in bats were detected in the regional veterinary laboratories from the federal states of Schleswig-Holstein, Lower Saxony, North Rhine-Westphalia, Berlin, Brandenburg, and Saarland. Virus characterization revealed all isolates to belong to EBLV-1.

Zusammenfassung

Seit dem Jahr 2008 ist Deutschland anerkannt frei von Tollwut. Im Rahmen der gezielten Tollwutsurveillance zur Aufrechterhaltung des freien Status gemäß OIE wurden in Deutschland im Berichtszeitraum nach den dem FLI vorliegenden Daten bundesweit insgesamt 3.030 Tiere (davon 1.763 Füchse) auf Tollwut getestet. Die Tollwutsurveillance und –routinediagnostik richtet sich nach den Empfehlungen des Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals (Terrestrial Manual) der OIE sowie der TW-VO in der Fassung der Bekanntmachung vom 4. Oktober 2010 (BGBl. I S. 1313).

Im Jahr 2018 wurden insgesamt 17 Fledermaustollwutfälle in den Veterinäruntersuchungsämtern der Länder Schleswig-Holstein, Niedersachsen, Nordrhein-Westfalen, Berlin, Brandenburg und des Saarlandes diagnostiziert. Bei allen Fällen handelte es sich um Virusvarianten von EBLV-1.

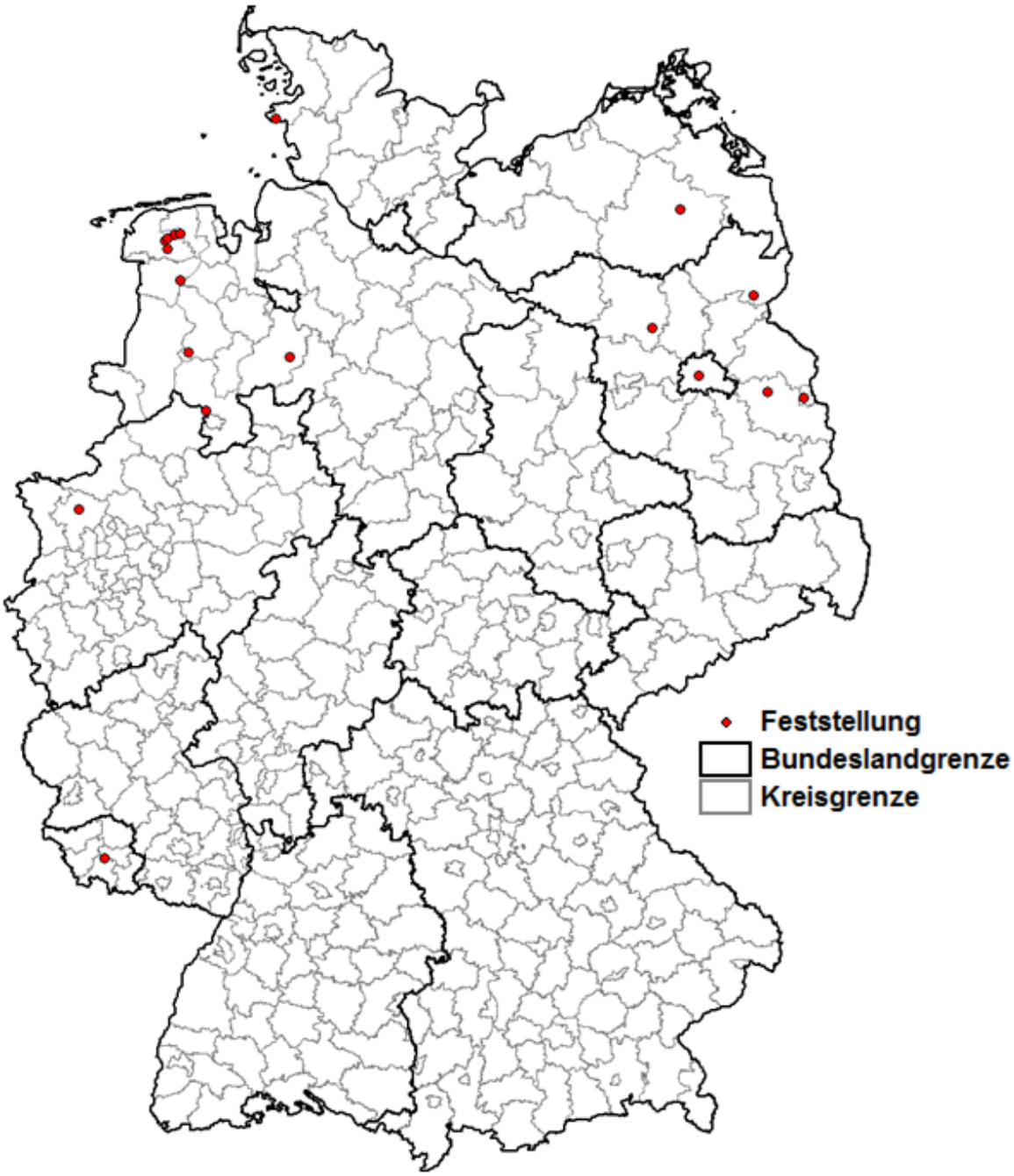


Abb. 1: Nachweise von Fledermaustollwut in Deutschland 01.01.2018 – 31.12.2018

19. Toxoplasmose – Toxoplasmosis

Schares, G., Conraths, F. J.

Summary

Toxoplasmosis is a reportable animal disease in Germany. In 2018, a total of 11 cases were reported (2 in cats; 4 in sheep; 1 in cattle; 2 in foxes; 2 in zoo animals). However, there are indications of underreporting. The regional distribution of the reported cases is similar to earlier published data for *T. gondii* positive feline fecal samples (HERRMANN *et al*. 2010).

Einleitung

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

Epidemiologische Untersuchungen

An das nationale Referenzlabor (NRL) für Toxoplamose gesendete Gewebe infizierter Zwischenwirte und verdächtige Kotproben wurden mit Hilfe der PCR auf *T. gondii* untersucht und die darin nachgewiesenen *T. gondii*-Stadien mittels PCR-RFLP-Verfahren typisiert (HERRMANN *et al*. 2010, 2012 a, b). Das NRL für Toxoplasmose beteiligte sich an internationalen Studien, um eigene serologische Verfahren validieren zu können (PARDINI *et al*., 2012; TSANIDAKIS *et al*., 2012; MORÉ *et al*., 2012).

Labordiagnostische Untersuchungen

Infektionen lassen sich bei der histologischen oder koproskopischen Untersuchung oder durch Erregerisolierung nachweisen. Allerdings ist bei diesen direkten Nachweisverfahren eine anschließende Bestätigung der Erregeridentität mittels PCR erforderlich. Über spezifische Antikörper gegen Tachyzoiten von *T. gondii* (z. B. im Immunfluoreszenztest, ELISA, Westernblot oder Agglutinationstest) können Infektionen indirekt nachgewiesen werden. Im NRL für Toxoplasmose werden vorzugsweise der Immunfluoreszenztest und ein Immunoblot, der auf affinitätschromatographisch gereinigtem Antigen (TgSAG1) basiert, zur serologischen Diagnose eingesetzt. Die Untersuchungszahlen aus dem Jahr 2018 sind in der Tabelle angegeben.

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

	Anzahl
Einsendungen	452
Erregernachweise	7 von 20
Antikörpernachweise	165 von 432

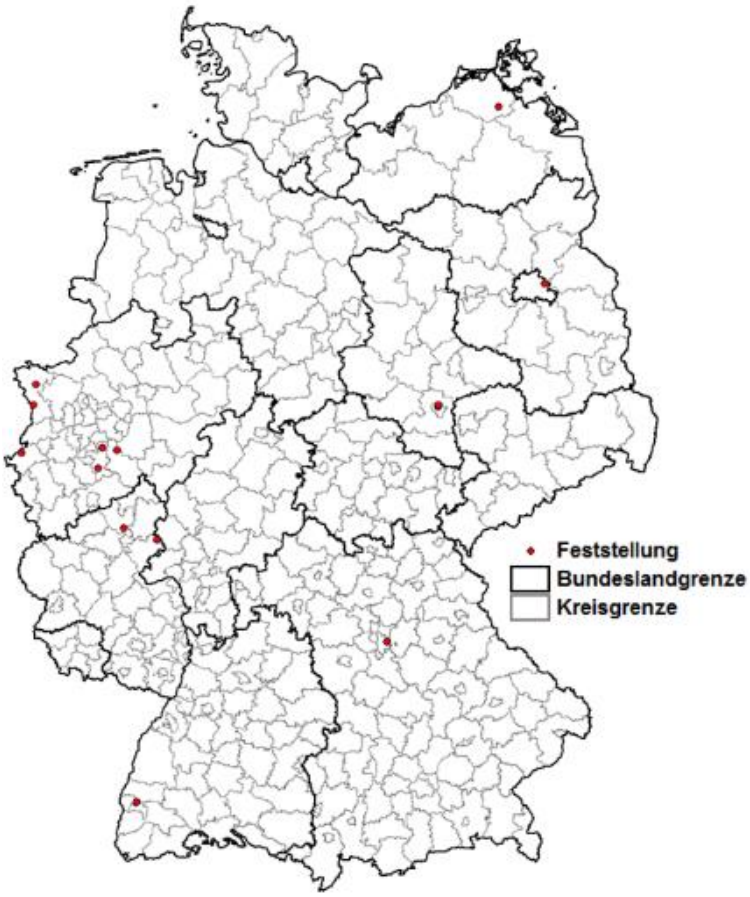


Abb. 1: Verteilung der im Jahr 2018 über TSN mitgeteilten Toxoplasmose-Fälle (n = 11; Stand 25.10.2019)

Statistische Angaben

Gemäß der im Tierseuchennachrichtensystem hinterlegten Falldefinition gelten folgende Voraussetzungen für die Feststellung der Toxoplasmose: 1. Histologischer Erregernachweis mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen, oder 2. kulturelle Erregerisolierung mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen, oder 3. koproskopischer Erregernachweis bei Endwirten (Feliden) mit Bestätigung der Erregeridentität oder 4. indirekter Nachweis der Infektion bei Tieren, die der Lebensmittelgewinnung dienen. Im Jahr 2018 wurden elf Fälle gemeldet (zwei bei Katzen; vier bei Schafen; einer beim Rind; zwei bei Füchsen; zwei bei Zootieren). Die Verteilung der gemeldeten Fälle in Deutschland ist heterogen (Abbildung). Eine ähnliche Verteilung wurde in einer vorausgehenden Studie auch bei positiven Katzenkotproben beobachtet (HERRMANN *et al.* 2010). Es gibt Hinweise, dass nicht alle nachgewiesenen Fälle gemeldet wurden.

Forschung

Das NRL Toxoplasmose führt epidemiologische Untersuchungen zum Vorkommen der Toxoplasmose bei Tieren durch, deren Ergebnisse teilweise bereits veröffentlicht sind (MAKSIMOV *et al.* 2011; MORÉ *et al.*, 2012; PARDINI *et al.*, 2012; TSANIDAKIS *et al.*, 2012; STELZER *et al.*, 2019). Serologische und direk-

te Nachweisverfahren werden weiterentwickelt (HERRMANN *et al.*, 2011). Das NRL Toxoplasmose beschäftigt sich ferner mit der Typisierung von *T. gondii* und mit der Identifizierung und Validierung von Markern, die Aussagen über die Virulenz genetisch verschiedener *T. gondii*-Isolate zulassen (HERRMANN *et al.*, 2010, 2012 a, b).

Staatliche Maßnahmen

Die Toxoplasmose ist gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten in Deutschland eine meldepflichtige Tierkrankheit. Sie wird durch die Erfassung der Fälle im Tierseuchennachrichtensystem passiv überwacht.

Zoonosepotential

Die meisten Primärinfektionen beim Menschen verlaufen asymptomatisch; manche Patienten erkranken an einer Lymphadenopathie oder einer okulären Toxoplasmose. Eine primäre, während der Schwangerschaft erworbene Infektion, kann den Föten schwer schädigen. Bei immunsupprimierten Patienten kann eine Reaktivierung latenter Infektionen zu lebensbedrohlichen Enzephalitiden führen. Der Nachweis kongenital erworbener Toxoplasmosen des Menschen ist nach § 7 Abs. 3 Nr. 6 des Infektionsschutzgesetzes zu melden. In einigen Bundesländern sind auch postnatal erworbene Toxoplasmosen meldepflichtig.

Literatur

- Herrmann *et al*. 2010. Atypical *Toxoplasma gondii* genotypes identified in oocysts shed by cats in Germany, Int. J. Parasitol. 40, 285-292.
- Herrmann *et al*. 2011. Comparison of different commercial DNA extraction kits to detect *Toxoplasma gondii*-like oocysts in cat faeces. Berl. Muench. Tieraerztl. Wochenschr. 124, 497-502.
- Herrmann *et al*. 2012a. *Toxoplasma gondii* in foxes and rodents from the German federal states of Brandenburg and Saxony-Anhalt: Seroprevalence and genotypes. Vet. Parasitol. 185:78-85.
- Herrmann *et al*. 2012b. Genetic characterisation of *Toxoplasma gondii* isolates from European beavers (*Castor fiber*) and European wildcats (*Felis silvestris silvestris*). Vet Parasitol. 191:108-11.
- Maksimov *et al*. 2011. Serological survey and risk factors for *Toxoplasma gondii* in domestic ducks and geese in Lower Saxony, Germany. Vet. Parasitol. 182, 140– 149.
- Moré *et al*. 2012. *Toxoplasma gondii* infection in sentinel and free-range chickens from Argentina. Vet. Parasitol. 184, 116–121.
- Tsanidakis *et al*. 2012. *Toxoplasma gondii* in sheep and goats: seroprevalence and potential risk factors in Greece. Vet. Parasitol. 190:340-8.
- Pardini *et al*. 2012. Evaluation of an in-house TgSAG1 (P30) IgG ELISA for diagnosis of naturally acquired *Toxoplasma gondii* infection in pigs. Vet. Parasitol. 189:204-10.
- Schlüter *et al*. 2014. Animals are key to human toxoplasmosis. Int. J. Med. Microbiol. 304: 917-29.
- Stelzer *et al*. 2019. Toxoplasma gondii infection and toxoplasmosis in farm animals: Risk factors and economic impact. Food and Waterborne Parasitology, https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2019.e00037.

20. Tuberkulose der Rinder – Bovine Tuberculosis

Barth, S. A.

Summary

Tuberculosis (TB) in cattle caused by *Mycobacterium (M.) bovis* / *M. caprae* is a notifiable disease. Both pathogens are members of the *Mycobacterium tuberculosis* complex (MTC), which additionally consists of *M. tuberculosis* and *M. africanum* (tuberculosis in humans), *M. microti* (tuberculosis in mice) and *M. pinnipedii* (tuberculosis in pinnipeds). Recently, even more exotic members of the MTC have been described: *M. orygis* (antelope), *M. suricattae* (meerkat), *M. mungi* (mongoose), and *Dassie bacillus* (rock hyrax). Based on the shared sequence of their 16S rDNA, all members of the MTC are taxonomically very closely related. Due to their close relationship, complex molecular methods are applied to differentiate members of the MTC (RD [region of difference]-typing, spoligotyping). Spoligotyping and MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit/variable number of tandem repeat) typing are nowadays the most frequently used methods for molecular epidemiology of MTC members.

All members of the MTC possess zoonotic potential, since they may cause tuberculosis not only in their primary hosts, but also in other mammalian species, occasionally even in pet birds (psittacids). The most crucial feature for disease transmission is the chronic, long-lasting (weeks, months, years) subclinical course of the disease, still with possible excretion of the pathogen during this stage. Therefore, pasteurization of milk, regular meat inspection, immunological monitoring, culling of positive cattle as well as attention to clinical symptoms compatible with tuberculosis in cattle and other animal species (companion animals, zoo animals, captive and free-ranging wild animals) are prerequisites for efficient control of zoonotic tuberculosis. In 1996, Germany was officially declared free of bovine tuberculosis (Commission decision 97/76/EC) and has maintained this status ever since, which means that on an annual basis at least 99.9 % of all cattle holdings are TB-free.

At the end of the year 2018, 11,949,092 cattle were kept in 139,612 farms. In 2018, six outbreaks were notified, all of them located in Bavaria. Four outbreaks were detected by inspection of slaughter animals, one was a contact herd, and one by monitoring. *M. caprae* was isolated from animals in five outbreaks, while in one case only MTC-specific DNA was found, but could not be further specified.

Allgemeine Angaben

Die Tuberkulose der Rinder ist eine anzeigepflichtige Tierseuche, hervorgerufen durch *Mycobacterium (M.) bovis* oder *M. caprae*. Beide sind Angehörige des *M. tuberculosis*-Komplexes (MTC) und als Erreger der Rindertuberkulose in Deutschland von vergleichbarer Bedeutung. Allerdings unterscheiden sie sich in ihrer geographischen Prävalenz. Dem MTC gehören außerdem auch *M. tuberculosis* und *M. africanum* (Tuberkulose des Menschen), *M. microti* (Tuberkulose der Maus) sowie *M. pinnipedii* (Tuberkulose der Robben) an. Mit *M. orygis* (Antilope), *M. suricattae* (Erdmännchen), *M. mungi* (Mungo) und dem *Dassie bacillus* (Klippschliefer) wurden in jüngerer Zeit weitere exotische Mitglieder des MTC beschrieben.

Durch konsequente Bekämpfung auf Basis der Tuberkulinreaktion wurde in Deutschland zwischen den Jahren 1952 und 1961 (West) bzw. 1959 und 1978 (Ost) der Status der amtlich anerkannten Freiheit von Tuberkulose erreicht. Nach der Vereinigung im

Jahr 1990 wurde der Status am 17. Dezember 1996 durch EU-Entscheidung (Entscheidung der Kommission 97/76/EG) bestätigt. Deutschland ist auf Grund dieser Entscheidung seit dem 1. Juli 1996 amtlich anerkannt frei von Rindertuberkulose, da pro Jahr in weniger als 0,1 % der Rinderhaltungsbetriebe Tuberkulose amtlich festgestellt wird.

Statistische Angaben

Zum Stichtag 03.11.2018 wurden in Deutschland 11.949.092 Rinder in 139.612 Betrieben gezählt (Statistisches Bundesamt, Viehbestand, Fachserie 3 Reihe 4.1). Im Vergleich zum Jahr 2017 mit drei Ausbrüchen blieb die Anzahl im Jahr 2018 mit sechs Ausbrüchen auf gleichem Niveau (Tabelle 1), wobei alle Ausbrüche in Bayern auftraten. Vier Ausbrüche wurden im Zuge von Schlachttieruntersuchungen aufgedeckt, ein Ausbruch wurde in einem Kontaktbetrieb identifiziert und ein weiterer Ausbruch im Rahmen des bayerischen Monitorings festgestellt. Bei fünf der Ausbrüche konnten Stämme der Spezies *M. caprae* angezüchtet werden, bei einem Ausbruch wurde nur DNS von Mitgliedern des *M. tuberculosis*-Komplexes nachgewiesen.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,004 %. Dies liegt weit unterhalb des gegenwärtig gemäß Anhang A Abs. 1 Nr. 4. a der Richtlinie 64/432/EWG, geändert durch die Richtlinie 98/46/EG, festgelegten Grenzwertes von 0,1 %.

Tabelle 1: Tuberkulose-Ausbrüche bei Rindern in den Jahren 2005 bis 2018 (ohne Verdachtsmeldungen) (TSN-Abfrage 25. März 2019)

Bundesland	Anzahl Ausbrüche je Jahr und Bundesland													
	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Brandenburg					2									
Bayern	3	2	7	8	18	5	2	20	35	9	8	2	1	6
Baden-Württemberg	2	2	2						7		1			
Hessen						1								
Mecklenburg-Vorpommern											1			
Niedersachsen			3	13	3	4	3	3	4	2	2			
Nordrhein-Westfalen				1				1					2	
Schleswig-Holstein				1		1								
Sachsen										2				
Sachsen-Anhalt														
Thüringen		1												
Gesamt	**5**	**5**	**12**	**23**	**23**	**11**	**5**	**24**	**46**	**13**	**12**	**2**	**3**	**6**

Labordiagnostische Untersuchungen

Aufgrund ihrer engen Verwandtschaft können die einzelnen Spezies bzw. Subspezies des MTC nur durch komplexe Typisierungsmethoden voneinander unterschieden werden, z. B. mittels Spoligotypisierung, DNS-Sequenzanalyse des gyrB-Gens auf der Basis von definierten Punktmutationen (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) oder auf der Basis hochspezifischer PCR-Reaktionen (RD [region of difference]-Typisierung). Die Unterscheidung aufgrund biochemischer Eigenschaften mittels konventioneller Kultivierungsmethoden hat ihre Bedeutung heute weitgehend verloren. Die Spoligotypisierung basiert auf der Analyse der Direct-Repeat-Region (DR), einer Region im Genom von MTC-Erregern, die durch das Vorkommen von kurzen repetitiven DNS-Sequenzen, unterbrochen durch ebenso kurze nicht repetitive Sequenzen (Spacer), charakterisiert ist. Für diese Untersuchungen steht heute ein Microarray zur Verfügung. Durch Variationen innerhalb dieser Muster ist eine begrenzte Möglichkeit der Differenzierung unterhalb der Spezies-Ebene gegeben. Insgesamt ist die DR-Region jedoch relativ stabil.

Eine weitere Methode beruht auf der Identifizierung von MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit/variable number of tandem repeat)-Sequenzen. Dies sind kurze repetitive Sequenzen, die über das Genom verteilt vorkommen. Einzelne Isolate unterscheiden sich durch die Anzahl der Wiederholungen an einem definierten Locus. Der Nachweis erfolgt PCR-basiert und generiert einen numerischen Code als Ergebnis. Heute gewinnt jedoch die Sequenzierung ganzer Genome bzw. der SNPs (single nucleotide polymorphisms) auf dem Gesamtgenom zur Beantwortung molekular-epidemiologischer Fragestellungen mehr und mehr an Bedeutung.

Neben der Rindertuberkulose werden auch Tuberkuloseverdachtsfälle bei anderen Tierarten untersucht. Es handelt sich dabei um kleine Haustiere wie Hunde und Katzen, Nutzgeflügel, Ziervögel, um Tiere aus zoologischen Einrichtungen oder privaten Haltungen oder um frei lebende Wildtiere, bei welchen immer wieder Erreger des MTC, aber auch andere, nicht tuberkulöse Mykobakterienspezies nachgewiesen werden.

Die im NRL angewandten diagnostischen Methoden umfassen:

1. die Isolierung der Erreger aus tuberkulös verändertem bzw. verdächtigem Gewebe (Lymphknoten, Organe, Schleimhaut) oder Sekreten, deren Kultivierung sowie deren molekulare Identifizierung und Typisierung,
2. die Differenzierung und Typisierung eingesandter Mykobakterien-Isolate und
3. den Nachweis erregerspezifischer DNS in Gewebe

sowie in Ausnahmefällen:

4. die Durchführung des Interferon-Gamma-Freisetzungstests (IGRA) mit Blutproben sowie
5. den Nachweis von Antikörpern (nicht beim Rind).

Die Methodik der Isolierung und Kultivierung des Erregers und des direkten molekularen Nachweises ist in der Methodensammlung des FLI in TSN niedergelegt. Zur Differenzierung der Isolate werden vorwiegend molekularbiologische Verfahren wie PCR, Spoligotypisierung, MIRU/VNTR-Typisierung oder Nukleotidsequenzanalyse von PCR-Produkten (z. B. hsp65, gyrB-Gen, 16S rRNS) eingesetzt. Nicht alle diese Methoden werden routinemäßig angewandt. Vor allem die vier letztgenannten molekularen Methoden kommen nur gezielt bei Fragestellungen zum Einsatz, die auf anderen Wegen nicht zufriedenstellend beantwortet werden können. Die Tabelle 2 listet das im NRL eingegangene Probenmateiral auf und in der Tablelle 3 sind die Ergebnisse der Isolierung und Speziesbestimmungen aufgeführt.

Daneben wurden neun DNS-Präparationen von Mitgliedern des *M. tuberculosis*-Komplexes und zwölf DNS-Präparationen von *M. avium ssp*. als Vergleichs-

material anderen Laboren zur Verfügung gestellt.

Tabelle 2: Art des eingegangenen Probenmaterials zum Nachweis oder zur Identifizierung von Mykobakterien im Jahr 2018

Eingesandte Proben	Anzahl
Gewebe, Kot, Spül-, Tupferproben	118
DNS-, Formalin-, Paraffinproben	30
Stämme zur Typisierung	41
Gesamt	**189**

Tabelle 3: Untersuchung von Probenmaterial zum Nachweis von Mykobakterien im Jahr 2018

Eingesandte Proben	Anzahl d. untersuchten Proben/Tiere		Anzahl d. Tiere ohne Nachweis von Mykobakterien	Anzahl positiver Tiere			
				MTC	*M. avium* ssp. *hominissuis*	*M. avium* ssp. *avium*	andere Mykobakterien 1)
Schwein	31	29	1	0	25	0	3
Pferd	1	1	0	0	0	0	1
Geflügel/Vogel	24	13	9	0	0	6	3
Katze	30	9	8	2 4)	1	0	2
Hund	4	4	4	0	0	0	0
Heimtiere 2)	9	3	2	0	1	0	0
Zootiere 3)	82	46	39	4 5)	3	0	0
Schildkröten	8	3	0	0	0	0	3
Gesamt	**189**	**110**	**59**	**6**	**33**	**6**	**12**

1) *M. genavense*, *M. kumamotonense*, *M. lepraemurium*, *M. peregrinum*, *M. porcinum*, *M. pseudoshottsii*, *M. smegmatis*, *M. terrae*; **2)** Frettchen, Kaninchen, Meerschweinchen; **3)** Elefant, Seelöwe, Pinguin, Flughund, Affe, Tapir, Rhinozeros; **4)** *M. bovis*, *M. microti*; **5)** *M. microti*, *M. tuberculosis*.

Forschung

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

Das Auftreten von Mykobakterieninfektionen bei anderen Tierarten als beim Rind (kleine Haustiere, Tiere aus zoologischen Einrichtungen, Gehegewild sowie frei lebende Wildtiere) wird wegen ihrer Bedeutung als potenzielle Infektionsquelle für den Menschen und das Rind ebenfalls untersucht.

Staatliche Bekämpfungsmaßnahmen

Die Zunahme der Tuberkulose-Ausbrüche zwischen 2009 und 2013 hatte zu einer lebhaften Diskussion über die Effizienz der amtlichen Tuberkulose-Diagnostik und zu einer Überarbeitung der Tuberkulose-

Verordnung im Jahr 2014 geführt. Die wesentlichste Veränderung, welche die Feststellung der Tuberkulose beim Rind betrifft, ist die Anordnung, dass positive und fragliche Ergebnisse des Tuberkulin-Hauttests und des Gamma-Interferon-Freisetzungstests eine diagnostische Tötung der betroffenen Tiere nach sich ziehen und ein standardisiertes Panel von Gewebeproben molekularbiologisch und, bei Bedarf, bakteriologisch untersucht wird. Nur durch direkten Nachweis des Erregers oder seiner DNS wird ein positiver Befund verifiziert. Damit soll ausgeschlossen werden, dass Landwirte durch fragliche oder falsch positive Ergebnisse immunologischer Tests langfristig ungerechtfertigten Restriktionen unterworfen werden und der OTF-Status von Deutschland gefährdet wird. Als sensitivste und verlässlichste, aber auch langwierigste Nachweismethode (Goldstandard) gilt bei der Tuberkulose nach wie vor die Isolierung und Kultivierung des Erregers im bakteriologischen Labor.

Das 2013/2014 bundesweit durchgeführte einmalige Monitoring ergab, dass der OTF-Status auch mehr als 15 Jahre nach Beendigung der regelmäßigen und flächendeckenden Tuberkulinisierung der Rinder nicht gefährdet ist. Der seltene, aber dennoch in jüngerer Zeit wiederholt aufgetretene Fall, dass *M. tuberculosis* bei hauttestpositiven Rindern nachgewiesen bzw. vermutet wurde, führte zu einer Überarbeitung der Tuberkulose-Verordnung, die 2017 in Kraft getreten ist und in der nun neben den Nachweisen von *M. bovis* und *M. caprae* auch die Nachweise von *M. tuberculosis*, *M. africanum* und *M. microti* bei Rindern berücksichtigt werden.

Zoonosepotenzial

Als Erreger der klassischen Tuberkulose besitzen alle Mitglieder des MTC zoonotisches Potenzial. Sie sind zwischen Mensch und Tier sowie zwischen einzelnen Säugetierarten, unter bestimmten Bedingungen sogar auf Vögel, übertragbar und können schwere Erkrankungen hervorrufen. Beim individuellen Patienten (Mensch) lässt sich eine durch *M. bovis* oder *M. caprae* verursachte Tuberkulose nicht von einer durch *M. tuberculosis* induzierten Tuberkulose unterscheiden. Allerdings manifestiert sich die bovine Tuberkulose beim Menschen häufig als extrapulmonale Tuberkulose. Umgekehrt führt die Infektion mit *M. tuberculosis* beim Rind in der Regel nur zu einer lokalen Ansiedelung des Erregers und zur Ausbildung eines Primärkomplexes ohne Ausbreitung in andere Organsysteme. Zu Hochzeiten der Rindertuberkulose in Deutschland, bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts, waren insgesamt etwa 13 % der humanen Tuberkulosefälle auf eine Infektion mit *M. bovis* bzw. *M. caprae* zurückzuführen, die damals noch nicht differenziert werden konnten. Dieser Wert lag über dem internationalen Durchschnitt von ca. 10 %. Übertragungsweg par excellence war der Verzehr von Rohmilch, so dass bei Kindern je nach Region eine Häufigkeit von boviner Tuberkulose von bis zu 40 % und mehr registriert wurde. Durch die Einführung der Pasteurisierung der Milch und die Tilgung der Tuberkulose in den Rinderbeständen wurde die Anzahl der Fälle boviner Tuberkulose beim Menschen bis auf ca. 1 % aller Tuberkulosefälle reduziert (Tabelle 4). Dabei handelt es sich wohl häufig um Reaktivierungen alter Infektionen bei Menschen in höherem Lebensalter oder Menschen mit Migrationshintergrund. Neuinfektionen sind jedoch auch heute, vor allem bei Personen mit engem Bezug zur Landwirtschaft, nicht ausgeschlossen.

Weitere Infektionsquellen für den Menschen können andere Nutztiere als das Rind, kleine Haustiere, wie Hund und Katze, oder Zootiere und Gehegewild, in neuerer Zeit auch Neuweltkameliden darstellen, die

unerkannt infiziert in engem dauerhaften Kontakt mit dem Menschen leben. Unter ungünstigen Bedingungen ist auch eine Übertragung von Mensch zu Mensch möglich. Je nachdem, ob es sich um die klassische Tröpfcheninfektion oder den oralen Infektionsweg handelt, kann es eher zur Lungentuberkulose oder zu einer extrapulmonalen Manifestation kommen.

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

Tabelle 4: Gemäß IfSG gemeldete Fälle humaner Tuberkulose in den Jahren 2008 bis 2018 (RKI; SurvStat@rki 2.0, Stichtag 25. März 2019)

Mykobakterien Spezies	**2008**	**2009**	**2010**	**2011**	**2012**	**2013**	**2014**	**2015**	**2016**	**2017**	**2018**
M. bovis / M. caprae	55	62	46	48	51	49	51	56	64	49	66
M. tuberculosis	3.011	3.040	3.012	3.050	3.036	3.128	3.132	3.866	3.941	3.635	3.511
andere oder nicht spezifizierte Mykobakterien	1.516	1.381	1.355	1.236	1.151	1.190	1.388	2.039	2.091	1.960	1.931
Gesamt	**4.582**	**4.483**	**4.413**	**4.334**	**4.238**	**4.367**	**4.571**	**5.961**	**6.096**	**5.644**	**5.508**

21. Tularämie – Tularemia

Tomaso, H., Homeier-Bachmann, T.

Summary

Tularemia is an infectious disease caused by *Francisella (F.) tularensis*. These fastidious, slowly growing bacteria can be cultivated on special nutrient media. In Germany, mainly rodents, hares and wild rabbits are affected, but also a variety of other animals with different susceptibilities can be infected. Disease and detection of the pathogen of tularemia are notifiable in hares and rabbits.

The pathogen can be transmitted to humans and causes different clinical forms of the disease depending on the route of infection.

Zusammenfassung

Die Tularämie (Hasenpest) ist eine durch *Francisella (F.) tularensis* hervorgerufene Infektionskrankheit. Es handelt sich dabei um anspruchsvolle, langsam wachsende Bakterien, die auf Spezialnährmedien gezüchtet werden können.

Betroffen sind in Deutschland vorwiegend Nagetiere, Hasen und Wildkaninchen, aber auch eine Vielzahl anderer Tiere mit unterschiedlicher Empfänglichkeit. Krankheit und Nachweis des Erregers der Tularämie sind bei Hasen und Kaninchen meldepflichtig.

Der Erreger kann auf den Menschen übertragen werden und je nach Eintrittspforte werden unterschiedliche klinische Verlaufsformen verursacht.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Tularämie werden in den Untersuchungsämtern bzw. vergleichbaren Einrichtungen der Bundesländer durchgeführt. Dem nationalen Referenzlabor (NRL) werden Isolate zur Bestätigung der Identifikation und weiteren Charakterisierung zugesandt.

Statistische Angaben

Siehe Tabelle 1 und Abbildung 1

Epidemiologische Untersuchungen

Im Jahr 2014 war die Zahl der gemeldeten Fälle bekannterweise besonders hoch (119); insgesamt ist die Zahl der Fälle in der zweiten Hälfte der betrachteten Dekade (2008 - 2018) insgesamt jedenfalls deutlich höher als in der ersten. Das Wissen um die Erkrankung ist bei Kolleginnen und Kollegen sowie der Jägerschaft immer mehr verbreitet, was diesen Trend teilweise erklären könnte. Die Tularämie kommt in Deutschland in vielen Regionen vor. Lediglich die alten Endemiegebiete (um ca. 1950) an der Ostseeküste scheinen weniger betroffen zu sein.

Forschung

Als Referenzlabor ist die Entwicklung und Implementierung von diagnostischen Testmethoden ein wichtiger Bestandteil der Forschungsarbeit. Gemeinsam mit anderen Laboren wird an der Entwicklung und Validierung von Methoden gearbeitet. In den letzten Jahren war der Schwerpunkt auf der bioinformatischen Analyse von Gesamtgenomdaten, um die molekulare Epidemiologie besser abklären zu können.

Publikationen zur Tularämie 2018 aus dem NRL

- Busch A, Thomas P, Zuchantke E, Brendebach H, Neubert K, Gruetzke J, Al Dahouk S, Peters M, Hotzel H, Neubauer H, Tomaso H. Front Microbiol. Revisiting *Francisella tularensis* subsp. *holarctica*, causative agent of tularemia in Germany with bioinformatics: New insights in genome structure, DNA methylation and comparative phylogenetic analysis. 2018 Mar 13;9:344.

- Tomaso H, Otto P, Peters M, Süss J, Karger A, Schamoni H, Zuchantke E, Hotzel H. Francisella tularensis and other bacteria in hares and ticks in North Rhine-Westphalia (Germany). Ticks Tick Borne Dis. 2018 Feb;9(2):325-329.

Tabelle 1: Zahl gemeldeter Fälle von Tularämie in Deutschland (2008 bis 2018) (TSN; Stichtag: 25.06.2019)

Jahr	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018
Fälle	12	14	25	12	38	44	119	97	63	56	79

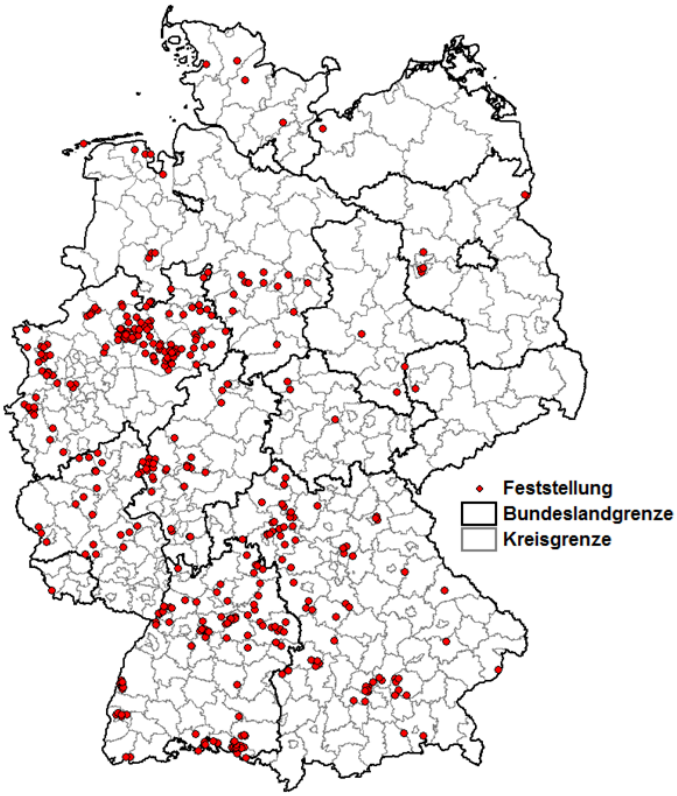


Abb. 1: Geographische Verteilung der 2008 bis 2018 gemeldeten Tularämie-Fälle (TSN; Stichtag: 25.10.2019)

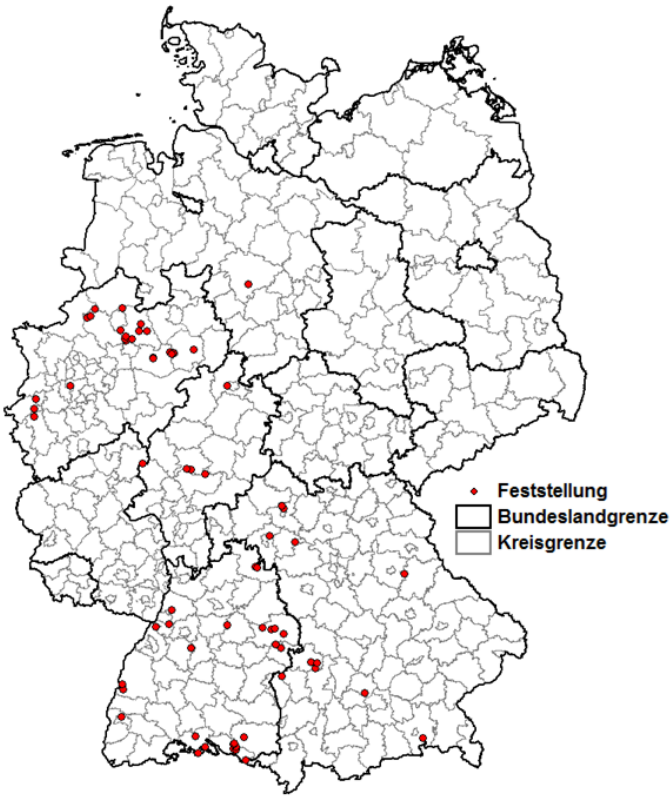


Abb. 2: Geographische Verteilung der 2018 gemel deten Tularämie-Fälle (TSN; Stichtag: 25.10.2019)

22. Usutu-Virus-Infektion (USUV) – Usutu virus infection

Ziegler, U., Eiden, M., Fast, C., Keller, M., Groschup, M. H.

Summary

Usutu virus (USUV) is an arthropod-borne (arbo), single-stranded RNA virus belonging to the Japanese encephalitis virus serogroup within the family *Flaviviridae*. After the initial detection of USUV in German mosquitoes in August 2010, the virus spread in the last years and caused epizootics among wild and captive birds (mainly blackbirds) in southwestern Germany. In the summer of 2016, Belgium, France, Germany, and the Netherlands reported widespread USUV activity based on live and dead bird surveillance. This trend continued in the following year. In 2018, there was a particularly heavy USUV outbreak among wild and zoo birds. It is estimated that tens of thousands of blackbirds died from an infection as well as many other birds. In addition, for the first time USUV was detected nationwide.

Zusammenfassung

Das Usutu-Virus (USUV) ist ein Arbovirus (Abkürzung für „*arthropod-borne*“)), mit einzelsträngiger RNA und zugehörig zur Japan-Enzephalitis-Virus-Serogruppe in der Familie der *Flaviviridae*. Nach dem erstmaligen Auftreten von USUV in einem Mückenpool in Baden-Württemberg (Weinheim) im Sommer 2010, hat sich das Virus in den ersten Jahren hauptsächlich in Südwestdeutschland unter Wildvögeln, vorrangig Amseln, weit verbreitet. Im Jahr 2016 zeigte das USUV jedoch eine sehr starke Aktivität unter den Wild- und Zoovögeln in weiten Teilen Deutschlands, gefolgt von teilweise massenhaftem Verenden in einzelnen Gebieten. Diese Tendenz setzte sich auch im darauffolgenden Jahr durch. Im Jahr 2018 kam es dann zu einem besonders heftigen USUV-Ausbruch unter Wild- und Zoovögeln. Hierbei sind bisher schätzungsweise mehrere zehntausend Amseln an einer Infektion verendet, aber auch eine Vielzahl anderer Vögel. Zudem wurde das USUV 2018 erstmalig bundesweit nachgewiesen.

Epidemiologie / Erreger

Das USUV ist eng verwandt mit dem in Südeuropa schon länger vorkommenden West-Nil-Virus (WNV) und dem im asiatischen Raum beheimateten Japan-Enzephalitis-Virus aus der Familie der *Flaviviridae*. Das USUV hat seinen Ursprung in Afrika südlich der Sahara und galt lange als ein Virus mit rein afrikanischer Bedeutung. Hauptwirte sind in der Regel Vögel, obwohl in Afrika in der Vergangenheit kein USUV-assoziiertes Vogelsterben beobachtet wurde. Seit jetzt mehr als 20 Jahren hat es sich inzwischen in Europa etabliert.

Epidemiologie / Klinische Symptomatik

In retrospektiven Studien konnte nachgewiesen werden, dass USUV außerhalb Afrikas bereits 1996 in Italien vorkam (Weissenböck *et al.*, 2013). Jedoch markant bleibt der Eintrag des Virus 2001 nach Österreich, wo es in den nachfolgenden Jahren im Osten des Landes zu einem massiven Vogelsterben, vorrangig bei Amseln, aber auch bei anderen Vogelspezies, führte.

Als Hauptvektor für das Virus in Europa gilt die ornithophile *Culex*-Mücke (*Culex pipiens sp.*). Eine Vielzahl von Wildvögeln dienen als natürliche Wirte und das Virus kursiert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf.

USUV-Infektionen verlaufen bei den meisten Vögeln symptomlos, jedoch tritt bei hochempfänglichen Vogelspezies wie Amseln oder Bartkäuzen häufig auch eine deutliche klinische Symptomatik, vorrangig neurologisch, gefolgt von vielen Todesfällen auf (Becker *et al.* 2012; Ziegler *et al.* 2016).

Dem USUV wurde bisher nur ein marginales zoonotisches Potenzial zugeschrieben, jedoch zeigen

jüngste Studien aus Italien, dass in endemischen Gebieten eine humane Infektion kein sporadisches Ereignis mehr darstellt, gefolgt von deutlicher Neuroinvasivität (Grottola *et al*. 2017). In Deutschland sind bisher keine klinischen USUV-Erkrankungen beim Menschen bekannt, auch nicht bei immunsupprimierten Patienten. Jedoch wurde im September 2016 bei Untersuchungen von über 13.000 Blutspendern im Raum Aachen ein gesunder Blutspender USUV-RNA positiv getestet (Cadar *et al*. 2017). Im Jahr 2018 konnten bei vier Blutspendern positive USUV-RNA Nachweise in Südwestdeutschland festgestellt werden (Schmidt-Chanasit pers. Mitteilung).

Labordiagnostische Untersuchungen / Forschung

Nach dem Nachweis von USUV in Deutschland in einem Mückenpool im Jahr 2010 (Jöst *et al*. 2011) kam es im darauffolgenden Jahr zu einem massiven Vogelsterben im Bereich der nördlichen Oberrheinebene und in den benachbarten Gebieten der Pfalz und des Neckartales (Becker *et al*. 2012).

Das USUV breitete sich in den Folgejahren 2011 bis 2013 besonders in Südwestdeutschland unter Wildvögeln, vorrangig Amseln, aus. Auch zahlreiche Zoovögel, insbesondere Eulenvögel in Volierenhaltung, waren betroffen (Ziegler *et al*. 2015). In enger Zusammenarbeit mit den veterinärmedizinischen Landesuntersuchungsämtern, den Vogelkliniken der veterinärmedizinischen Fakultäten, dem Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM), der Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Stechmückenplage (KABS), dem Naturschutzbund (NABU), etlichen Vogelkliniken, Vogelpraxen und Wildvogelauffangstationen sowie vielen ehrenamtlichen Ornithologen wurde das Virus in den Jahren 2011 bis 2015 bei 230 Wild- und Zoovögeln in Südwestdeutschland festgestellt. Hierbei lag das Hauptepidemiegebiet in den Bundesländern Baden-Württemberg, Rheinland-Pfalz und im südlichen Hessen. Einzelnachweise gab es auch weiter nördlich bis in den Kölner Raum (Nordrhein-Westfalen). Zusätzlich wurden im Jahr 2015 erstmals zwei positive USUV-Nachweise in Berlin bei zwei Bartkauz-Jungtieren in Volierenhaltung nachgewiesen (Ziegler *et al*. 2016), welche auf einen vollständig separaten Eintrag einer dritten USUV-Linie nach Deutschland zurückzuführen waren (USUV Afrika-2-Linie).

Im Jahr 2016 zeigte das USUV eine sehr starke Aktivität unter den Wild- und Zoovögeln in weiten Teilen Deutschlands, gefolgt von teilweise massenhaftem Verenden in einzelnen Gebieten. Betroffen war vor allem Nordrhein-Westfalen, wo gehäufte Fallzahlen, insbesondere vom Niederrhein und aus dem Raum Aachen, zu verzeichnen waren (Cadar *et al*. 2017). Ein weiteres vermehrtes, separates Auftreten einer Vielzahl von USUV-infizierten Vögeln wurde im Raum Leipzig in enger Kooperation mit dem Institut für Virologie der veterinärmedizinischen Fakultät der Universität Leipzig und dem sächsischen Landeslabor nachgewiesen. Dieses Geschehen stellte erstmals ein massenhaftes Auftreten von USUV in Ostdeutschland dar, mit nachweislich drei gleichzeitig zirkulierenden USUV-Linien in einem Gebiet (USUV Europa-3-Linie, USUV Afrika-2-Linie, USUV Afrika 3-„like“-Linie) (Sieg *et al*. 2017).

Weiterhin gab es im Jahr 2016 mehrere Einzelfunde von USUV-positiven Vögeln im bekannten Epidemiegebiet in Südwestdeutschland entlang des Rheins von Freiburg bis Köln, aber auch weitere Einzelfälle wurden im Raum Halle, Dresden, Erfurt, Berlin sowie in Saarbrücken nachgewiesen (Michel *et al*. 2018).

Auch im Jahr 2017 fand eine starke Ausbreitung des Virus nordwärts statt, bis nach Niedersachsen in den Raum Hannover sowie Hamburg und Bremen, mit insgesamt 100 nachweislich USUV-positiv getesteter Vögel (Wild- und Zoovögel) für Deutschland (Michel *et al*. 2019).

Im Sommer/Herbst 2018 kam es zu einer besonders heftigen USUV-Epidemie unter Wild- und Zoovögeln in bisher nie dagewesenem Ausmaß. Hierbei sind

bisher schätzungsweise mehrere zehntausend Amseln an der Infektion verendet, aber auch eine Vielzahl anderer Vögel (vorrangig Bartkäuze). Zudem wurde das USUV im Jahr 2018 erstmalig bundesweit nachgewiesen. Die genaue Datenerfassung aller an USUV verendeten Vögel (Wild- und Zoovögel) für ganz Deutschland beziffert sich derzeit auf 1.183 Fälle, geografisch dargestellt in Abbildung 1.

Die phylogenetische Analyse ergab die erste Entdeckung der USUV-Linie Europa-2 in Deutschland und die Verbreitung der USUV-Linien Europa-3 und Afrika-3 bis nach Norddeutschland. Das deutschlandweite Monitoring von Blutproben von Wild- und Zoovögeln auf das Vorkommen von verschiedenen Arboviren ergab, dass die Prävalenz von USUV-Antikörpern in Ostdeutschland in beiden Jahren (2017/2018) sehr hoch war. Im Gegenteil dazu wurden in Norddeutschland 2018 erstmals hohe Seroprävalenzen beobachtet, die in einem engen Zusammenhang mit dem ersten Auftreten von USUV in dieser Region stehen (Michel *et al*. 2019).

Ausblick

Gemeinsam mit den oben genannten Kooperationspartnern führt das FLI weiterführende Überwachungsstudien an Wildvögeln im Rahmen des deutschlandweiten Wildvogelnetzwerks durch, um die Ausbreitung bekannter Arboviren und ein erstmaliges Auftreten anderer Arboviren rechtzeitig aufzudecken. In das Monitoring sind auch verschiedene Überwachungsstudien an Mücken einbezogen.

Die gleichzeitige Zirkulation von verschiedenen USUV-Linien in einer Region birgt die Gefahr einer Beschleunigung der Veränderungen innerhalb der Usutu-Viren. Deshalb kann der weitere Verlauf und das USUV-Geschehen unter den Vögeln nicht vorhergesagt werden.

Im Falle neurologischer Symptome bei Menschen in Gebieten mit hoher Wildvogelmortalität sollte auch eine mögliche USUV-Infektion differentialdiagnostisch abgeklärt werden. Vermehrte Nachweise bei Blutspendern zeigen eine mögliche Erhöhung des zoonotischen Potenzials.

Literatur

- Becker, N., Jöst, H.,Ziegler, U., Eiden, M., Höper, D., Emmerich, P., Fichet-Calvet, E., Ehichioya, D.U., Czajka, C., Gabriel, M., Hoffmann, B., Beer, M., Tenner-Racz, K., Racz, P., Günther, S., Wink, M., Bosch, S., Konrad, A., Pfeffer, M., Groschup, M.H., and J. Schmidt-Chanasit (2012). Epizootic emergence of Usutu virus in wild and captive birds in Germany. PloS One 7(2):e32604.
- Cadar, D.,Maier, P., Müller, S., Kress, J., Chudy, M., Bialonski, A., Schlaphof, A., Jansen, S., Jöst, H., Tannich, E., Runkel, S., Hitzler, W.E., Hutschenreuter, G., Wessiepe, M. and J. Schmidt-Chanasit (2017). Blood donor screening for West Nil evirus (WNV) revealed acute Usutu virus (USUV) infection, Germany, September 2016. Euro Surveill. 2017 Apr 6;22(14). pii: 30501. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.14.30501.
- Cadar, D., Luehken, R., van der Jeugd, H., Garigliany, M., Ziegler, U., Keller, M., Lahoreau, J., Lachmann, L., Becker, N., Kik, M., Oude Munnink, B.B., Bosch, S., Tannich, E., Linden, A., Schmidt, V., Koopmans, M.P., Rijks, J.,Desmecht, D., Groschup, M., Reusken, C. and J. Schmidt-Chanasit (2017). Widespread activity of multiple lineages of Usutu virus, western Europe, 2016. Euro Surveill. 2017 Jan 26;22(4). pii: 30452. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30452.
- Grottola, A., Marcacci, M., Tagliazucchi, S., Gennari, W., Di Gennaro, A., Orsini, M., Monaco, F., Marchegiano, P., Marini, V., Meacci, M., Rumpianesi, F., Lorusso, A., Pecorari, M., Savini, G. (2017). Usutu virus infections in humans: a retrospective analysis in the municipality of Modena, Italy. Clin Microbiol Infect. 2017 Jan;23(1):33-37.

doi: 10.1016/j.cmi.2016.09.019. Epub 2016 Sep 24.

- Jöst, H., Bialonski, A., Maus, D., Sambri, V., Eiden, M., Groschup, M., Günther, S., Becker, N., and Schmidt-Chanasit, J.. 2011. Isolation of Usutu virus in Germany. Am J Trop Med Hyg 85:551-53.
- Michel, F., Fischer, D., Eiden, M., Fast, C., Reuschel, M., Müller, K., Rinder, M., Urbaniak, S., Bran-des, F., Schwehn, R., Lühken, R., Groschup, M.H. and Ziegler U. (2018). West Nile Virus and Usutu Virus Monitoring of Wild Birds in Germany. Int J Environ Res Public Health. 2018 Jan 22;15(1). pii: E171. doi: 10.3390/ijerph 15010171.
- Michel, F., Sieg, M., Fischer, D., Keller, M., Eiden, M., Reuschel, M., Schmidt, V., Schwehn, R., Rinder, M., Urbaniak, S., Müller, K., Schmoock, M., Lühken, R., Wysocki, P., Fast, C., Lierz, M., Korbel, R., Vahlenkamp, T.W., Groschup, M.H. and Ziegler, U. (2019). Evidence for West Nile Virus and Usutu Virus infections in wild and resident birds in Germany, 2017 and 2018. Viruses 2019, 11(7), 674; https://doi.org/10.3390/ v11070674.
- Sieg, M., Schmidt, V., Ziegler, U., Heenemann, K., Rückner, A., Nieper, H., Muluneh, A., Groschup. M.H. and Vahlenkamp T.W. (2017). First Outbreak and Co-circulation of Three Different Usutu Virus Strains in Eastern Germany. Vector Borne Zoonotic Dis. 2017 Sep;17(9):662-664. doi: 10.1089/vbz.2016.2096. Epub 2017 Aug 17.
- Weissenböck, H., Bakonyi, T., Rossi, G., Mani, P., Nowotny N.2013. Usutu virus, Italy, 1996. Emerg Infect Dis. 19:274-7.
- Ziegler, U., Jöst, H., Müller, K., Fischer, D., Rinder, M., Tietze, D.T., Danner K.-J., Becker, N., Sku-balla, J., Haman, H.-P., Bosch, S., Fast, C., Eiden, M., Schmidt-Chanasit, J. and M.H. Groschup (2015). Epidemic spread of Usutu virus in southwest Germany in 2011 to 2013 and monitoring of wild birds for Usutu and West Nile viruses. Vector Borne Zoonotic Dis. 15:481-488.
- Ziegler, U., Fast, C.,Eiden, M., Bock, S., Schulze, C., Höper, D., Ochs, A., Schlieben, P., Keller, M., Zielke, D.E., Luehken, R., Cadar, D., Walther, D. and J. Schmidt-Chanasit (2016). Eividence for an independent third Usutu virus introduction into Germany. Vet Microbiol. 2016 Aug 30;192:60-6

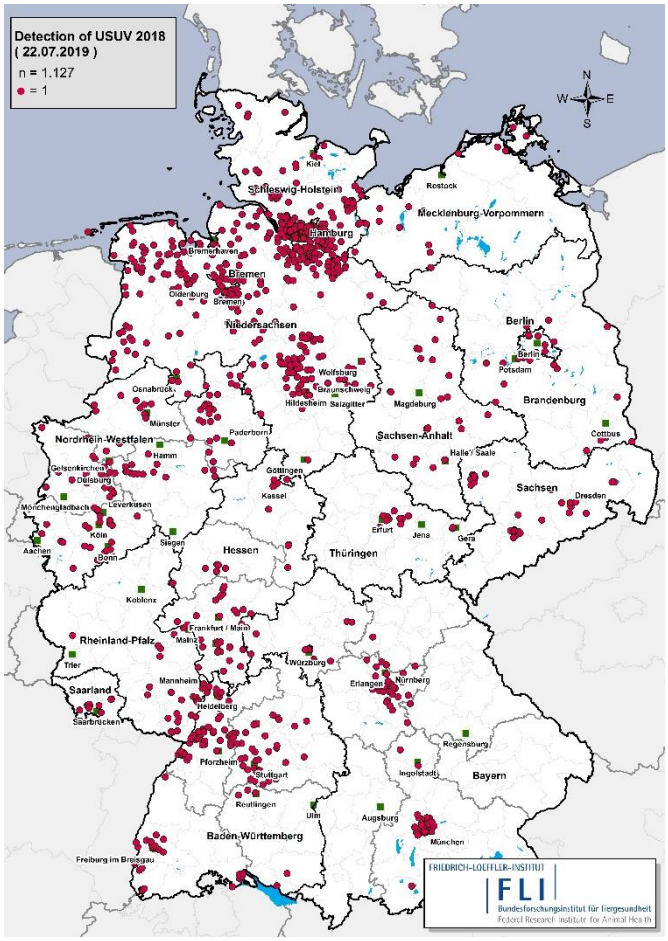


Abb. 1: Geografische Verbreitung der USUV-Fälle bei Vögeln in Deutschland im Jahr 2018

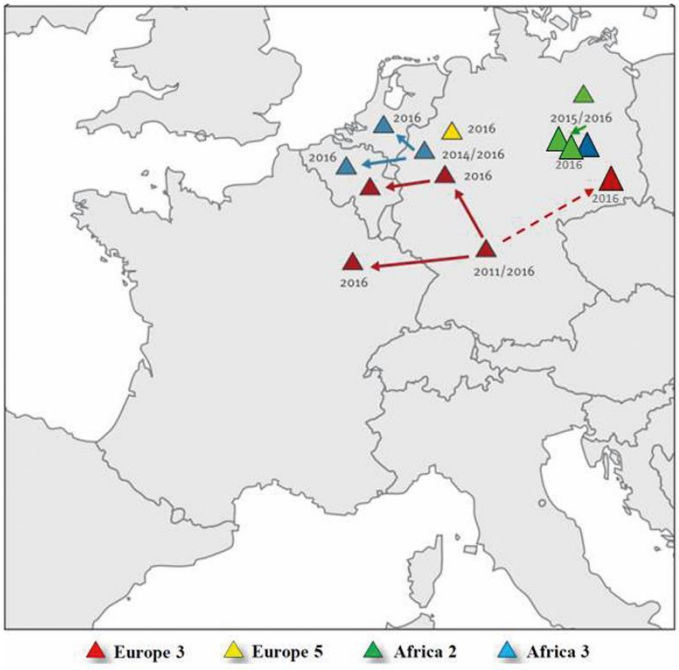


Abb. 2: Verbreitung der derzeit vorkommenden USUV-Linien in Deutschland und in den westlichen Nachbarländern (nach Cadar et al. 2017 und modifiziert nach Sieg et al. 2017).

23. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämatopoetische Nekrose (IHN) – Viral Hemorrhagic Septicemia and Infectious Hematopoietic Necrosis

Schütze, H.

Summary

Viral haemorrhagic septicaemia (VHS) and infectious haematopoietic necrosis (IHN) are rhabdoviral diseases of salmonids that are notifiable worldwide. The "National Reference Laboratory (NRL) for VHS and IHN" at the Friedrich-Loeffler-Institute (FLI) on the island of Riems publishes an annual report on the scope and structure of aquaculture with information on epizootiology, diagnostics and control of VHS and IHN as well as on the scope and results of laboratory tests for virus-related fish diseases (§ 27 Tiergesundheitsgesetz, TierGesG).

Zusammenfassung

Die Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und die Infektiöse Hämatopoetische Nekrose (IHN) sind rhabdovirale Erkrankungen der Salmoniden, die weltweit anzeigepflichtig sind. Vom „Nationalen Referenzlabor (NRL) für die VHS und IHN“ am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) auf der Insel Riems wird jährlich ein Bericht über den Umfang und die Struktur der Aquakultur mit Angaben zur Epizootiologie, Diagnostik und Bekämpfung der VHS und IHN sowie zum Umfang und zu den Ergebnissen der Laboruntersuchungen bezüglich virusbedingter Fischkrankheiten erarbeitet (§ 27 Tiergesundheitsgesetz, TierGesG).

Herkunft der Daten

Die Daten für diesen Bericht werden entsprechend §4 des TierGesG von den für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden der Bundesländer (Daten aus den Untersuchungslaboren und von den Fischgesundheitsdiensten) zugearbeitet und aus dem TierSeuchenNachrichten-System (TSN) der Bundesrepublik Deutschland (FLI, Institut für Epidemiologie) entnommen. Vom Referenzlabor der EU in Lyngby, Dänemark, werden bei den jährlich stattfindenden Beratungen die Berichte der Mitgliedsstaaten veröffentlicht und ausgewertet. Im Folgenden wird auf das übermittelte Datenmaterial dieser Quellen sowie Erhebungen des statistischen Bundesamtes (1) zurückgegriffen.

Allgemeine Angaben

Jährlich werden in Deutschland mehr als 30.000 Tonnen (t) Aquakulturprodukte wie Fische, Muscheln, Krebse, Kaviar und Rogen produziert. Der Anteil an Muschelerträgen ist in den letzten Jahren stetig gestiegen und umfasst ca. 45 % der gesamten Aquakulturerzeugung in Deutschland. Im Gegensatz dazu ist seit 2015 bundesweit ein steter Rückgang der produzierenden Aquakulturbetriebe zu beobachten (Abb. 1).

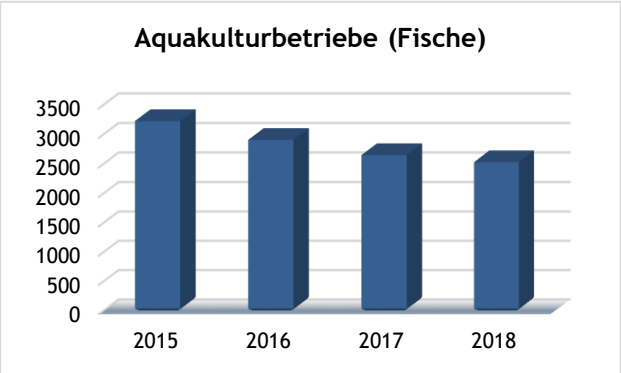


Abb. 1: Aquakulturbetriebe mit Fischerzeugung von 2015 bis 2018

Im Jahr 2018 wurden insgesamt ca. 2.560 Fisch produzierende Aquakulturbetriebe des Süßwassers mit einer Mindestgröße von 0,3 ha Gesamtgewässerfläche der Teiche oder mindestens 200 m^3 Gesamtvolumen der Gewässeranlagen registriert (1). Die

deutsche Aquakulturlandschaft ist geprägt von kleinen bis mittleren Betrieben, die teilweise im Nebenerwerb bewirtschaftet werden. Das heißt etwa 59 % der Betriebe erzeugen jährlich weniger als eine Tonne Fisch. Im Gegensatz dazu werden fast 90 % Fisch (ca. 16.300 t) in lediglich 450 Betrieben produziert (Abb. 2 und 3).

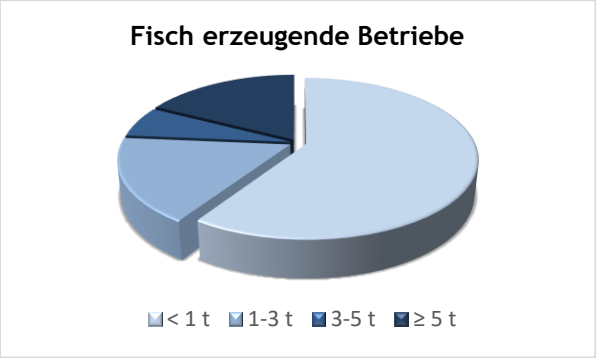


Abb. 2: Aquakulturbetriebe entsprechend der erzeugenden Menge Fisch

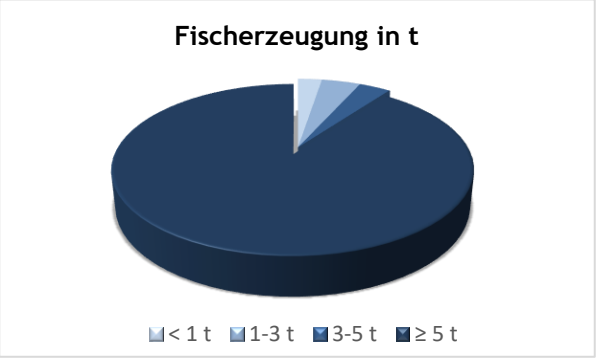


Abb. 3: Erzeugte Menge Fisch in Abhängigkeit der Produktionsgröße der entsprechenden Betriebe

Im Jahr 2018 betrug der Produktionsumfang ca. 18.100 t Süßwasserfisch (1). Damit sank die Fischerzeugung in diesem Bereich um 1.100 t (-5,9 %) im Vergleich zum Vorjahr. Führend in der Fischerzeugung sind nach wie vor die Bundesländer Bayern, Baden-Württemberg und Niedersachsen.
Haupterwerbsquelle in der Fischproduktion Deutschlands sind die Regenbogenforellen mit ca. 6.300 t gefolgt von den Karpfen mit etwa 4.750 t erzeugter Menge (Abb. 4).

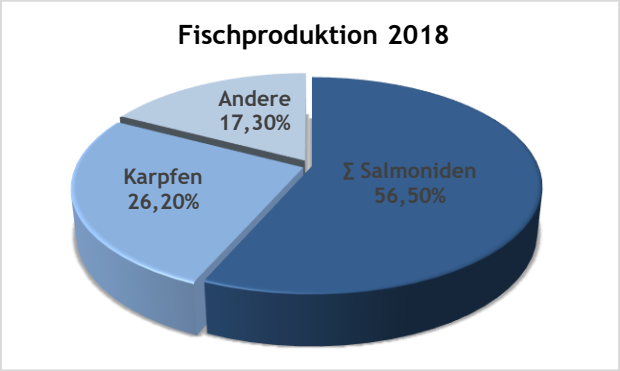


Abb. 4: Fischproduktion in Deutschland im Jahr 2018 (1)

Anhand der Datenerhebungen des Statistischen Bundesamtes sind regionale Unterschiede hinsichtlich der gehaltenen Fischarten erkennbar. Karpfenwirtschaften werden vorrangig in den Bundesländern Bayern und Sachsen betrieben. Im Bundesland Bayern wurden 2018 ca. 3.031 t Salmoniden und 1.891 t Karpfen erzeugt. Niedersachsen und Baden-Württemberg produzierten 1.265 bzw. 2.928 t Salmoniden und 101 bzw. 33 t Karpfen.
Die Erzeugung von Salmoniden war im Vergleich zum Vorjahreszeitraum rückläufig. Sie sank insgesamt um 6,6 % (-612 t). Mit Ausnahme des Elsässer Saiblings wurden Produktionsrückgänge bei Regenbogenforellen um -7.2 % (-488 t), Bachforellen -12,5 % (-83 t), Bachsaiblingen -7.2 % (-29 t) und Lachsforellen um -4,6 % (-57 t) verzeichnet (Abb. 5).

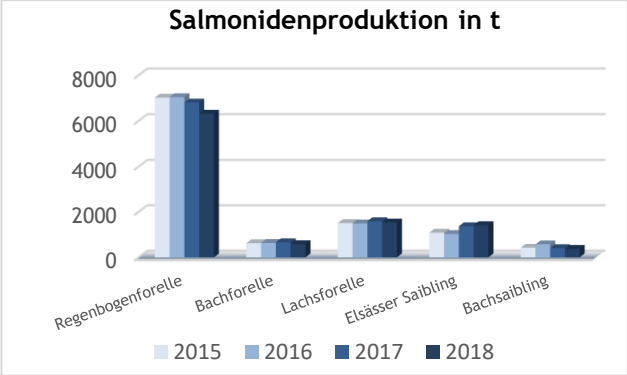


Abb.5: Erzeugung von Salmoniden in t von 2015 bis 2018 in Deutschland ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (1)

Führend in der Erzeugung von Salmoniden sind nach wie vor die Bundesländer Bayern und Baden-Württemberg (Abb. 6). Während die Gesamtproduktion der Salmoniden in Bayern auch 2018 mit -1,6 % leicht rückläufig war, stieg diese in Baden-Württemberg wie auch im Vorjahr an (+8,3 %). Dieser Zuwachs im Bundesland Baden-Württemberg basiert vorwiegend auf einer Produktionssteigerung des Elsässer Saiblings um 20 % und der Lachsforelle um ca. 15 %.

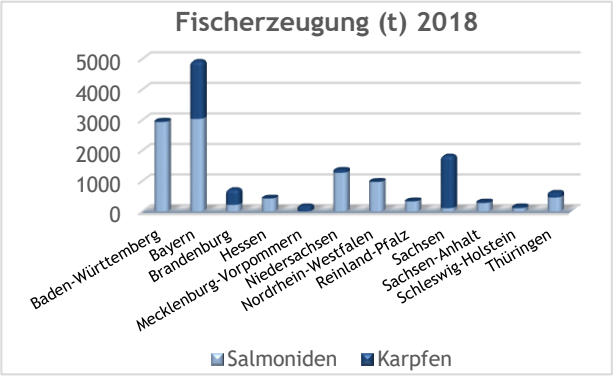


Abb. 6: Erzeugte Menge (in t) von Salmoniden Jahr 2018 in den Bundesländern ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (1)

Maßnahmen der EU zur Bekämpfung und Verhinderung der Ausbreitung von Fischseuchen sind im Teil 2 Anhang IV der EU-Richtlinie 2006/88/EG festgelegt und beinhalten u. a. die Einstufung der Teichwirtschaften entsprechend ihres Gesundheitsstatus (Kategorie I bis V) sowie die Schaffung anerkannt seuchenfreier Aquakulturbetriebe bzw. Kompartimente, Zonen oder Länder (Kategorie I). Ziel ist es, den Gesundheitsstatus der Fische beim Inverkehrbringen von Tieren aus Aquakultur und deren Erzeugnissen zu schützen.

Die Mehrzahl der Teichwirtschaften Deutschlands ist der Kategorie III zugeordnet. Laut EU-Abfrage waren im Jahr 2018 7.038 bzw. 7.402 Betriebe der Kategorie III in Bezug auf IHN bzw. VHS registriert (Abb. 7). Das heißt diese Betriebe unterliegen keinem genehmigten Überwachungsprogramm und IHN- bzw. VHS-Infektionen sind nicht bekannt. Betriebe der Kategorie III dürfen untereinander handeln, von Kategorie-I-Betrieben zukaufen und an Kategorie-V-Betriebe abgeben.

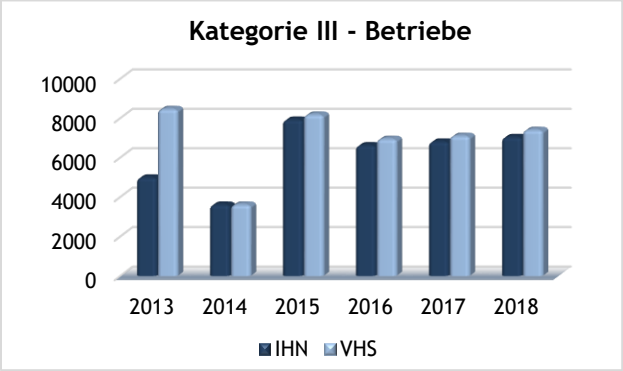


Abb. 7: Anzahl der IHN- und VHS-Kategorie-III-Betriebe in Deutschland von 2015 bis 2018

Die Anzahl der Kategorie-I-Betriebe, die frei von den anzeigepflichtigen Erkrankungen IHN und VHS sind, ist auch im Jahr 2018 leicht gesunken (Abb. 8).

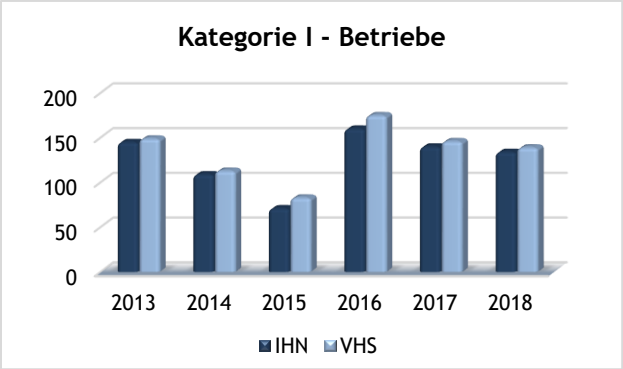


Abb. 8: Anzahl der IHN- und VHS-Kategorie-III-Betriebe in Deutschland von 2015 bis 2018

Laut Umfrage des EU-Referenzlabors für Fischkrankheiten waren 2018 in Deutschland 139 VHS-freie bzw. 134 IHN-freie Fischhaltungsbetriebe mit empfänglichen Arten in der Kategorie I registriert. Zur Aufrechterhaltung der Seuchenfreiheit dürfen diese Anlagen nur mit Fischen der Kategorie I neu besetzt werden.

Elf Betriebe wurden im Rahmen eines genehmigten Überwachungsprogramms zur Erreichung der VHS- und/oder IHN-Freiheit untersucht (Kategorie II). Programme zur Tilgung der VHS (Kategorie IV) wurden 2018 in einem Betrieb durchgeführt. Festgelegte Mindestmaßnahmen zur Bekämpfung der VHS wurden in 17 und zur Bekämpfung der IHN in sieben Betrieben durchgeführt (Kategorie V).
Die Bekanntmachung der zugelassenen Schutzgebiete (Zonen und Kompartimente) in Deutschland, die amtlich anerkannt frei von IHN bzw. VHS sind, erfolgt durch das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft und wird regelmäßig im Bundesanzeiger veröffentlicht.

Nach der Fischseuchenverordnung unterliegen Fischhaltungsbetriebe, in denen eine genehmigungspflichtige Tätigkeit gemäß § 3 dieser Verordnung ausgeübt wird, einer risikobasierten Überwachung in Bezug auf die Einschleppung und die Übertragung von Fischseuchenerregern. Der Fischbestand wird dabei entsprechend seiner Einstufung in die verschiedenen Kategorien „passiv“ (Probenahme zu Diagnosezwecken bei Verdacht), „aktiv“ (Routinekontrollen, Probenahme zu Diagnosezwecken bei Verdacht) oder „gezielt“ (Routinekontrollen, verbindliche Entnahme von Proben zu Diagnosezwecken) durch die zuständige Behörde oder einen von dieser beauftragten qualifizierten Dienst überwacht.

In Deutschland ist eine gezielte Überwachung für Bestände der Kategorie I, d. h. für Betriebe mit dem Schutzgebietsstatus für IHN und/oder VHS vorgeschrieben. Darüber hinaus wird auch für andere Betriebe eine routinemäßige Entnahme von Proben zur Laboruntersuchung empfohlen.

Bei amtlicher Feststellung der IHN oder VHS in einem Aquakulturbetrieb sind Maßnahmen zur Vermeidung der Verschleppung wie Bestandssperre, Tötung seuchenkranker oder seuchenverdächtiger Fische (”Stamping-out”) sowie ein Sperr- und Beobachtungsgebiet um das Seuchenobjekt festzulegen. Ursachen für Reinfektionen nach Räumung der Bestände sind u. a. eine unvollständige Erregereliminierung durch mangelhafte Desinfektion, Verbleib infizierter Fische in der Anlage, eine Übertragung durch Wildfische sowie ein Neubesatz mit nicht oder unsachgemäß untersuchten, infizierten Fischen.

Angaben zur Epizootiologie

Erreger der IHN und VHS wurden auch 2018 nach klinischem Verdacht und teilweise im Rahmen der Überwachung klinisch gesunder Bestände nachgewiesen.

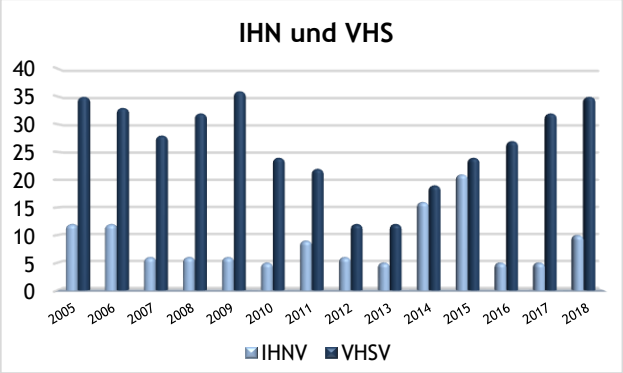


Abb. 9: Anzahl der IHN- und VHS-Meldungen in Deutschland von 2005 bis 2018 (2)

Der Nachweis des Erregers der IHN hat im Berichtszeitraum zu seuchenrechtlichen Maßnahmen in zehn Aquakulturbetrieben geführt (2; Abbildungen 9 und 10). Damit hat sich die Anzahl der gemeldeten IHN-Fälle im Vergleich zum Vorjahr verdoppelt. Betroffen waren ausschließlich Anlagen im Bundesland Bayern.

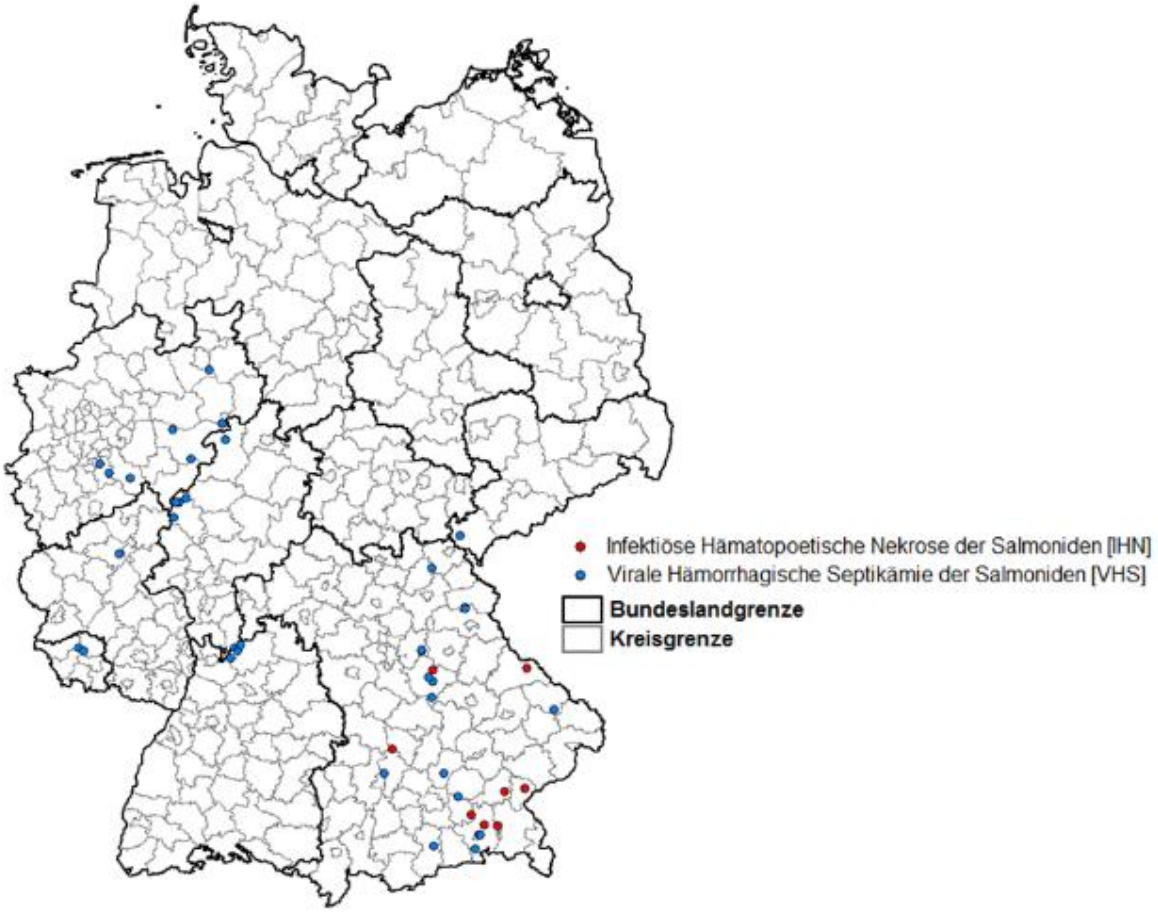


Abb. 10: Im Jahr 2018 gemeldete IHN- und VHS-Ausbrüche (TSN: Stand:24.10.2019)

Trotz intensiver Seuchenbekämpfungsmaßnahmen war auch 2018 ein weiterer Anstieg der gemeldeten VHS-Fälle zu verzeichnen (2; Abbildungen 9 und 10). Insgesamt wurden 35 VHS-Fälle registriert. Die Feststellungen erfolgten in den Bundesländern Bayern (15 x), Baden-Württemberg (2 x), Hessen (6 x), Nordrhein-Westfalen (8 x), Rheinland-Pfalz (1 x), Saarland (2 x) und Sachsen (1 x).

Drei registrierte VHS-Fälle wurden als Primärausbrüche deklariert, d. h. in diesen Fällen waren Aquakulturbetriebe mit Schutzgebietsstatus in Baden-Württemberg, Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz betroffen (2).

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Bekämpfung der anzeigepflichtigen Fischseuchen IHN und VHS inklusive der anzuwendenden Methoden für die Diagnostik ist in Deutschland unter anderem in der Fischseuchenverordnung geregelt, die auf den entsprechenden unionsrechtlichen Maßgaben basiert. Grundlage für die Probenahme und Diagnosemethoden zur Erkennung und zum Nachweis bestimmter Fischseuchen ist der Durchführungsbeschluss 2015/1554/EG vom 11.09.2015 zur Richtlinie 2006/88/EG. Dieser regelt die Anforderungen an die Überwachung und Diagnosemethoden. Demnach ist auch der Genomnachweis mit molekularbiologischen Methoden (RT-qPCR) im Rahmen der

Überwachung und zur Bestätigung eines IHN- bzw. VHS-Verdachtes zulässig.

Die Ergebnisse des 2018 vom FLI durchgeführten nationalen Ringvergleiches bestätigen, dass die Untersuchungseinrichtungen in Deutschland eine sehr gute Diagnostik etabliert haben. Alle teilnehmenden Labore identifizierten entsprechend ihrer Zulassung die Erreger korrekt. Die Verfahren zum Genomnachweis von IHNV und VHSV sind inzwischen in zugelassenen Laboren erfolgreich etabliert. In der Praxis ist es dennoch ratsam, einen positiven Genomnachweis der Erreger anzeigepflichtiger Erkrankungen mit einer weiteren Methode zu bestätigen.

Das Probenaufkommen zur Diagnostik von IHNV und VHSV war in den Untersuchungseinrichtungen Deutschlands im Vergleich zum Vorjahr deutlich erhöht. Mehr als 3.000 Proben wurden auf IHNV und fast 4.100 auf VHSV untersucht. 199 Proben wurden positiv auf VHSV und 74 positiv auf IHNV bzw. deren Genom getestet. Der diagnostische Nachweis einer IHNV- bzw. VHSV-Infektion erfolgt inzwischen vorwiegend mittels RT-qPCR. Ein positives Ergebnis wird in den meisten Fällen durch die Erregerisolierung und/oder RT-PCR mit anschließender Sequenzierung (NRL für IHN und VHS, FLI) bestätigt. Die Identifizierung der viralen Sequenz ist wichtig für die Ermittlung der genetischen Verwandtschaft der Erreger. Die Anzucht der Erreger in der Zellkultur ist insbesondere bei fraglichen bzw. nicht eindeutigen Ergebnissen zum Genomnachweis dieser Erreger sinnvoll.

Das NRL für IHN und VHS am FLI untersuchte im Jahr 2018 insgesamt 56 Proben auf IHNV und 96 auf VHSV. Der Verdacht einer Infektion wurde in 29 Proben für IHNV und in 67 Proben für VHSV bestätigt. Als Nachweisverfahren wurden die RT-qPCR, die Amplifizierung des G-Gens mittels RT-PCR und anschließender Sequenzierung sowie die Zellkultur durchgeführt. Zusätzlich erfolgte die Identifizierung und Erfassung der N-Gen Sequenzen von aktuellen IHN- bzw. VHS-Erregern aus Deutschland, da bei geringer Viruslast eine genetische Charakterisierung der Pathogene basierend auf dem vollständigen G-Gen nicht immer gewährleistet ist. Gleichzeitig können mit diesen Analysen mögliche Mutationen im N-Gen Bereich detektiert werden, um die diagnostische RT-qPCR zeitnah entsprechend diesen Veränderungen anzupassen.

Genetische Charakterisierung

Auf Grundlage der Richtlinie 2006/88/EG wurden zur Aufklärung der IHN- bzw. VHS-Krankheitsgeschehen entsprechende epidemiologische Nachforschungen eingeleitet. Die Untersuchungen zur Ermittlung von Verbreitungs- und Einschleppungswegen der Erreger werden durch die genetische Charakterisierung der Isolate unterstützt. Das Interesse an diesen Analysen ist bei den Mitarbeitern der Fischgesundheitsdienste und den Behörden der Bundesländer sehr hoch. Es wurden sowohl IHN- als auch VHS-Erreger, die in den letzten Jahren in Deutschland nachgewiesen wurden, genetisch charakterisiert. Für diese Analysen wird die Sequenz des vollständigen Glykoprotein-Gens (ca. 1.500 Nukleotide) der Erreger identifiziert und mit vorhandenen Daten aus der nationalen und internationalen Datenbank verglichen. Diese G-Gen Datenbanken des FLI umfassen inzwischen ca. 1.300 VHSV- sowie 600 IHNV-Einträge. Regelmäßig erfolgt ein Abgleich mit international verfügbaren Daten.

Im Jahr 2018 war die genetische Charakterisierung der Erreger von neun der zehn IHN- sowie von 22 der 35 gemeldeten VHS-Geschehen erfolgreich. Gründe für die ausbleibende Charakterisierung von Erregern waren zu geringe Viruslasten im Organmaterial, fehlende Zellkulturanzuchten bzw. keine Verdachtsbestätigung. Weitere Proben stammten von Folgeuntersuchungen im Rahmen der Sanierung oder nach Neubesatz.

Alle IHN- und VHS-Geschehen des Jahres 2018 wurden von genetisch identischen bzw. nah verwandten

Erregern verursacht, die bereits in den letzten Jahren in Deutschland isoliert worden waren. Untersuchungen von mehreren Proben eines infizierten Bestandes ergaben mit einer Ausnahme keine bzw. nur eine sehr geringe genetische Varianz innerhalb des analysierten Bereiches der jeweiligen Erreger.

Innerhalb des IHN-Geschehens mit der TSN-Seuchenobjektnummer (TSN-SO) 18-027-00009 wurden zwei Erreger unterschiedlicher Subgenogruppen identifiziert. Die IHN-Erreger aus dem Jahr 2018 sind im Wesentlichen zwei genetischen Subgenogruppen zuzuordnen, die seit 2013 (Untergruppe von E-1) bzw. seit 2008 (Untergruppe von E-2) in Deutschland nachgewiesen werden (Abb. 11).

Die genetischen Daten der Erreger lassen einen epidemiologischen Zusammenhang zwischen folgenden IHN-Geschehen vermuten: TSN-SO 18-027-00005, 18-027-00007, 18-027-00008, 18-027-00009, 18-027-00010 und 18-027-00011. Diese IHN-Viren der Untergruppe innerhalb des Subgenotyps E-1 sind verwandt mit IHN-Viren der Jahre 2013 und 2014 aus Bayern (TSN-SO 13-027-00004) und Baden-Württemberg (TSN-SO 14-027-00017) sowie mit Erregern aus Italien und dem Iran des Jahres 2013.

Erreger der Untergruppe des Subgenotyps E-2 wurden im Rahmen der IHN-Feststellungen (TSN-SO) 18-027-00001, 18-027-00002, 18-027-00006 sowie 18-027-00009 identifiziert. Die Viren sind in den analysierten Bereichen untereinander genetisch identisch bzw. unterscheiden sich nur geringfügig. Sie sind genetisch sehr eng verwandt mit Erregern, die in den Jahren 2015 und 2016 in Sachsen (TSN-SO 156-027-00001) und Baden-Württemberg (TSN-SO 15-027-00002, 15-027-00015 und 15-027-00025) identifiziert worden waren.

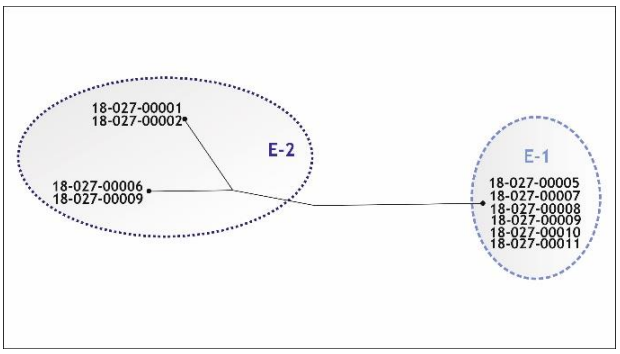


Abb. 11: Vereinfachte Darstellung der genetischen Verwandtschaft von IHNV-Erregern der TSN-Geschehen 2018.

Alle untersuchten VHS-Erreger des Jahres 2018 sind der Subgenogruppe Ia (Europa) zuzuordnen. Genetisch identische bzw. sehr nah verwandte Erreger wurden sowohl innerhalb eines Bundeslandes aber auch in verschiedenen Bundesländern isoliert. VHS-Erreger aus dem Jahr 2018 sind genetisch verwandt mit Viren einer Subgenogruppe, die seit 2002 in Deutschland nachgewiesen werden.

Die genetische Verwandtschaft der VHS-Erreger, die 2018 in Deutschland nachgewiesen und genetisch charakterisiert wurden, ist in Abbildung 12 schematisch dargestellt.

Auf Grund der ermittelten 100 bis 99,9%igen Homologie der Erreger, d. h. maximal einem Nukleotidaustausch innerhalb des G-Gens, erhärtet sich ein epidemiologischer Zusammenhang der VHS-Ausbruchsgeschehen in den Bundesländern Bayern (TSN-SO: 18-801-00031), Hessen (TSN-SO: 18-801-00003, 18-801-00004, 18-801-00006, 18-801-00017), Nordrhein-Westfalen (TSN-SO: 18-801-00002, 18-801-00010, 18-801-00014) und Sachsen (TSN-SO: 18-801-00036). Identische Erreger sind im Jahr 2017 in Rheinland-Pfalz (TSN-SO 17-801-00029) und Nordrhein-Westfalen (TSN-SO 17-801-00028, 17-801-00031, 17-801-00032, 17-801-00034) nachgewiesen worden. VHS-Viren, die sich im analysierten Bereich nur in einem Nukleotid unterscheiden, sind bereits in den Jahren 2016 und 2017 in den Bundesländern

Hessen, Thüringen, Bayern, Baden-Württemberg und Nordrhein-Westfalen identifiziert worden.

Eine Verbreitung der VHS zwischen Anlagen verschiedener Landkreise innerhalb eines Bundeslandes ist im Fall des Ausbruchsgeschehens in Bayern (TSN-SO 18-801-00022, 18-801-00023 und 18-801-00035) zu vermuten, da sich die Erreger im analysierten Glykoprotein-Gen maximal in zwei Nukleotiden unterscheiden.

Einträge genetisch verwandter Erreger von Ausbruchsgeschehen des Jahres 2017 in Baden-Württemberg (TSN-SO: 17-801-00017) und Nordrhein-Westfalen (TSN-SO: 17-801-00021, 17-801-00022) führten zum Auftreten der VHS in Rheinland-Pfalz (TSN-SO 18-801-00001) und im Saarland (TSN-SO 18-801-00027).

Basierend auf den Ergebnissen zur genetischen Verwandtschaft der Erreger besteht der Verdacht eines Zusammenhanges zwischen zwei VHS-Geschehen in Bayern (TSN-SO 18-801-00033 und 18-801-00034). Eng verwandte Erreger sind 2015/2016 in Brandenburg (TSN-SO 16-801-00002) sowie 2016 in Bayern (TSN-SO 16-801-00001) nachgewiesen worden.

Genetisch sehr nah verwandte Erreger sind sowohl in Baden-Württemberg (TSN-SO 18-801-00019) als auch in Hessen (TSN-SO 18-801-00015) identifiziert worden. VHS-Viren mit einem Unterschied von bis zu fünf Nukleotiden waren bereits im Jahr 2015 in Nordrhein-Westfalen und Rheinland-Pfalz sowie 2016 in Bayern nachgewiesen worden.

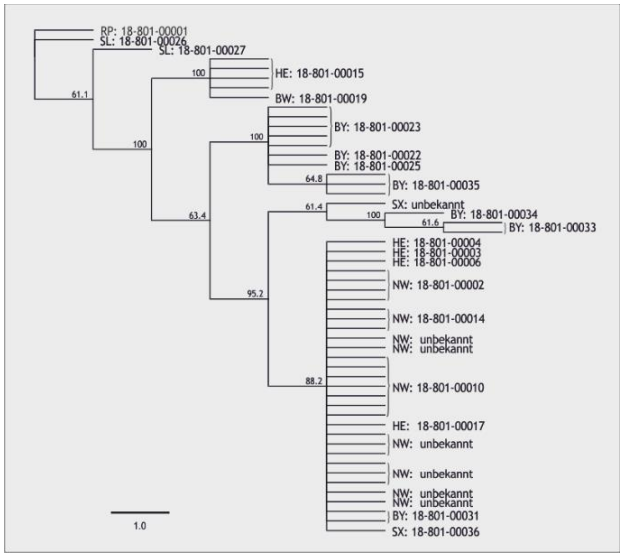


Abb. 12: Genetische Verwandtschaft aller charakterisierten VHS-Erreger des Jahres 2018 entsprechend des TSN-SO unter Angabe des jeweiligen Bundeslandes (BY: Bayern, BW: Baden-Württemberg, HE: Hessen, NW: Nordrhein-Westfalen, RP: Rheinland-Pfalz, SL: Saarland, SX: Sachsen)

All diese Ergebnisse verdeutlichen, dass trotz strenger Vorgaben zur Seuchenbekämpfung Erreger der IHN und VHS durch den Handel infizierter, klinisch unauffälliger Fische verbreitet werden. Dank der äußerst sensitiven Untersuchungsmethoden konnten jedoch auch infizierte Bestände identifiziert werden, in denen keine Klinik zu beobachten war. Der vorliegende Bericht bestätigt erneut die Notwendigkeit einer regelmäßigen Überwachung von Aquakulturbetrieben im Rahmen der Seuchenbekämpfung. Nur durch passive Kontrollen und Probenahmen können anzeigepflichtige Erkrankungen in klinisch unauffälligen Beständen rechtzeitig erkannt und eliminiert werden.

Gefährdung des Menschen

Eine Übertragung des VHS- und IHN-Virus auf Warmblüter erscheint nicht möglich. Die Viren vermehren sich ausschließlich in Kaltwasserfischen. Die optimale Vermehrungstemperatur für die Erreger liegt *in vitro* bei etwa 15 °C. Eine Adaptation an höhere Temperaturen ist nur bis etwa 25 °C erreichbar. Bei 37 °C erfolgt keine Virusvermehrung.

Besondere Maßnahmen zum Verbraucherschutz sind nach derzeitigem wissenschaftlichem Kenntnisstand nicht erforderlich.

Quellen

1) Statistisches Bundesamt (Destatis), 2018

2) Tierseuchennachrichtensystem des FLI (TSN)

24. West-Nil-Virus-Infektion (WNV) – West Nile virus infection

Ziegler, U., Keller, M., Eiden, M., Fast, C., Groschup, M. H.

Summary

West Nile virus (WNV) is a mosquito-borne viral pathogen of global importance and is considered to be the most widespread flavivirus in the world.

WNV is maintained in an enzootic cycle between ornithophilic mosquitoes, mainly of the *Culex* genus, and certain wild bird species. Other bird species such as ravens, jays and raptors are highly susceptible to the infection and may develop fatal encephalitis, while other bird species only go through subclinical infection. Humans and horses are dead-end-hosts and can develop the disease post infection, ranging from mild febrile illness (West Nile fever) to encephalitis with fatal outcome.

In Germnay, West Nile virus infections were detected for the first time in 2018 in tewelve birds and two horses. Since no national control regulation currently exists for this notifiable animal disease, any control measures should be based on the German Animal Health Law.

Zusammenfassung

Das West-Nil Virus (WNV) ist ein von Mücken übertragendes virales Pathogen mit weltweiter Bedeutung und eines der am meisten verbreiteten Flaviviren überhaupt. WNV wird hauptsächlich in einem enzootischen Zyklus zwischen ornithophilen Mücken, hauptsächlich Stechmücken der Gattung *Culex*, und bestimmten Wildvogelarten aufrechterhalten.

Bestimmte Vogelarten wie z. B. Raben, Eichelhäher und Greifvögel sind besonders empfänglich für eine WNV-Infektion und können bis hin zu tödlichen Enzephalitiden entwickeln, während andere Vogelarten nur subklinische Infektionen durchlaufen. Menschen und Pferde sind sog. Fehlwirte („dead-end-hosts”) der Erkrankung und können milde fieberhafte Symptome (sog. „West-Nil-Fieber“) bis hin zu schweren Gehirnentzündungen mit tödlichem Ausgang entwickeln.

Erstmalig wurde das West-Nil-Virus bei zwölf Vögeln und zwei Pferden im Jahr 2018 in Deutschland nachgewiesen. Infektionen mit diesem Virus stellen eine anzeigepflichtige Tierseuche dar, für die derzeit keine nationale Bekämpfungsverordnung vorhanden ist. Daher sollte sich das tierseuchenrechtliche Vorgehen auf das Tiergesundheitsgesetz stützen.

Epidemiologie / Erreger

Den Namen erhielt das Virus nach seinem erstmaligen Isolierungsort 1937 im West-Nil-Distrikt in Uganda/Afrika. Das WNV gehört zur Familie der *Flaviviridae*, zu der auch eine große Zahl anderer für den Menschen gefährlicher Krankheitserreger zählen: z. B. Gelbfiebervirus, Denguevirus Typ 1 - 4, Japan-Enzephalitis-Virus, St. Louis-Enzephalitis-Virus, Frühsommer-Meningoenzephalitis-Virus (FSME-Virus) sowie Hepatitis-C-Virus.

Das Virus wird durch blutsaugende Stechmücken übertragen, zirkuliert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf und wird somit zu den Arboviren (Abkürzung für „arthropod-borne“) gezählt.

Epidemiologie / Klinische Symptomatik

Bei **Vögeln** bleibt eine Infektion mit WNV in den meisten Fällen symptomlos. Eine Reihe von Vogelarten ist jedoch sehr empfänglich für WNV, so dass es zu massiven Epidemien mit Todesfällen kommt. Hierbei sind besonders Sperlingsvögel (Passeriformes), darunter vor allem die Rabenvögel (*Corvidae*), aber auch einige Greifvogelarten aus der Ordnung der Accipitri-/Falconiformes zu nennen. Auch beim Wirtschaftsgeflügel, vorrangig Gänse, kommt es immer wieder zu neurologischen Erkrankungen, die häufig tödlich enden (Israel 1997 - 2000, Ungarn 2003, USA 2005, Kanada 2007).

Die Mehrzahl der **Pferde**, die mit WNV infiziert werden, entwickeln ähnlich dem Menschen keinerlei klinische Symptomatik. Einige Tiere hingegen reagieren jedoch mit deutlichen zentralnervösen Ausfallerscheinungen aufgrund von Meningitiden oder Enzephalitiden. Zu den klinisch auffälligen zentralnervösen Störungen zählen Stolpern, Nachhandlähmungen, Ataxien, allgemeine Schwäche, Muskelzittern (Tremor) und Lähmungen bis zum Festliegen der Tiere. Die erkrankten Pferde zeigen seltener fiebrige Allgemeinerkrankungen, die nur in ungefähr einem Viertel der infizierten Fälle auftreten. Pferde mit klinischen Anzeichen können die Infektion zwar überleben, behalten aber oft lebenslang neurologische Schäden zurück. Eine spezifische Behandlungsmöglichkeit existiert nicht, nur eine symptomatische Therapie ist möglich. Bei bis zu 40 Prozent der infizierten Tiere kann die Erkrankung tödlich verlaufen. Die nachweislichen Erkrankungsfälle bei Pferden in Europa wurden erstmalig über das „European Centre for Disease Prevention and Control (ecdc)“ fallzahlmäßig für das Jahr 2017 gesammelt und sind dort jährlich nachzulesen. Im Jahr 2018 kam es zu einem deutlichen Anstieg der Erkrankungsfälle bei Pferden (siehe Webseite ecdc).

Die Infektion beim **Menschen** verläuft bei 80 Prozent der Infizierten ohne Symptome. Nur etwa 20 Prozent der Infizierten zeigen leichte Krankheitssymptome wie Fieber und grippeähnliche Erscheinungen. Diese Erkrankungsform wird deshalb auch als „West-Nil-Fieber“ bezeichnet und gilt als klassischer Verlauf der Krankheit. In weniger als einem Prozent der Fälle kann allerdings auch ein schwerer, hoch fieberhafter Krankheitsverlauf mit Meningitis oder Enzephalitis auftreten, der zu bleibenden neurologischen Schädigungen führen kann und in seltenen Fällen tödlich endet. Im Jahr 2018 kam es zu einem deutlichen Anstieg der humanen Erkrankungs- und Todesfälle in Europa (siehe Webseite ecdc).

Labordiagnostische Untersuchungen / Forschung

Seit vielen Jahren werden am FLI jährlich virologische (qRT-PCR, PanFlavi-PCR, Eiden *et al*. 2010, Vina Rodriguez *et al*. 2017) und serologische Untersuchungen von Wildvögeln auf das Vorkommen von WNV und anderen Arboviren durchgeführt. Es konnten seitdem viele hundert Blutproben von Wildvögeln untersucht werden. Zur Abklärung von serologischen Kreuzreaktionen wurden hierbei Reagenten auch auf Usutu-Virus-spezifische Antikörper untersucht (Ziegler *et al*. 2012, 2015; Michel *et al*. 2018). Seit dem Jahr 2015 wurden die Standorte zur Sammlung von Wildvogelblutproben deutlich ausgeweitet und ein sog. deutschlandweites Wildvogelnetzwerk im Rahmen eines DZIF-Projektes systematisch aufgebaut. An bis zu 22 verschiedenen Sammelorten in Deutschland werden im Rahmen dieses Netzwerkes Blutproben von Wildvögeln gewonnen. Mehr als 1.900 verschiedene Wildvogelblutproben von 20 Vogelordnungen und aus 136 verschiedenen Wildvogelspezies wurden zwischen 2014 und 2016 ausgewertet. Die nachgewiesenen WNV-Antikörper bei den Wildvögeln stammten ausnahmslos von Zugvögeln (überwiegend Mittel- bis Langstreckenzieher, aber auch einige Kurzstreckenzieher) mit mutmaßlichem Kontakt zum Virus im Überwinterungsgebiet. WNV-spezifische RNA konnte nicht nachgewiesen werden (Michel *et al*. 2018).

Da am Nationalen Referenzlabor für West-Nil-Virus-Infektionen des FLI alle eingesandten Wild-/Zoovogelproben immer auf beide Viren (WNV und USUV) untersucht werden, konnte in Zusammenarbeit mit dem Landesamt für Verbraucherschutz in Stendal die erste WNV-Infektion bei einem Vogel in Deutschland am 28. August 2018 nachgewiesen werden. Dabei handelte es sich um einen 3,5 Jahre alten männlichen Bartkauz, der Mitte August 2018 im Zoo Halle (Saale) in seiner Voliere tot aufgefunden worden war. Nur knapp 14 Tage später wurde bei einem ver-

endeten wildlebenden Habicht aus dem Raum Bernburg (Saale) ebenfalls das WNV detektiert. Am 12. September 2018 wurde retrospektiv die WNV-Infektion bei einem Bartkauz aus dem Wildpark in Poing, Nähe München, bestätigt. Das wenige Tage später verstorbene Partnertier wurde Mitte September 2018 auch WNV-positiv getestet. Weitere Nachweise von infizierten Vögeln erfolgten im Raum Berlin (zwei Schneeeulen, eine Amsel) sowie in Mecklenburg-Vorpommern im Raum Rostock-Laage (eine Amsel). Fast zeitgleich erkrankten in Sachsen-Anhalt und in Nordsachsen insgesamt drei Habichte, die als Hobbytiere gehalten wurden, wobei zwei Vögel die Infektion überlebten. Die neurologischen Störungen (z. B. Apathie, Nystagmus) haben sich fast vollständig zurückgebildet. Der WNV-Nachweis erfolgte über die Detektion spezifischer Antikörper im Serumneutralisationstest. Das dritte Tier aus Bad Düben verendete und war in allen untersuchten Organen WNV-positiv. Ein weiterer Wildvogel (Waldkauz) aus dem Raum Halle (Saale) wurde ebenfalls WNV-positiv detektiert, sodass derzeit bundesweit insgesamt zwölf Vögel positiv auf WNV getestet wurden.

Am 21. September 2018 wurde der erste Fall einer WNV-Infektion bei einem Pferd in Deutschland festgestellt. Das Tier (fünf Monate altes Fohlen aus dem Landkreis Elbe-Elster, südliches Brandenburg) wurde aufgrund neurologischer Symptomatik mit protrahierendem Verlauf eingeschläfert. Die Organe - mittels qRT-PCR untersucht - waren alle WNV-positiv. Erstmalig wurde dann am 2. Oktober 2018 ein 6-jähriges Sportpferd aus Sachsen-Anhalt mittels IgM-ELISA serologisch positiv getestet, welches im Vorfeld klinische Symptome wie schwankenden Gang, Apathie bis Somnolenz zeigte, aber vollständig rekonvaleszierte.

Die räumliche Verbreitung der in 2018 WNV-positiv getesteten Vögel und Pferde in Deutschland ist aus Abbildung 1 ersichtlich.

Erste molekularbiologische Untersuchungen zeigten, dass es sich um ein WNV der Linie 2 handelt, welches eng verwandt mit einem Isolat aus einer tschechischen Mücke aus dem Jahr 2013 und einem Isolat eines Blutspenders aus Österreich von 2015 ist. Detailliertere phylogenetische Untersuchungen gaben Aufschluss darüber, dass es sich wahrscheinlich um einen Einzeleintrag des Virus aus der Tschechischen Republik nach Deutschland handelte (Ziegler *et al*. 2019).

WNV-Infektionen bei einem Vogel oder Pferd sind seit dem 18. Dezember 2009 eine anzeigepflichtige Tierseuche in Deutschland. Da es bisher keine nationale Verordnung zur Bekämpfung von WNV-Infektionen gibt, sollte man bei den Kriterien, die das Vorkommen von WNV kennzeichnen, nach den Vorgaben der Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE) vorgehen. Hierbei sind drei Kriterien gelistet, die das Vorkommen von West-Nil-Fieber (WNF) in einem Tier kennzeichnen:

1. WNV wurde von einem Tier isoliert, welches Zeichen von WNF zeigt.
2. Spezifisches virales Antigen oder virale RNA wurde aus Proben von einem oder mehreren Tieren isoliert, welche Zeichen von WNF zeigen oder die epidemiologisch verbunden mit einem bestätigten oder mutmaßlichen WNF-Ausbruch sind.
3. WNV-Antikörper, die nicht von einer Impfung stammen, wurden in einem Tier gefunden, welches klinische Symptome von WNF zeigt oder das epidemiologisch verbunden mit einem bestätigten oder mutmaßlichen WNF-Ausbruch ist.

Obwohl man derzeit keine Vorhersage über das Vorkommen und die Verbreitung des WNV in Deutschland in diesem und weiteren Jahren geben kann, sollten Pferde in den „Hotspot-Regionen“ bis zum Beginn der Mückensaison unter Impfschutz gestellt werden, um einer Erhöhung der Erkrankungszahlen bei Equiden vorzubeugen. So empfiehlt die Ständige Impfkommission Veterinärmedizin (StIKo Vet vom

22. Oktober 2018), die Immunisierung gegen WNV in betroffenen Gebieten als Core-Komponente in die Impfung von Pferden aufzunehmen, obwohl derzeit eine Unterscheidung von feldvirusinduzierten Antikörpern und Impfantikörpern im Rahmen einer DIVA-Strategie nicht möglich ist.
In Europa sind derzeit drei WNV-Impfstoffe für die Anwendung beim Pferd durch die Europäische Arzneimittelagentur zugelassen. Für alle drei Impfstoffe (Tabelle 2) gilt, dass sich Pferde trotz der Impfung mit WNV infizieren können, jedoch schützen sie weitgehend vor einer klinischen Ausprägung der Infektion, verkürzen die Dauer der Virämie sehr deutlich und verringern die Viruslast während dieser Phase. Weltweit gibt es bislang keine zugelassenen Impfstoffe gegen WNV für den Menschen.

Gehäuft traten in letzter Zeit sowohl im Rahmen von diagnostischen Einsendungen von klinisch erkrankten Pferden mit nachweislicher neurologischer Symptomatik als auch im Rahmen von Montoringuntersuchungen serologische Kreuzreaktionen mit dem FSME-Virus auf. Hierbei hat sich besonders in der Serolgie (Tabelle 1) mit dem zugelassenen kompetitiven WNV-ELISA gezeigt, dass das Vorkommen von FSME-Virusantikörpern bei Pferden falsch positive WNV-ELISA Ergebnisse verursachen kann (Ziegler *et al*. 2013). Deshalb sollte bei Pferden mit neurologischer Symptomatik neben einer WNV-Infektion auch eine mögliche FSMEV-Infektion im Nationalen Referenzlabor (NRL) abgeklärt werden.

Ausblick

Um das Risiko im Hinblick auf Infektionen bei Menschen und Tieren sowie die Verbreitung von WNV-, aber auch von Usutu-Virus, besser einschätzen zu können, wird seit vielen Jahren am Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger (INNT) des FLI ein Wildvogel-Monitoring-Projekt durchgeführt (siehe auch Abschnitt zu Usutu-Virus). In Zusammenarbeit mit verschiedenen Kooperationspartnern werden Blutproben und Tierkörper von Wild-, Volieren- und Zoovögeln auf das Vorkommen von verschiedenen Arboviren untersucht. Dabei unterstützen ehrenamtlichen Ornithologen und Mitarbeiter der veterinärmedizinischen Landesuntersuchungsämter, der Vogelkliniken der veterinärmedizinischen Fakultäten, des Bernhard-Nocht-Instituts für Tropenmedizin (BNITM), der Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Stechmückenplage (KABS), des Naturschutzbundes (NABU) sowie etliche tierärztliche Vogelpraxen und Wildvogelauffangstationen dieses deutschlandweit einmalige Wildvogel-Monitoring-Projekt als Probensammler. So konnten seit 2007 mehr als 7.300 Wildvogelblutproben untersucht werden. Vor 2018 wurde bei keinem untersuchten Vogel ein Hinweis auf eine frühere autochthon erworbene West-Nil-Infektion ermittelt (Ziegler *et al*. 2015, Michel *et al*. 2018, Michel *et al*. 2019). Auch alle bundesweit untersuchten verendeten Vögel waren bis August 2018 stets negativ bezüglich WNV.
In den schon seit mehreren Jahren durchgeführten Stechmücken-Monitoring-Programmen, teilweise in Zusammenarbeit mit weiteren Forschungsinstituten, welche durch Mittel der Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft (CuliMo, CuliFo) sowie für Bildung und Forschung (DZIF) finanziell gefördert werden, konnten ebenfalls bisher keine Hinweise auf WNV-Infektionen in Stechmücken gefunden werden (Scheuch *et al*. 2018).
Der weitere Verlauf der WNV-Erkrankung unter den Vögeln und Pferden in Deutschland ist derzeit nicht vorherzusagen. Es bleibt abzuwarten, ob der Erreger in einheimischen Stechmücken überwintern konnte.

Rechtsvorschriften

Bisher gibt es keine WNV-Verordnung für Deutschland.

Tabelle1: Zugelassene ELISAs für die Serologie

Methode	Untersuchungs-Material
IgG-ELISA (ID Screen® West Nile Competition-ID-VET)	Serum von Pferden, Hühnern, Enten und Gänsen
IgM-ELISA (ID Screen® West Nile IgM Capture-ID-VET)	Serum und Plasma von Pferden

Tabelle 2: Auflistung der in Deutschland zugelassenen WNV-Impfstoffe für Pferde

Handelsname	Zulassungsinhaber	lebend/ inaktiviert
Equip WNV	Zoetis	inaktiviert
Equilis West Nile	Intervet	inaktiviert
Proteq West Nile	Merial (Vertrieb durch Boehringer	lebend

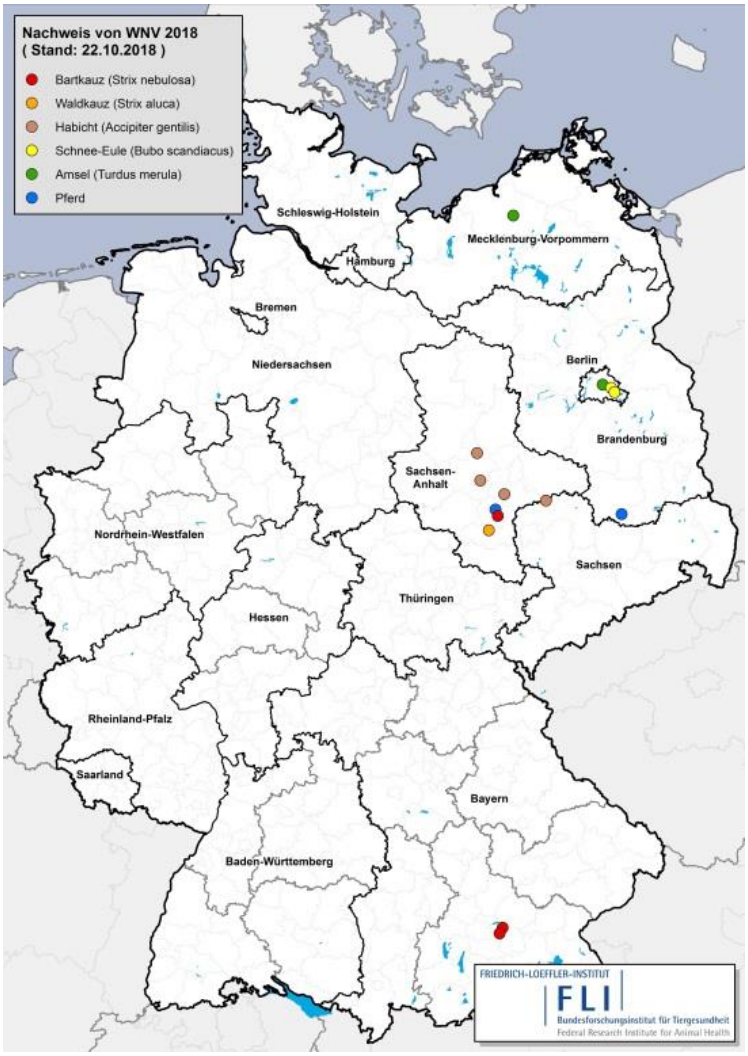


Abb. 1: Geographische Verbreitung der WNV-Nachweise bei Vögeln und Pferden im Jahr 2018

Literatur

- Eiden M, Vina-Rodriguez A, Hoffmann B, Ziegler U, Groschup MH (2010). Two new real-time quantitative reverse transcription polymerase chain reaction assays with unique target sites for the specific and sensitive detection of lineages 1 and 2 West Nile virus strains. J. Vet. Diagn. Invest. 2010, 22, 748–753.

- Impfempfehlung STIKoVet: https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00017232/Stellungnahme_WNV-Impfung_Pferde_2018-10-22.pdf

- Michel, F., Fischer, D., Eiden, M., Fast, C., Reuschel, M., Müller, K., Rinder, M., Urbaniak, S., Brandes, F., Schwehn, R., Lühken, R., Groschup, M.H. and Ziegler U. (2018). West Nile Virus and Usutu Virus Monitoring of Wild Birds in Germany. Int J Environ Res Public Health. 2018 Jan 22;15(1). pii: E171. doi: 10.3390/ijerph 15010171.

- Michel, F., Sieg, M., Fischer, D., Keller, M., Eiden, M., Reuschel, M., Schmidt, V., Schwehn, R., Rinder, M., Ur-baniak, S., Müller, K., Schmoock, M., Lühken, R., Wysocki, P., Fast, C., Lierz, M., Korbel, R., Vahlenkamp, T.W., Groschup, M.H. and Ziegler, U. (2019). Evidence for West Nile Virus and Usutu Virus infections in wild and resident birds in Germany, 2017 and 2018. Viruses submitted.

- Scheuch, D.E., Schäfer, M., Heym, E.C., Walther, D., Ziegler, U., Keller, M., Eiden, M., Groschup, M.H., Kampen, H. (2018). Detection of Usutu, Sindbis and Batai viruses in mosquitoes (Diptera:Culicidae) collected in Germany, 2011-2016. Viruses 10, 389.

- Vina-Rodriguez A, Sachse K, Ziegler U, Chaintoutis SC, Keller M, Groschup MH, Eiden M. (2017). A Novel Pan-Flavivirus Detection and Identification Assay Based on RT-qPCR and Microarray. Biomed Res Int. 2017;2017:4248756. doi: 10.1155/2017/4248756.

- Ziegler U, D. Seidowski, J. Angenvoort, M. Eiden, K. Müller, N. Nowotny and M. H. Groschup (2012). Monitoring of West Nile virus infections in Germany. Zoonoses Public Health 2012, 59:95-101.

- Ziegler U, Angenvoort J, Klaus C, Nagel-Kohl U, Sauerwald C, Thalheim S, Horner S, Braun B, Kenklies S, Tyczka J, Keller M, Groschup MH (2013). Use of Competition ELISA for Monitoring of West Nile Virus Infections in horses in Germany. Int. J. Environ. Res. Public Health 2013, 10, 3112-3120; doi:10.3390/ijerph1008 3112.

- Ziegler, U., Jöst, H., Müller, K., Fischer, D., Rinder, M., Tietze, D.T., Danner K.-J., Becker, N., Skuballa, J., Haman, H.-P., Bosch, S., Fast, C., Eiden, M., Schmidt-Chanasit, J. and M.H. Groschup (2015). Epidemic spread of Usutu virus in southwest Germany in 2011 to 2013 and monitoring of wild birds for Usutu and West Nile viruses. Vector Borne Zoonotic Dis. 2015, 15:481-488.

- Ziegler U, Lühken R, Keller M, Cadar D, van der Grinten E, Michel F, Albrecht K, Eiden M, Rinder M, Lachmann L, Höper D, Vina-Rodriguez A, Gaede W, Pohl A, Schmidt-Chanasit J, Groschup MH. (2019) West Nile virus epizootic in Germany, 2018. Antiviral Res. 162:39-43.

25. Zoonotische Bornaviren – Zoonotic Borna Viruses

Allendorf, V., Rubbenstroth, D., Schlottau, K., Hoffmann, D., Höper, D., Ebinger, A., Schulze, V., Ulrich, R. G., Homeier-Bachmann, T., Beer, M.

Summary

While looking for the cause of three human cases of fatal encephalitis in squirrel breeders in Saxony-Anhalt, a new bornavirus was discovered in 2015. It was found in brain tissue samples of the deceased breeders as well as in a variegated squirrel (*Sciurus variegatoides*) of one holding and designated variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1). During the following investigations, VSBV-1 was also found in further variegated squirrels and other squirrel species (e. g. Prevost's squirrel, *Callosciurus prevostii*) in private husbandries and zoos in Germany, the Netherlands, and Croatia. Additionally, a fourth human case of fatal VSBV-1 infection became apparent: an animal caretaker at a German zoo who most probably got infected by a VSBV-1 positive Prevost's squirrel of the zoo´s husbandry. So far, the investigations revealed no hints that indigenous Eurasian squirrels can be affected.

In early 2018, the zoonotic potential of the "classical" Borna disease virus 1 (BoDV-1), another member of the family *Bornaviridae*, has been demonstrated. Until the end of 2018, 16 confirmed human BoDV-1 infections were detected, in which patients died of severe encephalitis similar to human VSBV-1 infection. BoDV-1 has been known since long as the pathogen of Borna disease, a severe neurologic disease of equines, sheep and other domestic or zoo animals. Infections of humans had been discussed, but never proven. The recently detected human cases indicated a very clear zoonotic potential of BoDV-1 and change this picture now completely; therefore, data on the situation in reservoir and dead-end animal hosts is urgently required.

Zusammenfassung

Auf der Suche nach der Ursache von tödlich verlaufenen Gehirnentzündungen bei drei Hörnchenzüchtern in Sachsen-Anhalt wurde im Jahr 2015 ein neues Bornavirus entdeckt. Dieses Virus wurde sowohl in Gewebeproben der verstorbenen Züchter als auch im Bunthörnchen (*Sciurus variegatoides*) eines Züchters nachgewiesen und Bunthörnchen-Bornavirus 1 (variegated squirrel bornavirus 1, VSBV-1) genannt. Im Verlauf der sich anschließenden Untersuchungen wurde VSBV-1 sowohl in weiteren Bunthörnchen als auch Prevost-Hörnchen (*Callosciurus prevostii*) sowie vereinzelt in anderen exotischen Hörnchenarten in Privathaltungen und Zoos in Deutschland, den Niederlanden und Kroatien gefunden. Zudem wurde ein weiterer durch eine VSBV-1-Infektion verursachter Todesfall bekannt: eine Zootierpflegerin, die sich vermutlich bei einem in der Zoohaltung befindlichen Prevost-Hörnchen infiziert hatte. Alle bisherigen Untersuchungen lieferten keine Hinweise, dass der Erreger im heimischen Eurasischen Eichhörnchen (*Sciurus vulgaris*) vorkommt.

Zu Beginn des Jahres 2018 wurde das zoonotische Potenzial eines weiteren Vertreters der Familie *Bornaviridae*, des „klassischen" Borna disease virus 1 (BoDV-1), nachgewiesen. Das Virus ist als Erreger der Borna´schen Krankheit bei Pferden, Schafen und anderen Haus- und Zoosäugetieren lange bekannt. BoDV-1-Infektionen des Menschen wurden vorher zwar diskutiert, konnten jedoch nie belegt werden. Vor kurzem wurden jedoch mehrere Fälle beschrieben, bei denen Patienten einer der VSBV-1-Infektion ähnlichen Gehirnentzündung erlagen und BoDV-1 eindeutig als verursachender Erreger identifiziert werden konnte. Die Erhebung aktueller Daten zum

Vorkommen von BoDV-1 bei tierischen Reservoir- und Fehlwirten ist daher dringend geboten.

Erreger und Epidemiologie

BoDV-1 (Virus-Spezies *Mammalian 1 orthobornavirus*) und VSBV-1 (*Mammalian 2 orthobornavirus*) sind zusammen mit dem ebenfalls zur Spezies *Mammalian 1 orthobornavirus* gehörenden BoDV-2 die einzigen bisher bekannten Säugetier-Bornaviren. Beide Spezies sind phylogenetisch eng miteinander verwandt und bilden gemeinsam mit Bornaviren von Vögeln und Reptilien die Gattung *Orthobornavirus* innerhalb der Familie *Bornaviridae*.

Beide Virusarten scheinen ihr natürliches Reservoir in Kleinsäugern zu besitzen. Der bisher einzige bekannte natürliche Reservoirwirt des BoDV-1 ist die in vielen Teilen Mitteleuropas beheimatete Feldspitzmaus (*Crocidura leucodon*). Das Virus scheint jedoch nur in Teilen des Verbreitungsgebietes dieser Spitzmausart endemisch zu sein. Die bekannten Endemiegebiete umfassen Teile Ost- und Süddeutschlands, Österreichs, der Schweiz sowie Liechtenstein (vgl. Abb.1).

Das natürliche Reservoir und das ursprüngliche Verbreitungsgebiet von VSBV-1 sind hingegen noch unbekannt. Das Virus konnte bisher ausschließlich in vereinzelten Haltungen exotischer Hörnchenarten in Deutschland, den Niederlanden und Kroatien nachgewiesen werden. In diesen Haltungen zeigte sich, dass dem Virus unter diesen Bedingungen verschiedene, aus Mittel- und Südamerika sowie Südostasien stammende Hörnchenarten als Reservoirwirt dienen können. Die Untersuchungen zum natürlichen Virusreservoir in Europa oder Übersee dauern an. Die sehr enge Verwandtschaft der bisher gefundenen VSBV-1-Stämme deutet auf einen gemeinsamen Ursprung hin, möglicherweise ausgehend von einem einzigen Eintrag in die in Europa gehaltenen Hörnchenpopulationen.

Kennzeichnend für Bornavirus-Reservoirwirte ist, dass sie bei einer Infektion mit Bornaviren nicht erkranken. Vielmehr siedelt sich das Virus neben dem Zentralnervensystem (ZNS) auch in Zellen anderer Körpergewebe an und vermehrt sich offenbar ohne effektiv vom Immunsystem bekämpft zu werden. Die infizierten Tiere zeigen keine erkennbaren Krankheitssymptome, können jedoch infektiöses Virus über Speichel, Urin und Kot ausscheiden. Diese Infektionsstrategie ermöglicht die Etablierung und Weiterverbreitung des Erregers innerhalb der Populationen der jeweiligen Reservoirwirte. Jedoch kommt es gelegentlich auch zur Übertragung auf andere Arten, sogenannte Fehlwirte.

Die Übertragungswege innerhalb des Reservoirs und auf Fehlwirte sind bisher noch nicht genau bekannt. Möglicherweise erfolgt die Infektion über Biss- und Kratzverletzungen sowie über den Kontakt von Schleimhäuten mit virushaltigen Ausscheidungen. Im Umgang mit Hörnchen oder Spitzmäusen mit unbekanntem Infektionsstatus ist daher immer besondere Vorsicht geboten.

Nach Übertragung auf einen Fehlwirt infizieren VSBV-1 und BoDV-1 praktisch ausschließlich das Nervengewebe und dringen entlang der Nervenbahnen bis in das zentrale Nervensystem vor. Dort wird ihre Anwesenheit und Vermehrung vom Immunsystem des Fehlwirts erkannt und bekämpft, wodurch es zu einer meist tödlich verlaufenden (Meningo-)Enzephaltitis kommt. Durch ihre weitgehende Beschränkung auf das ZNS werden Bornaviren von Fehlwirten nach heutigem Wissensstand nicht ausgeschieden. Natürliche Übertragungen zwischen Fehlwirten sind nicht bekannt. Lediglich in einem speziellen Fall konnte die Übertragung durch Organtransplantation von einem Organspender auf drei Empfänger nachgewiesen werden.

Einziger bislang bekannter Fehlwirt von VSBV-1 ist der Mensch. Alle bisher nachgewiesenen humanen

VSBV-1-Infektionen betrafen Hörnchenhalter*innen oder Tierpfleger*innen, die engen Kontakt mit infizierten Hörnchenhaltungen hatten.
Für BoDV-1 ist eine Reihe von Fehlwirten bekannt, unter anderem Pferde, kleine Wiederkäuer, Neuweltkameliden und der Mensch. Die Erkrankungsfälle von Fehlwirten treten, mit nur wenigen Ausnahmen, ausschließlich in den oben beschriebenen Endemiegebieten auf.

Statistische Angaben

VSBV-1

Seit der Erstbeschreibung des VSBV-1 im Jahr 2015 wurde der Erreger in insgesamt neun Hörnchenhaltungen in Deutschland sowie jeweils einer Haltung in den Niederlanden und Kroatien nachgewiesen. Dabei handelte es sich um sechs private und fünf zoologische Haltungen.
Am häufigsten wurde das Virus in den aus Mittel- und Südamerika stammenden Bunthörnchen (*Sciurus variegatoides*) und den südostasiatischen Prevost-Hörnchen (*Callosciurus prevostii*) nachgewiesen. Nachweise gelangen zudem in jeweils einem Rotschwanzhörnchen (*Sciurus granatensis*), Finlayson-Hörnchen (*Callosciurus finlaysoni*) und Chinesischem Baumstreifenhörnchen (*Tamiops swinhoei*). Betroffen waren jeweils nur einzelne Tiere, Partnertiere waren teilweise selbst nach langjähriger Vergesellschaftung VSBV-1-negativ. Die Empfänglichkeit weiterer Hörnchenarten kann nicht ausgeschlossen werden. Bei einheimischen Eurasischen Eichhörnchen (*Sciurus vulgaris*) wurde der Erreger nicht nachgewiesen (N = 261, vgl. Tabelle 1).
In zwei der neun positiven Haltungen in Deutschland kam es zur Übertragung auf den Halter bzw. das Tierpflegepersonal mit nachfolgendem tödlichen Krankheitsverlauf. In einer weiteren Haltung konnte eine Serokonversion des Halters festgestellt werden. Zwei weitere Fälle von letal verlaufenen Enzephalitiden wurden retrospektiv bei privaten Haltern von exotischen Hörnchen detektiert, die durch ihre züchterische Aktivität in engem Kontakt mit positiv getesteten Hörnchenhaltungen standen. Bei zwei weiteren bereits in den 2000er Jahren verstorbenen Hörnchenhaltern bestehen aufgrund der Anamnese und des klinischen Bildes der begründete Verdacht einer VSBV-1-Infektion, jedoch war hier der Nachweis aufgrund fehlenden Untersuchungsmaterials nicht mehr möglich.

BoDV-1

Der Nachweis von BoDV-1 in seinem Reservoirwirt, der Feldspitzmaus, gelang bisher sporadisch (N = 31) in Bayern, Sachsen-Anhalt sowie in Österreich und der Schweiz. Dies ist vor allem auch darauf zurückzuführen, dass bisher nur wenige und vor allem keine überregionalen, systematischen Studien durchgeführt wurden. Das Wissen über das Verbreitungsgebiet des Virus basiert daher vor allem auf dem Vorkommen der Borna´schen Krankheit bei BoDV-1-infizierten Fehlwirten, insbesondere dem Pferd. Seit Abschaffung der Meldepflicht der Borna´schen Krankheit im Jahr 2011 fehlen jedoch aktuelle Daten, so dass die Abdeckung und Qualität der vorhandenen Informationen nicht durchgehend gesichert ist. Im Rahmen von am FLI laufenden Projekten werden daher derzeit Spitzmäuse und andere Kleinsäuger auf Infektionen mit BoDV-1 und anderen Bornaviren untersucht. Darüber hinaus werden in der Vergangenheit durch Landeslabore, Veterinäruntersuchungsämter und andere diagnostische Einrichtungen diagnostizierte Fälle der Borna´schen Krankheit zur retrospektiven Untersuchung und Typisierung der beteiligten Viren gesammelt. Auf diese Weise sollen die vorhandenen Daten zur Verbreitung von BoDV-1 erweitert und ggf. bisher unbekannte Risikogebiete identifiziert werden.
Beim Menschen sind bislang seit der ersten Veröffentlichung im Jahr 2018 insgesamt 16 bestätigte BoDV-1-Infektionen beschrieben worden. Bei 15 dieser Patienten wurde eine akute bis subakute, progressive Enzephalitis diagnostiziert, die in 14 Fällen

tödlich endete. Die Fälle stammen aus den Jahren 1996 bis 2018 und die Mehrzahl der Infektionen wurde durch retrospektive Untersuchungen diagnostiziert. Alle Fälle traten in bereits bekannten Endemiegebieten oder in unmittelbarer Nähe zu ihnen auf. Mit Ausnahme einer nachgewiesenen Übertragung durch Organtransplantation von einem Spender auf drei Empfänger, deutet die genetische Analyse der beteiligten Viren darauf hin, dass sich alle Patienten unabhängig voneinander in ihrer jeweiligen Heimatregion infiziert haben. Der genaue Übertragungsweg von der Feldspitzmaus auf den Menschen ist jedoch auch hier noch unbekannt ebenso wie die Antwort auf die Frage, ob für die Infektion ein direkter Kontakt zu infizierten Spitzmäusen oder deren Ausscheidungen notwendig ist.

BoDV-2

BoDV-2 wurde in einem einzigen Fall eines an der Borna´schen Krankheit erkrankten Pferds in der südlichen Steiermark, Österreich, im Jahr 1998 detektiert. Infektionen des Menschen wurden bisher nicht nachgewiesen. Das natürliche Reservoir und das Verbreitungsgebiet dieses Virus sind unbekannt.

Labordiagnostische Untersuchungen

Der labordiagnostische Nachweis von VSBV-1- und BoDV-1-Infektionen erfolgt für die Veterinärmedizin am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) und für die Humanmedizin am Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM) in Hamburg.

Virale Bornavirus-RNA kann mittels quantitativer Reverse Transkription-Polymerase Kettenreaktion (RT-qPCR) nachgewiesen werden, während Virusantigen im infizierten Gewebe mittels Immunhistochemie (IHC) oder Western Blot-Test erfolgen kann. Bei Reservoirwirten (Feldspitzmaus für BoDV-1, Hörnchen für VSBV-1) ist das Virus in der Regel in vielen Organen sowie in Ausscheidungen (z. B. Maultupfer, Kot, Urin) nachweisbar. Am sichersten gelingt der Nachweis jedoch aus dem Gehirn. Bei Fehlwirten (Mensch, Pferd, Schaf, Neuweltkameliden, andere Zoo- und Haustiere) sind die Viren fast ausschließlich im Gehirn, teilweise im Rückenmark sowie in der Netzhaut des Auges nachweisbar. Der Nachweis von Bornavirus-RNA im Liquor ist trotz hoher Virusmengen im Gehirn nur unzuverlässig und zumeist sind nur geringe Mengen viraler RNA detektierbar. Schleimhauttupfer und Blutproben eignen sich nicht für den direkten Bornavirusnachweis bei Fehlwirten. Aufgrund der Schwierigkeit des direkten Nachweises kommt dem Nachweis Bornavirus-reaktiver Antikörper aus Serum-, Plasma- und Liquorproben eine besondere Bedeutung bei der Diagnostik am lebenden Fehlwirt zu. Der Nachweis kann mittels verschiedener Methoden, wie indirektem Immunfluoreszenztest (iIFT), ELISA oder Immunoblot erfolgen, wobei eine sorgfältige Validierung und Kontrolle der Nachweisverfahren notwendig ist, um falsch positive oder falsch negative Ergebnisse zu vermeiden.

Am FLI werden trockene Maultupfer und (möglichst tierindividuelle) Kotproben von Hörnchen sowie Tierkörper oder Organproben von verstorbenen Hörnchen und Spitzmäusen mittels RT-qPCR auf das Vorhandensein von Virusgenom untersucht. Auch serologische Tests auf Antikörper werden durchgeführt, sofern Blutproben gewonnen werden können. Diese Untersuchungen finden im Rahmen von Doktorarbeiten aus wissenschaftlichem Interesse statt und werden zurzeit kostenlos angeboten. Daneben wird der labordiagnostische Nachweis von VSBV-1- und BoDV-1-Infektionen für die Humanmedizin am Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM) in Hamburg durchgeführt.

Maßnahmen

Als grundsätzliche Maßnahme ist die Einführung der Meldepflicht für zoonotische Bornaviren geplant. Die Infektion mit Bornaviren ist bislang weder beim Menschen noch bei Tieren behandelbar. In der überwiegenden Zahl der bisher bekannten humanen

Fälle erkrankten die Patient*innen schwer und verstarben nach wenigen Wochen bis Monaten. Ziel jeglicher Maßnahmen ist daher, den Kontakt zu potenziell infizierten Reservoirwirten zu verhindern und damit das Infektionsrisiko zu verringern.

Hörnchenhalter*innen wird dringend eine Untersuchung ihres gesamten Bestandes auf VSBV-1 empfohlen. Die Untersuchung sollte in regelmäßigen Abständen (halbjährlich bis jährlich) wiederholt werden. Bei positivem Befund empfiehlt sich die Euthanasie der betreffenden Tiere mit anschließender Überstellung der Tierkörper an das FLI für weitere Untersuchungen. Die verbleibenden negativen Tiere sollten in kürzeren Intervallen (etwa alle drei Monate) nachuntersucht werden. Zukäufe neuer Tiere sollten soweit möglich nur aus bekannt VSBV-1-negativen Beständen erfolgen und zudem sollte beim Kauf der aktuelle tierindividuelle VSBV-1-Infektionsstatus erfragt werden. Der Laborbefund sollte dabei nicht älter als 6 Monate sein. Vor Vergesellschaftung mit den eigenen Tieren ist es ratsam, neu eingeführte Hörnchen zunächst separat in Quarantäne zu halten und nach sechs Monaten erneut zu beproben.

Die Haltung von Feldspitzmäusen und anderen Vertretern der Gattung Weißzahnspitzmäuse (*Crocidura*) ist relativ selten. Nichtsdestotrotz werden haltende Zoos und Privatpersonen dringend angehalten, Kotproben ihrer Spitzmäuse zur Untersuchung an das FLI einzusenden. Ein wertvoller Beitrag zur Erforschung der Erregerverbreitung ist das Einsenden von durch Katzen gebrachten oder aus Schädlingsbekämpfungsmaßnahmen stammenden Spitzmauskadavern. Die potenziell infektiösen Tierkörper sollten jedoch nicht mit bloßen Händen berührt und müssen auslaufsicher verpackt werden.

Insbesondere in den bekannten BoDV-1-Endemiegebieten und in angrenzenden Regionen ist eine erhöhte Vorsicht bei Tätigkeiten anzuraten, welche die Kontaktwahrscheinlichkeit mit Kleinsäugerausscheidungen erhöhen kann (z. B. Gartenarbeit, Arbeiten in Schuppen, Scheunen, Ställen und anderen Rückzugsgebieten von Kleinsäugern). In Tierhaltungen, in denen bereits bestätigte Fälle der Borna´schen Krankheit aufgetreten sind oder die in bekannten Risikogebieten liegen, sollten wirksame Schädlingsbekämpfungsmaßnahmen durchgeführt werden, um das Infektionsrisiko für Mensch und Tier zu minimieren.

Personen mit regelmäßigem Kontakt zu Hörnchen oder Spitzmäusen bzw. deren Ausscheidungen können sich von ihrem Hausarzt beraten lassen und sich zu Fragen der Diagnostik beim Menschen mit dem BNITM in Verbindung setzen.

Weiterführende Informationen und Links zu Publikationen können der Website des *Zoonotic Bornavirus Consortiums* (https://zooboco.fli.de/de/zoonotic-bornavirus-consortium/) entnommen werden.

Literatur

- Bourg, M., S. Herzog, J. A. Encarnacao, D. Nobach, H. Lange-Herbst, M. Eickmann and C. Herden (2013). "Bicolored white-toothed shrews as reservoir for borna disease virus, Bavaria, Germany." Emerg Infect Dis **19**(12): 2064-2066.
- Hoffmann, B., D. Tappe, D. Hoper, C. Herden, A. Boldt, C. Mawrin, O. Niederstrasser, T. Muller, M. Jenckel, E. van der Grinten, C. Lutter, B. Abendroth, J. P. Teifke, D. Cadar, J. Schmidt-Chanasit, R. G. Ulrich and M. Beer (2015). "A Variegated Squirrel Bornavirus Associated with Fatal Human Encephalitis." N Engl J Med **373**(2): 154-162.
- Korn, K., R. Coras, T. Bobinger, S. M. Herzog, H. Lücking, R. Stöhr, H. B. Huttner, A. Hartmann and A. Ensser (2018). "Fatal Encephalitis Associated with Borna Disease Virus 1." **379**(14): 1375-1377.
- Liesche, F., V. Ruf, S. Zoubaa, G. Kaletka, M. Rosati, D. Rubbenstroth, C. Herden, L. Goehring, S. Wunderlich, M. F. Wachter, G.

Rieder, I. Lichtmannegger, W. Permanetter, J. G. Heckmann, K. Angstwurm, B. Neumann, B. Märkl, S. Haschka, H.-H. Niller, B. Schmidt, J. Jantsch, C. Brochhausen, K. Schlottau, A. Ebinger, B. Hemmer, M. J. Riemenschneider, J. Herms, M. Beer, K. Matiasek and J. J. A. N. Schlegel (2019). "The neuropathology of fatal encephalomyelitis in human Borna virus infection." **138**(4): 653-665.

- Rubbenstroth, D., K. Schlottau, M. Schwemmle, J. Rissland and M. Beer (2019). "Human bornavirus research: Back on track!" PLOS Pathogens **15**(8): e1007873.
- Schlottau, K., L. Forth, K. Angstwurm, D. Hoper, D. Zecher, F. Liesche, B. Hoffmann, V. Kegel, D. Seehofer, S. Platen, B. Salzberger, U. G. Liebert, H. H. Niller, B. Schmidt, K. Matiasek, M. J. Riemenschneider, C. Brochhausen, B. Banas, L. Renders, P. Moog, S. Wunderlich, C. L. Seifert, A. Barreiros, A. Rahmel, J. Weiss, D. Tappe, C. Herden, J. Schmidt-Chanasit, M. Schwemmle, D. Rubbenstroth, J. Schlegel, C. Pietsch, D. Hoffmann, J. Jantsch and M. Beer (2018). "Fatal Encephalitic Borna Disease Virus 1 in Solid-Organ Transplant Recipients." N Engl J Med **379**(14): 1377-1379.
- Schlottau, K., B. Hoffmann, T. Homeier-Bachmann, C. Fast, R. G. Ulrich, M. Beer and D. Hoffmann (2017). "Multiple detection of zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 RNA in different squirrel species suggests a possible unknown origin for the virus." Arch Virol.
- Tappe, D., K. Schlottau, D. Cadar, B. Hoffmann, L. Balke, B. Bewig, D. Hoffmann, P. Eisermann, H. Fickenscher, A. Krumbholz, H. Laufs, M. Huhndorf, M. Rosenthal, W. Schulz-Schaeffer, G. Ismer, S. K. Hotop, M. Bronstrup, A. Ott, J. Schmidt-Chanasit and M. Beer (2018). "Occupation-Associated Fatal Limbic Encephalitis Caused by Variegated Squirrel Bornavirus 1, Germany, 2013." Emerg Infect Dis **24**(6): 978-987.
- Tappe, D., C. Frank, T. Homeier-Bachmann, H. Wilking, V. Allendorf, K. Schlottau, C. Munoz-Fontela, M. Rottstegge, J. R. Port, J. Rissland, P. Eisermann, M. Beer and J. Schmidt-Chanasit (2019). "Analysis of exotic squirrel trade and detection of human infections with variegated squirrel bornavirus 1, Germany, 2005 to 2018." Euro Surveill **24**(8).

Tabelle 1: Übersicht über untersuchte Hörnchenarten und VSBV-1-Nachweise (Schlottau *et al*. 2017)

Unter-familie	Artbezeichnung (deutsch)	Artbezeichnung (lateinisch)	beprobt	positiv
Ratufine	Sri-Lanka Riesenhörnchen	*Ratufa macroura*	2	0
Sciurinae	Bunthörnchen	*Sciurus variegatoides*	231	7
	Rotschwanzhörnchen	*Sciurus granatensis*	24	1
	Amerikanisches Fuchshörnchen	*Sciurus niger*	2	0
	Eurasisches Eichhörnchen	*Sciurus vulgaris*	261	0
	Kanadisches Rothörnchen	*Tamiasciurus hudsonicus*	2	0
	Neuweltliches Zwerghörnchen	*Microsciurus* sp.	2	0
Callosciurinae	Prevost-Hörnchen	*Callosciurus prevostii*	132	18
	Finlayson-Hörnchen	*Callosciurus finlaysonii*	6	1
	Rotbauchhörnchen	*Callosciurus erythraeus*	15	0
	Chines. Baumstreifenhörnchen	*Tamiops swinhoei*	80	1
Xerinae	Kap-Borstenhörnchen	*Xerus inauris*	1	0
	Amerik. Streifen-Backenhörnchen	*Tamias striatus*	6	0
	Sibirisches Streifenhörnchen	*Tamias sibiricus*	1	0
	Pater-David-Felsenhörnchen	*Sciurotamias davidianus*	14	0
Gesamt			**779**	**28**

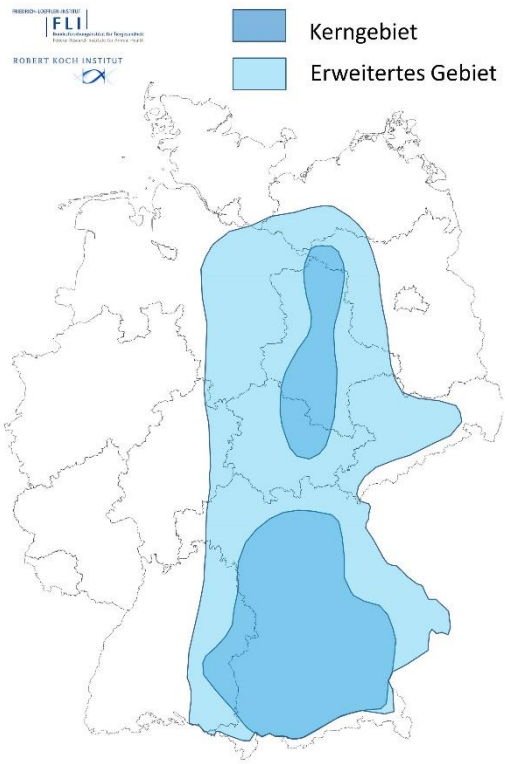


Abb. 1: Skizze der BoDV-1-Endemiegebiete in Deutschland
(Quelle: Merkblatt des RKI zu BoDV-1)

Kapitel 6 Antimikrobielle Resistenz (AMR)

Hoffmann, B., BMEL, Referat 323; Sanwidi, A., BMEL, Referat 326,
Homeier-Bachmann, T., Berens, C., Tomaso, H., FLI

Deutsche Antibiotika-Resistenzstrategie

Das Bundesministerium für Gesundheit hat 2015 gemeinsam mit den Bundesministerien für Ernährung und Landwirtschaft sowie für Bildung und Forschung die Deutsche Antibiotika-Resistenzstrategie „DART 2020“ erarbeitet. Sie wurde im Mai 2015 vom Bundeskabinett verabschiedet. Die DART 2020 bündelt Maßnahmen, die zur Reduzierung von Antibiotikaresistenzen erforderlich sind. Dabei steht die sektorübergreifende Zusammenarbeit (One-Health-Ansatz) im Vordergrund. Um diesem One-Health-Ansatz gerecht zu werden, adressieren alle Ziele der DART 2020 Human- und Veterinärmedizin gleichermaßen. Eines der Ziele der DART 2020 ist es, den One-Health-Ansatz zu stärken: Die Gesundheit von Mensch und Tier muss ganzheitlich betrachtet werden. Die Eindämmung der Entstehung und Ausbreitung von Antibiotikaresistenzen kann nur sektorübergreifend erfolgen. Dies macht eine enge Kooperation aller Beteiligten sowie zwischen den zuständigen Bundesministerien und ihren Bundesoberbehörden erforderlich. Wegen des globalisierten Handels mit Tieren und Pflanzen sowie der verstärkten Reisetätigkeiten ist darüber hinaus eine enge Abstimmung mit den internationalen Partnern nicht nur in der EU, sondern weltweit notwendig. Die Umsetzung des globalen Aktionsplans der WHO, der den One-Health-Ansatz betont, ist dafür Voraussetzung.

AMR-Strategie des FLI

Der Schwerpunkt der Forschungsaktivitäten des Friedrich-Loeffler-Instituts im Bereich „Antimikrobielle Resistenzen“ (AMR) lag bis 2016 insbesondere auf Grundlagenuntersuchungen zu Vorkommen und Verbreitung von AMR in Tierhaltungen. Die Entwicklung von molekularen Methoden für Diagnostik und Epidemiologie von AMR sowie Untersuchungen zu molekularen Mechanismen der AMR von Bakterien standen dabei im Vordergrund.

Der weltweit weiterhin steigende Verbrauch von Antibiotika – auch von Reserveantibiotika –, das Auftreten und die zunehmende globale Verbreitung von neuen oder resistenten Krankheitserregern, der steigende Anteil multi-, umfassend- oder panresistenter Erreger sowie der kontinuierliche Austausch resistenter Bakterien zwischen Tier, Mensch und Umwelt unterstreichen das Ausmaß der gesundheitlichen Bedrohung, die von antimikrobiellen Resistenzen ausgeht. Aufgrund dessen wurden die Arbeiten des FLI auf dem Gebiet der Antibiotika-Resistenzforschung intensiviert.

Am Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen (IBIZ) werden bakterielle Tierseuchen- und Zoonose-Erreger untersucht. Diagnostik und Charakterisierung der Isolate sowie Bekämpfungsstrategien der Erkrankungen stehen im Fokus der Untersuchungen. Im Rahmen dieser Untersuchungen werden Bakterien humanen und tierischen Ursprungs sowie Bakterien aus der Umwelt hinsichtlich des Auftretens von Resistenzen in die Untersuchungen eingebunden. Ziel ist es, nicht nur die Ausbreitungstendenzen von bekannten und neuen Tierseuchenerregern, sondern auch ihrer Antibiotikaresistenzen frühzeitig zu erkennen und die Einleitung von Gegenmaßnahmen zu ermöglichen. Hierzu werden NGS-gestützte Verfahren entwickelt, die eine umfassendere Diagnose als herkömmliche phänotypische Methoden und somit eine schnellere und gezieltere Therapie ermöglichen sollen. Die Aufklärung der genetischen Resistenzmechanismen und die genetische Analyse von Ausbruchsgeschehen sind die wissenschaftliche Grundlage des „prudent use“ von Therapeutika und der „antibiotic-stewardship“. Im Bereich der Um-

weltmedizin soll in verschiedenen Biotopen untersucht werden, welche Rolle apathogene Bakterien als Reservoir für antimikrobielle Resistenzen bei pathogenen Keimen spielen.

Am Institut für molekulare Pathogenese (IMP) wird der pathogen-zentrierte präventive Forschungsansatz um Forschungsansätze zu antimikrobiellen Wirkstoffen und gegen sie gerichtete Resistenzen ergänzt werden. Basierend auf der Charakterisierung der Interaktion zwischen bakteriellen Erregern von Tierseuchen und Zoonosen sowie ihren Wirten auf molekularer Ebene werden Verfahren zur Prophylaxe und Bekämpfung von Infektionen bei landwirtschaftlichen Nutztieren entwickelt. Bakterielle Virulenz-, Persistenz- und Stoffwechselmechanismen, die für die Interaktion mit dem Wirt im Sinne einer Schädigung oder Anpassung entscheidend sind, stehen im Zentrum der aktuellen Forschungsagenda.

In der landwirtschaftlichen Tierproduktion führen endemische Infektionen („Produktionskrankheiten“), insbesondere Jungtierverluste durch respiratorische und gastrointestinale Infektionen, zu hohen betriebs- und volkswirtschaftlichen Schäden. Die Pathogenese dieser infektiösen Faktorenkrankheiten wird häufig durch fakultativ pathogene Erreger bestimmt oder beeinflusst. Die gegen diese gerichteten Behandlungen sind ein wichtiger Treiber für einen hohen und, zumindest international, ungeleiteten Einsatz von Antibiotika in der Tierproduktion.

Am Institut für Epidemiologie (IfE) werden Untersuchungen zur Epidemiologie von antibiotikaresistenten Erregern, insbesondere multiresistenten gramnegativen Bakterien (MDR-GN), in der Tierhaltung in unterschiedlichen Produktionstypen (konventionell/biologisch) und Produktionsebenen (z. B. Ferkelzucht/Mastbetrieb) durchgeführt. Basierend auf diesen Untersuchungen sollen Interventionskonzepte zur ebenenübergreifenden Minderung der AMR-Belastung entwickelt werden. Weiterhin werden Wildtiere (Schwarzwild und Wildenten) auf eine Besiedelung mit multiresistenten gramnegativen Bakterien untersucht und die Isolate phylogenetisch charakterisiert. Diese Untersuchungen können auch dazu dienen, den Eintrag von AMR-Resistenzen in die Umwelt abzuschätzen.

Trotz der angestrebten Verbesserung gezielter Präventionsmaßnahmen wird die Zunahme von Infektionen mit Erregern, die über antimikrobielle Resistenzen verfügen, weiterhin ein medizinisch hochrelevantes Problem bleiben. Insbesondere die Verbreitung multiresistenter gramnegativer Bakterien (Pathogene und Kommensale) beeinträchtigt die Behandlung bakterieller Infektionen in Human- und Veterinärmedizin. Dieses gehäufte Vorkommen hat nicht nur Auswirkungen auf die Tiere (Nutz- und Wildtiere) und die menschliche Gesundheit (Eintrag in Lebensmittel, Public Health; Mensch als Reservoir), sondern auch auf die Umwelt (Ökosystem-Gesundheit, Eintrag und Reservoir).

Die überwiegende Mehrheit der Studien zum Vorkommen von MDR-GN-Bakterien im Nutztierbereich fokussiert auf einzelne, isolierte Punkte innerhalb der Lebensmittelkette. Insbesondere der Tierhaltungsbereich und Schlachthöfe sind häufig untersucht worden. Arbeiten, die auf Übertragungswege oder –mechanismen innerhalb der Tierhaltung und von der Tierhaltung zu den Lebensmitteln fokussieren und somit bereichsübergreifend einen Prozess abbilden, gibt es allerdings wenig. Die Kenntnis von Übertragungswegen und -mechanismen sowie Übertragungsfrequenzen innerhalb der Nutztierpopulation ist jedoch die Basis für die Entwicklung von wirksamen Interventionsmaßnahmen und insofern integraler Bestandteil eines ganzheitlichen Ansatzes zur Reduktion von MDR-GN in allen drei Bereichen (Humanmedizin, Veterinärmedizin, Umwelt) im Sinne des „One Health“-Konzeptes.

Grundsätzlich muss damit gerechnet werden, dass antimikrobiell wirksame Substanzen und ihre Metaboliten sowie Keime mit AMR-Resistenzgenen im Bereich der Tierproduktion auf einer Vielzahl von Wegen (Tiere, tierische Nebenprodukte, Mist, Gülle,

Abwasser, Luft, etc.) in die Umwelt gelangen und dort zur Verbreitung sowie zur Entwicklung neuer antimikrobieller Resistenzen beitragen.

Die Nutztierhaltung ist über den Austrag tierischer Ausscheidungen und die Abluft von Tierhaltungsanlagen eng mit dem Umweltbereich verbunden. Andererseits besteht über Futtermittel, etc. eine signifikante Eintragsmöglichkeit aus der Umwelt in die Tierhaltung. Im Umweltbereich könnte Schädlingen (Insekten, Nager) sowie Wildtieren eine besondere Bedeutung als belebtes Reservoir zukommen. Das Zwischenspiel zwischen dem Tierhaltungsbereich und der Umwelt ist bisher nur unzureichend untersucht. Insbesondere die Wege und die Häufigkeit der Übertragung von resistenten Erregern aus der Tierhaltung in die Umwelt und umgekehrt müssen geklärt und erfasst werden. Weiterhin liegen wenige Erkenntnisse zur Persistenz dieser Erreger in der unbelebten Umwelt vor.

Forschungsziele des FLI

Für das FLI leiten sich daraus folgende zentrale Forschungsbereiche ab:

I. Entwicklung geeigneter Nachweisverfahren für Diagnostik und Überwachung in biotischen und abiotischen Proben
II. Analyse der genetischen Elemente, die zur Persistenz antibiotikaresistenter Bakterien im Nutz- und Wildtier sowie in der Umwelt führen
III. Transmission und Verbreitung (multi)resistenter Bakterien
IV. Antibiotika und therapeutische Alternativen
V. Abhängigkeit der AMR von Ernährung, Antibiose und Wirtsstatus
VI. Freisetzung von AMR, Antibiotika oder ihrer Metaboliten und deren Auswirkungen auf die Entstehung neuer AMR sowie die Verbreitung dieser und bereits bestehender AMR

Anlagen

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

(Stand: November 2019)

Nationale Referenzlaboratorien für anzeigepflichtige Tierseuchen:

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

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

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

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

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

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

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

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Tollwut	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.de
Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiterin:** Dr. C. Fast E-Mail: christine.fast@fli.de
Trichomonadenseuche der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Prof. Dr. H. Neubauer E-Mail: heinrich.neubauer@fli.de
Tuberkulose der Rinder (*Mykobakterium bovis, M. caprae*)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. S. Barth E-Mail: stefanie.barth@fli.de
Vesikuläre Schweinekrankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. M. Eschbaumer E-Mail: michael.eschbaumer@fli.de
Vibrionenseuche der Rinder (bovine genitale Campylobacteriose)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Dr. H. Hotzel E-Mail: helmut.hotzel@fli.de

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

Nationale Referenzlaboratorien für meldepflichtige Tierkrankheiten:

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

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

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Paratuberkulose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. H. Köhler E-Mail: heike.koehler@fli.de
Q-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiterin:** Dr. K. Mertens-Scholz E-Mail: katja.mertens-scholz@fli.de
Schmallenberg Virus Infektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems **Leiterin:** Dr. K. Wernike E-Mail: kerstin.wernike@fli.de
Toxoplasmose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems **Leiter:** Dr. G. Schares E-Mail: gereon.schares@fli.de
Tularämie	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** PD Dr. H. Tomaso E-Mail: herbert.tomaso@fli.de
Verotoxin-bildende Escherichia coli	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena **Leiter:** Prof. Dr. C. Menge E-Mail: christian.menge@fli.de

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

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Bunyavirale Erkrankungen (inklusive Hanta-Virus Infektion)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiter:** PD Dr. R. Ulrich E-Mail: rainer.ulrich@fli.de
Caprine Arthritis und Enzephalitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald – Insel Riems **Leiterin:** Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de
Japanische Enzephalitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.de
Krebstierkrankheiten (Crustaceen): Baculovirose, Infektiöse hypodermale und hämatopoetische Nekrose, Krebspest, Spawner-isolated mortality virus disease, Infektion mit Ranavirus	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.de
Krim-Kongo-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems **Leiter:** Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.de

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

Anlage 2: Abkürzungsverzeichnis

ABE	Ansteckende Blutarmut der Einhufer
ABEV	Virus der Ansteck. Blutarmut der Einhufer
ABl.	Amtsblatt
AD/ADV	Aujeszky's disease (virus)
ADNS	Animal Disease Notification System
AFB	Amerikanische Faulbrut
AGID (AGIDT)	Agargel-Immunodiffusionstest
AgrStatG	Agrarstatistikgesetz
AGTT	Arbeitsgruppe Tierseuchen, Tiergesundheit
AI-DB	Wildvogelmonitoring-Datenbank
AIV	Aviäres Influenza Virus
AK	Aujeszkysche Krankheit
AKV	Virus der Aujeszkyschen Krankheit
ASE	Agrarstrukturerhebung
ATLAS	**A**utonomes-**T**ierseuchen-**La**b-on-a-Chip-**S**ystem
BAnz.	Bundesanzeiger
BBLV	Bokeloh Bat Lyssavirus
BGBl.	Bundesgesetzblatt
bgC	Bovine genitale Campylobakteriose
BHV-1	Bovines Herpesvirus Typ 1
BKV	Berufskrankheiten-Verordnung
BLV	Bovines Leukosevirus
BMBF	Bundesministerium für Bildung und Forschung
BMEL	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
BMG	Bundesministerium für Gesundheit
BmTierSSchV	Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung
BMVg	Bundesministerium der Verteidigung
BNI	Bernhard-Nocht-Institut
bp	Basenpaar
BSE	Bovine Spongiforme Encephalopathie
BTV	Bluetongue-Virus
BVL	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit
CEM	Ansteckende Metritis des Pferdes
CFT	Complement fixation test
cp	cytopathogen
CVO	Chief Veterinary Officer

CVUA	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt
DIB	Deutscher Imkerbund
DNA	Desoxyribonucleic acid
DOBV	Dobrava-Belgrad-Virus
DR	Direct Repeat
EAV	Equines Arteritisvirus
EBL	Enzootic Bovine Leukosis
EBLV	European Bat Lyssavirus
EHN	Epizootische Hämatopoetische Nekrose
EIA	Equine Infektiöse Anämie
EIAV	Virus der Equinen Infektiösen Anämie
ELISA	Enzyme-Linked-Immunosorbent-Assay
eRL	Enzootische Rinderleukose
EU	Europäische Union
EUROSTAT	Statistisches Amt der Europäischen Union
EUS	Epizootisches Ulzeratives Syndrom
FAO	Food and Agriculture Organization
FLI	Friedrich-Loeffler-Institut
gB	Glykoprotein B
gE	Glykoprotein E
HGA	Humane Granulozytäre Anaplasmose
HI-Tier	Herkunfts- und Identifikationssystem Tier
HPAI	Hochpathogene aviäre Influenza
HPAIV	Hochpathogenes aviäres Influenzavirus
IBT	Immunoblottingtest
IBR	Infektiöse Bovine Rhinotracheitis
IDT	Immunodiffusionstest
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IFT	Immunfluoreszenztest
IgG	Immunglobulin G
IgM	Immunglobulin M
IHN	Infektiöse Hämatopoetische Nekrose
IHNV	Virus der Infekt. Hämatopoetischen Nekrose
iIFT	indirekter Immunfluoreszenztest
ILT	Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels
INDELs	Insertions- und Deletionspolymorphismen
IPNV	Virus der Infektiösen Pankreasnekrose
IS	Insertionssequenz

ISA	Ansteckende Blutarmut der Lachse
ISH	*In situ*-Hybridisierung
KABS	Kommunale Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Schnakenplage e.V.)
KBR	Komplement-Bindungsreaktion
KHV	Koi-Herpesvirus
KHVD	koi herpesvirus disease
KHV-I	Koi-Herpesvirus-Infektion
LPAIV	low-pathogenic avian influenza virus
LAV	Länderarbeitsgruppe Verbraucherschutz
LZ	Landwirtschaftszählung
mAk	monoklonale Antikörper
MALDI-TOF-MS	Matrix-Assisted-Laser-Desorption/Ionization-Time-Of-Flight-Mass-Spectrometry
MAP	*Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis*
MIRU	Mycobacterial interspersed repetitive unit
MLSSR	multi-locus short sequence repeat
MLST	Multi Locus Sequence Typing
MTC	*M. tuberculosis*-Komplex
ncp	nicht-cytopathogen
NPAI	Niedrigpathogene aviäre Influenza
NPAIV	Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus
NRL	Nationales Referenzlabor
NT	Neutralisationstest
OIE	Office International des Epizooties
OTF-status	Officially tuberculosis free status
PCR	Polymerase Chain Reaction
PrV	pseudorabies virus
PUUV	Puumalavirus
qRT-PCR	realtime quantitative PCR
rDNA	rekombinante DNA
RFLP	Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus
RKI	Robert-Koch-Institut
RNA	Ribonucleic acid
RT-PCR	Reverse Transkriptase-PCR
SBV	Schmallenberg-Virus
SDV	Virus der Sleeping Disease
SFG	Spotted Fever Group Rickettsiosen
SNP	Single Nucleotide Polymorphisms
SNT	Serumneutralisationstest

SRM	Spezifiziertes Risikomaterial
SVC	Frühjahrsvirämie der Karpfen
TierSG	Tierseuchengesetz
TMF e.V.	Technologie- und Methodenplattform für die vernetzte medizinische Forschung e.V.
TSE	Transmissible Spongiforme Enzephalopathie
TSN	TierSeuchenNachrichten
TULV	Tulavirus
TW-VO	Tollwut-Verordnung
USUV	Usutu-Virus
VHS	Virale Haemorrhag. Septikämie d. Salmoniden
VHSV	Virus der Viralen Haemorrhagischen Septikämie
VNTR	variable number of tandem repeat
VO	Verordnung
WNV	West-Nil-Virus
ZALF	Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Hauptsitz Insel Riems
Südufer 10
D-17493 Greifswald – Insel Riems
Telefon +49 (0) 38351 7-0
Telefax +49 (0) 38351 7-1219

Pressestelle
Telefon +49 (0) 38351 7-1244
Telefax +49 (0) 38351 7-1226
E-Mail: presse@fli.de

Fotoquelle: Bienen, Wildschwein, Pferd © FLI
Amsel © pixabay