

### 23. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämato-poetische 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 Hämato-poetische 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 Epizootologie, 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).

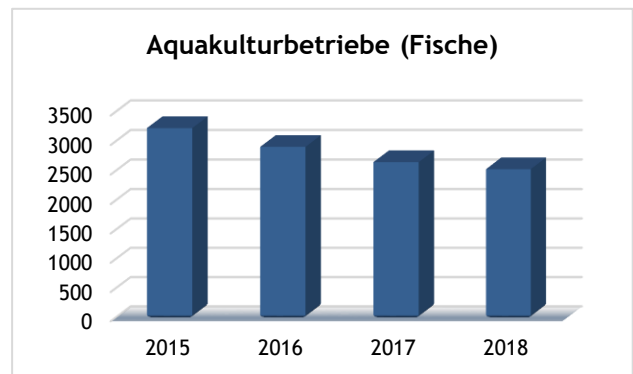


Abb. 1: Aquakulturbetriebe mit Fischerzeugung von 2015 bis 2018

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<sup>3</sup> 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).

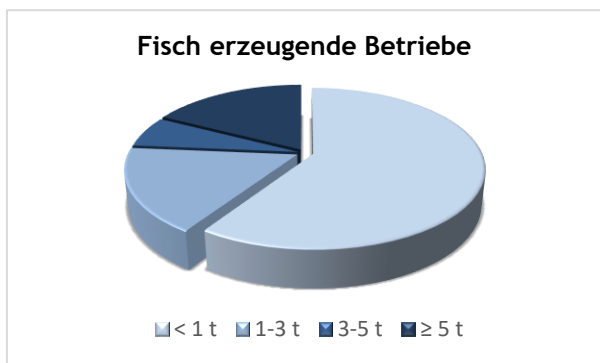


Abb. 2: Aquakulturbetriebe entsprechend der erzeugenden Menge Fisch

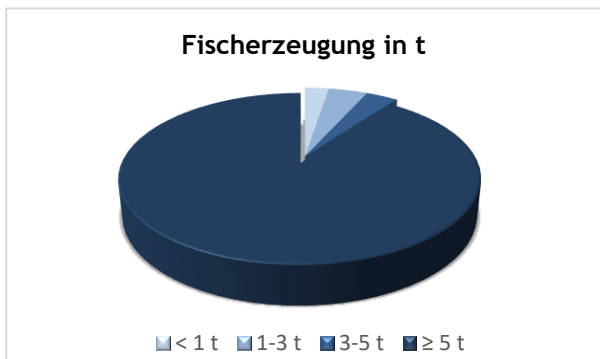


Abb. 3: Erzeugte Menge Fisch in Abhängigkeit der Produktionsgröße der entsprechenden Betriebe

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).

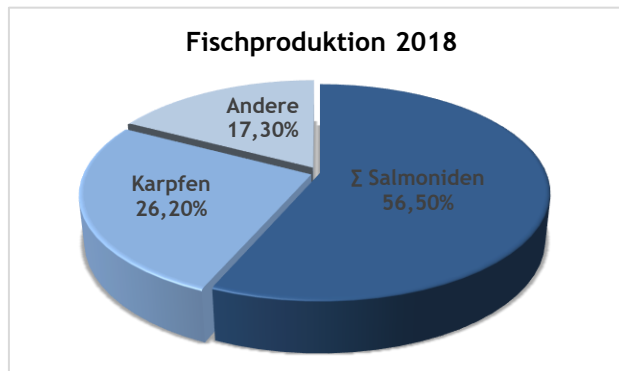


Abb. 4: Fischproduktion in Deutschland im Jahr 2018 (1)

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), Bachsaiblings -7,2 % (-29 t) und Lachsforellen um -4,6 % (-57 t) verzeichnet (Abb. 5).

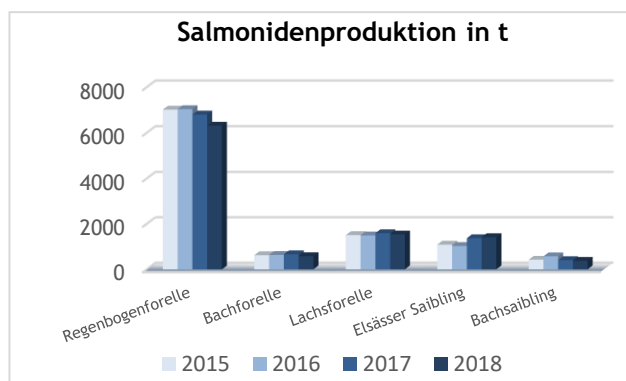


Abb.5: Erzeugung von Salmoniden in t von 2015 bis 2018 in Deutschland ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (1)

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 %.

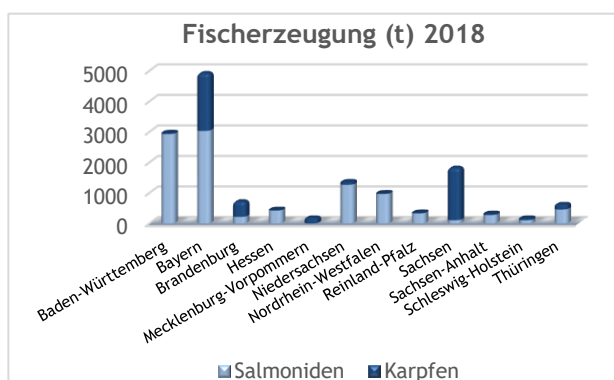


Abb. 6: Erzeugte Menge (in t) von Salmoniden Jahr 2018 in den Bundesländern ohne Brut- und Aufzuchtanlagen (1)

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.

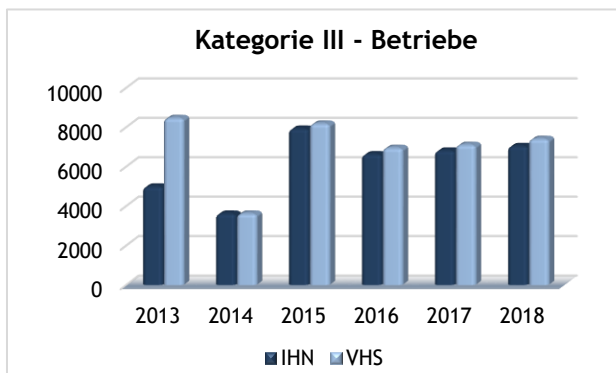


Abb. 7: Anzahl der IHN- und VHS-Kategorie-III-Betriebe in Deutschland von 2015 bis 2018

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).

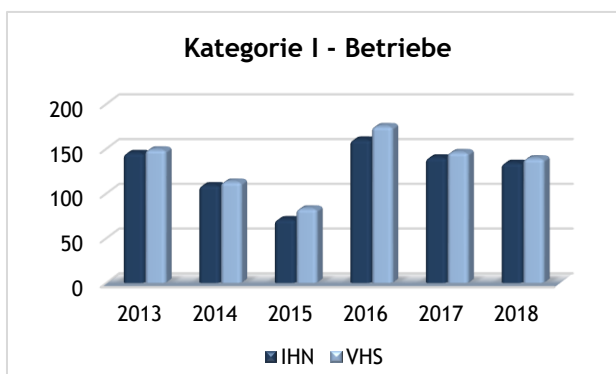


Abb. 8: Anzahl der IHN- und VHS-Kategorie-III-Betriebe in Deutschland von 2015 bis 2018

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.

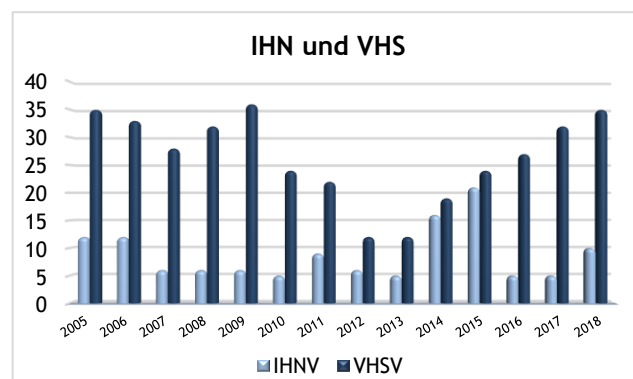


Abb. 9: Anzahl der IHN- und VHS-Meldungen in Deutschland von 2005 bis 2018 (2)

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.

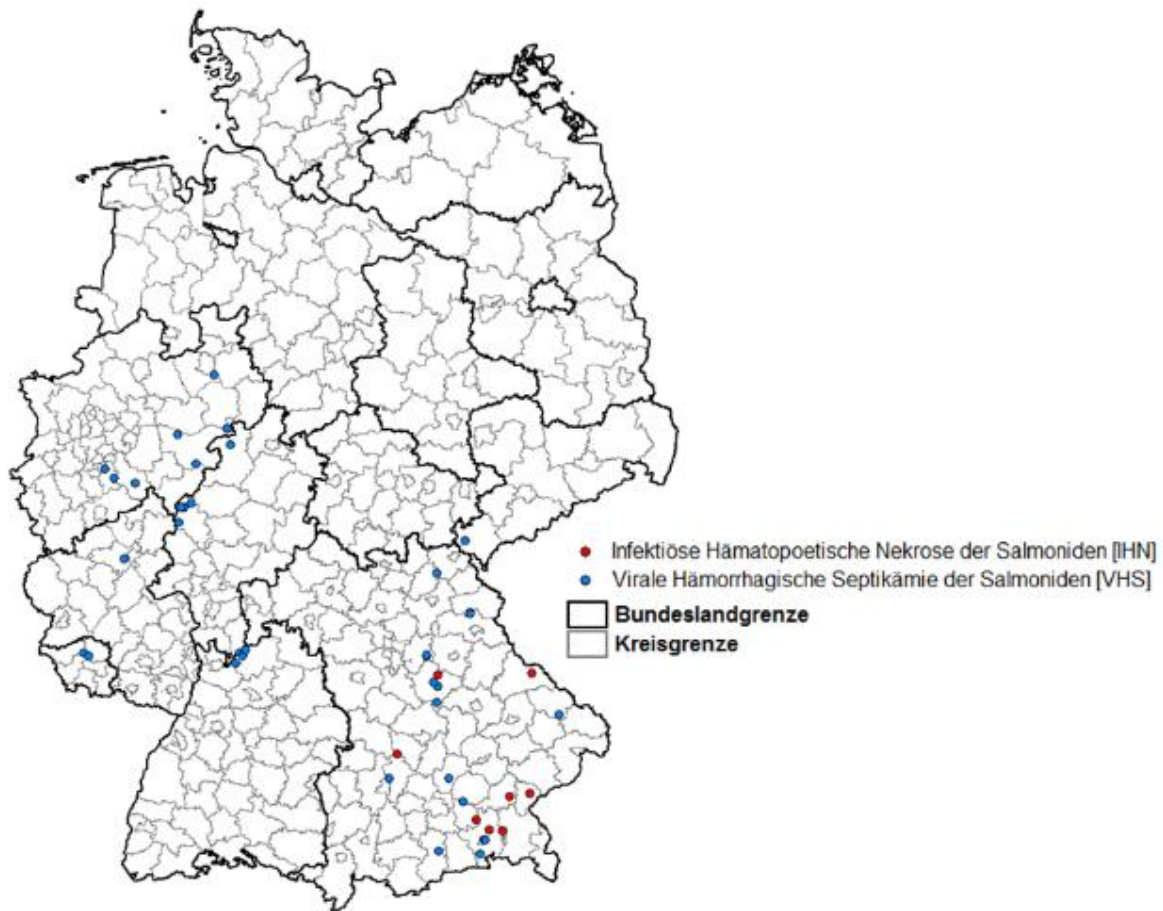


Abb. 10: Im Jahr 2018 gemeldete IHN- und VHS-Ausbrüche (TSN: Stand:24.10.2019)

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-Verdachtess 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.

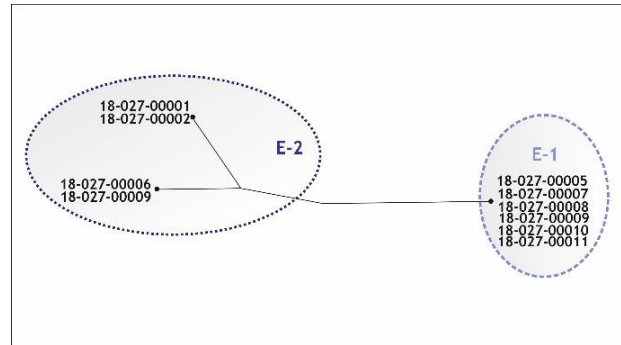


Abb. 11: Vereinfachte Darstellung der genetischen Verwandtschaft von IHN-Erregern der TSN-Geschehen 2018.

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.

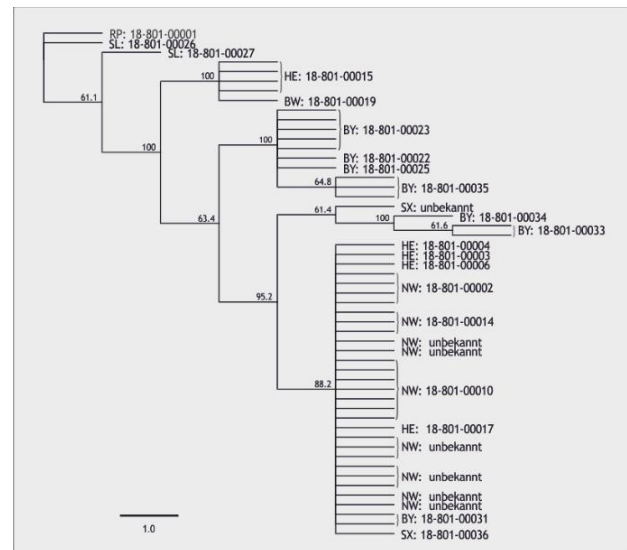


Abb. 12: Genetische Verwandtschaft aller charakterisierten VHS-Erreger des Jahres 2018 entsprechend des TSN-SO unter Angabe des jeweiligen Bundeslandes (BY: Bayern, BW: Baden-Württemberg, HE: Hessen, NW: Nordrhein-Westfalen, RP: Rheinland-Pfalz, SL: Saarland, SX: Sachsen)

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)