

10. RIEMSER DIAGNOSTIKTAGE

vier Milchproben im Abstand von rund drei Monaten untersucht. Hierfür werden zum einen wiederum die beiden Sammelmilchproben für die BHV-1 Überwachung zusätzlich auch auf BVD untersucht. Zum anderen werden alternierend dazu Tankmilchproben (Keimzahlproben) vom Milchprüfing für die jeweiligen Betriebe abgerufen und untersucht (Tab. 1). Für Betriebe mit über 50 zu Melkenden werden die einzelnen Sammelmilchproben gepoolt und als „simulierte Tankmilchproben“ zusätzlich untersucht. Dies ermöglicht den direkten Vergleich von kleineren und größeren Milchpools zum gleichen Zeitpunkt mit exakt gleicher Zusammensetzung.

Der Einsatz von Milchproben als non-invasives diagnostisches Probenmaterial bietet insbesondere über die

Nutzung von Synergien in der Überwachung anderer Tierseuchen (BHV-1, Brucellose, EBL) ein großes Potential für die Gewährleistung gesunder Milchviehbestände. Durch unsere Untersuchungen wollen wir zeigen, dass trotz der durch diverse Faktoren wie Anzahl trockenstehender Kühe, individuelle Milchleistung oder Ausfall aufgrund medizinischer Behandlung verursachten Variabilität von Sammel- und Tankmilchproben eine sichere serologische Überwachung von Milchviehbeständen mit dieser Methode erfolgversprechend ist. Sollten sich die in den Voruntersuchungen ermittelten Ergebnisse bezüglich der Nutzbarkeit größerer Milchpools bestätigen, wird insbesondere in Regionen mit kleineren bis mittleren Betriebsstrukturen der Einsatz von Tankmilchproben logistische und finanzielle Vorteile ermöglichen.

	über 200 Kühe	151–200 Kühe	101–150 Kühe	51 – 100 Kühe	bis 50 Kühe
RB Stuttgart	29	39	148	119	125
RB Karlsruhe	8	10	31	40	18
RB Freiburg	12	21	65	68	143
RB Tübingen	30	53	156	173	114
Gesamt (Anteil)	79 (100 %)	123 (100 %)	400 (91,7 %)	400 (31,1 %)	400 (16,2 %)

Tab.1: Aufteilung der Stichprobe (geographisch, Betriebsgröße); prozentualer Anteil an den für die Untersuchung verfügbaren Betrieben der jeweiligen Betriebsgröße in BW

25 Jahre hochpathogene aviäre Influenza der goose/Guangdong Linie – Rückblick und Auswirkungen auf Deutschland

Timm Harder, Anne Pohlmann, Christian Grund, Jacqueline King, Annika Graaf, Martin Beer

FLI, Institut für Virusdiagnostik, WOA, FAO und Nationales Referenzlabor für Aviäre Influenza (AI)/Geflügelpest & Labor für Datenkurierung

Ganzjährige Nachweise von hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV) in europäischen Wildvogelpopulationen führten in diesem Jahr erstmalig zu schweren, zum Teil bestandsgefährdenden Verlusten bei koloniebrütenden Seevögeln während der Sommermonate. Dies bedeutet eine weitere Verschlechterung der epidemiologischen HPAI Situation. Das aktuelle HPAIV vom Subtyp H5N1 war medial vor allem durch Massensterben sichtbar geworden, aber Einzelfunde in diversen Wildvogelspezies belegen den ganzjährigen HPAI-Infektionsdruck in der Wildvogelpopulation vor allem im nördlichen und zentralen Europa. Aufgrund dieses hohen Infektionsdrucks waren Geflügelhaltungen über den Sommer vor allem in Nordsee-Anrainerstaaten von Ausbrüchen betroffen, die in einigen Ländern an die Kapazitätsgrenzen einer tierschutzgerechten Räumung und ordnungsgemäßen Entsorgung infizierter Bestände führten. HPAI bei Wildvögeln und Geflügel in Europa ist keineswegs ein neues Phänomen: Seit 2006 wurden Fälle und Ausbrüche allerdings überwiegend mit einer saisonalen Ausprägung in den Herbst- und

Wintermonaten nachgewiesen (Abb.). Die Saisonalität war geprägt durch wiederholte Einschleppungen des Virus mit migrierenden Wildvögeln, die auf dem Herbstzug aus östlich gelegenen Regionen Eurasiens einflogen. Mit dem Frühjahrzug dieser Vögel in entgegengesetzte Richtung bzw. mit dem Beginn der Brutsaison verschwanden die Viren wieder aus Europa, deren Ursprung tatsächlich im südöstlichen Asien liegt. Dort trat 1996/97 erstmals ein HPAI H5N1 Virus in einer Gänsehaltung in der chinesischen Provinz Guangdong auf. Heute sehen wir die Nachkommen dieses Virus, die als goose/Guangdong (gs/GD) Linie bekannt wurden, in mittlerweile fast vollständiger globaler Zirkulation. Lediglich Mittel- und Südamerika sowie Australien und der antarktische Kontinent sind bisher verschont geblieben. Übertragungen dieses Virus aus seinen primären Quellen in südostasiatischen Wassergeflügelhaltungen auf migrierende Wildvogelpopulationen mobilisierte HPAIV H5N1 in erheblichem Maße und eröffnete Übertragungs- und Verbreitungsoptionen über weite geografische Räume hinweg. Sekundäre Übertragungen zwischen Geflügelhaltungen, vielschichtige Handelsbeziehungen sowie systeminhärente Schwierigkeiten in der Tierseuchenbekämpfung sicherten den Viren einen bis heute aufrechterhaltenen endemischen Status in Geflügel in einigen südostasiatischen Ländern und erlaubten frequente neuerliche Virusausstragungen in Wildvogelpopulationen seit 2003.

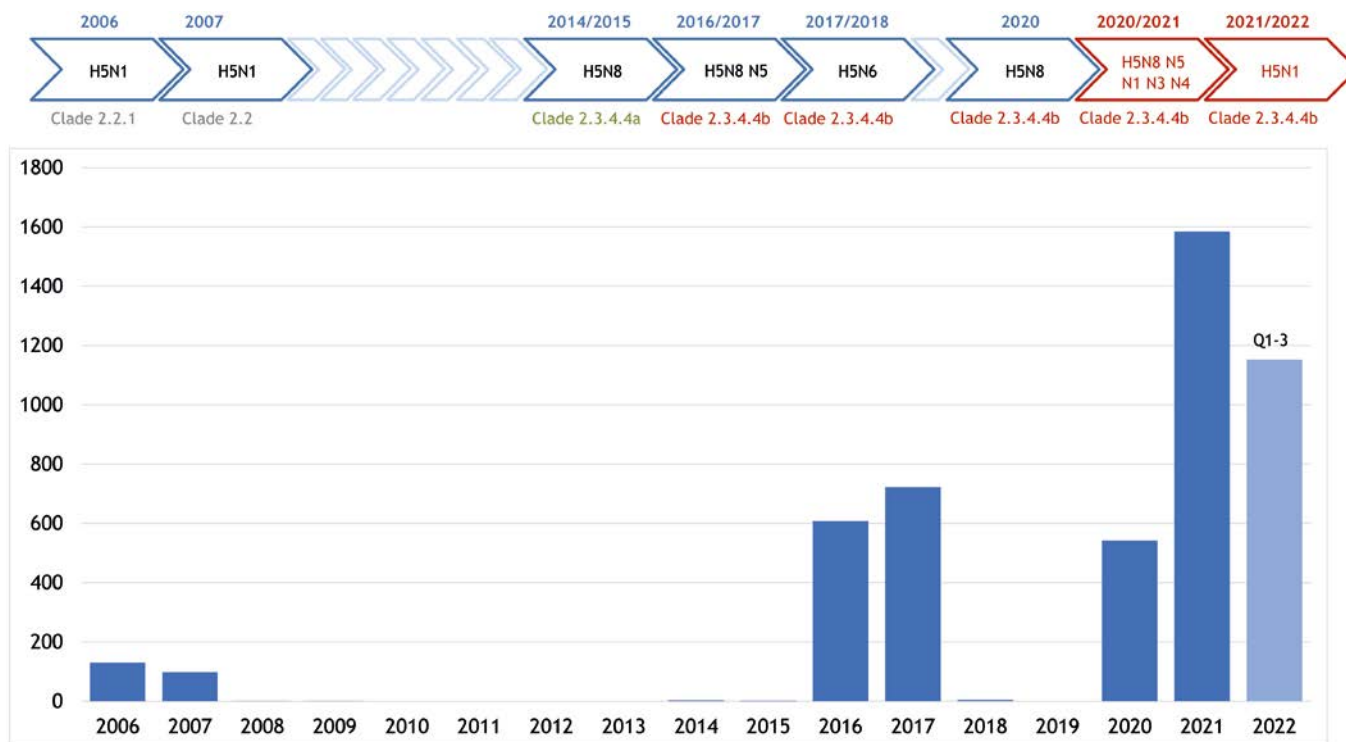


Abb.: Ausmaß, Subtypen und phylogenetische Einordnungen hochpathogener aviärer Influenzaviren der gs/GD Linie in Wildvögeln und Geflügel in Deutschland seit 2006.

Die genetische Flexibilität von Influenzaviren ermöglicht u.a. den Austausch von genetischem Material zwischen verschiedenen Influenzaviren, wenn sie dieselbe Zelle infizieren. Da Wildvögel das Reservoir niedrig pathogener aviärer Influenzaviren (LPAIV) darstellen, ergaben sich mit den HPAIV H5N1 Austrägen aus den Geflügelhaltungen in Asien vielfältige Entwicklungsmöglichkeiten für die Viren. Aber auch niedrig pathogene AIV, die im Geflügel in Asien bereits endemisch waren – insbesondere der Subtyp H9N2 – trugen in entscheidendem Maße zur Evolution von HPAIV der gs/GD Linie bei.

In den medialen Fokus gerieten diese Infektionen seit etwa 2005, als in den HPAI Endemiegebieten Asiens und des Nahen Ostens vermehrt menschliche Infektionen mit diesen Viren festgestellt wurden. In den berichteten Fällen endete der Krankheitsverlauf in nahezu 40 Prozent tödlich. Umfangreiche Bekämpfungsaktionen in diesen Regionen fokussierten hauptsächlich auf Impfungen des Geflügels, die dort, wo diese Kampagnen streng kontrolliert durchgeführt wurden, auch zu einer merklichen Reduktion der Menge des zirkulierenden Virus geführt hatten. Deutlichster Ausdruck des Erfolges war der starke Rückgang humaner HPAIV Infektionen. Die langjährigen Erfahrungen mit Impfungen zeigten allerdings auch, dass Vakzinierungen im Geflügel allein nicht ausreichend waren, um eine Eradikation der gs/GD Viren zu erreichen.

In Europa und Deutschland blieb jedoch die HPAIV Impfung von Geflügel als präventive Maßnahme bis vor kurzem verboten. Stattdessen wurde die Strategie der frühzeitigen Detektion von Viruseinbrüchen in Geflügelhaltungen, der Isolierung von Verdachtsbeständen, der Räumung und unschädlichen Beseitigung von Beständen nach amtlicher Feststellung des Ausbruchs sowie der Entschädigung der Halter erfolgreich betrieben. Mit der jüngst sich ändernden

epidemiologischen Lage in Europa aufgrund der endemischen Einnistung von gs/GD HPAIV in europäischen Wildvogelpopulationen muss jedoch dieses bewährte Vorgehen der Seuchenbekämpfung überdacht und erweitert werden: Adäquate Präventions- und Bekämpfungsmaßnahmen zum Schutz der Wildvögel gegen HPAIV bestehen derzeit kaum. Von einem weltweit anhaltenden HPAI-Infektionsgeschehen bei Wildvögeln ist auszugehen. Die stringente Bekämpfung der Infektion im Geflügel stellt nunmehr auch in Europa und Deutschland eine ganzjährige Herausforderung dar, um Geflügelbestände zu schützen, Austräge in Wildvogelpopulationen sowie speziesübergreifende Infektionen von Säugetieren (Schweine!) und des Menschen zu verhindern. Erweiterte Konzepte der Prävention, insbesondere die Impfung des Geflügels gegen HPAI als flankierendes Werkzeug der Infektionseindämmung, werden daher zukünftig auch in Europa erwogen werden müssen. Dies kann insbesondere für spezifische Sektoren in Deutschland wie z.B. Freilandbetriebe (Legehennen, Gänseeltern) oder Mastputenhaltungen relevant werden. Die damit verbundene erforderliche Surveillance in Geflügelbetrieben, die impfen, wird zusätzliche diagnostische Belastungen induzieren, die bei der Planung amtlicher diagnostischer Kapazitäten, auch im FLI, zu berücksichtigen wären. Weiterhin aufrechtzuerhalten bleibt der schnelle und treffsichere HPAIV Nachweis. Fortgesetzte Anpassungen in den diagnostischen Verfahren sind zu erwarten, um auch weiterhin den Nachweis, die Sub- und Pathotypisierung von Viren aus Verdachtsproben parallel binnen weniger Stunden zu erlauben. MinION-basierte Sequenzierungsverfahren und phylogenetische Analysen helfen in der epidemiologischen Aufarbeitung der Infektionsdynamik. Alle diagnostischen Bemühungen fußen allerdings auf der guten Zusammenarbeit aller beteiligten Parteien und einer eingeschliffenen Logistik.