

TIERGESUNDHEITS JAHRESBERICHT 2021



Tiergesundheitsjahresbericht 2021

22. Jahrgang 2022

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, H. Knittler

Friedrich-Loeffler-Institut

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Institut für Epidemiologie

Südufer 10, 17493 Greifswald - Insel Riems

Redaktionsschluss

20. Dezember 2022

Fotos

Fuchs, Forelle, Hausschweine, Feldhase © pixabay

Einleitung.....	3
Kapitel 1 Das öffentliche Veterinärwesen in der Bundesrepublik Deutschland	4
Kapitel 2 Finanzielle Beteiligung der Europäischen Union	8
Kapitel 3 Der Viehbestand	12
Kapitel 4 Fallstatistiken	24
Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten ..	30
1. Afrikanische Schweinepest - African swine fever	30
2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen - American foulbrood	34
3. Aviäre Influenza bei Geflügel und Wildvögeln - Avian influenza in poultry and wild birds....	36
4. Beschälseuche der Pferde - Dourine	49
5. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease - Bovine viral diarrhea/Mucosal disease	51
6. Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen - Bovine, Porcine, Ovine and Caprine Brucellosis	55
7. Campylobacteriose (thermophile <i>Campylobacter</i>) - Campylobacteriosis (thermophilic <i>Campylobacter</i>)	58
8. Chlamydiose - Chlamydiosis	62
9. Echinokokkose - Echinococcosis.....	66
10. Hantaviren in Mitteleuropa - Hantaviruses in Central Europe	69
11. Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels - Avian infectious laryngotracheitis	75
12. Milzbrand - Anthrax	78
13. Paratuberkulose - Paratuberculosis (Johne´s Disease)	83
14. Q-Fieber - Q (query) Fever.....	89
15. Rauschbrand - Blackleg.....	92
16. Salmonellose der Rinder - Salmonellosis in cattle	96
17. SARS-CoV-2 Infektionen bei gehaltenen Tieren - SARS-CoV-2 infections in kept animals	103
18. Shigatoxin-bildende <i>Escherichia coli</i> [(STEC, syn. Verotoxin-bildende <i>E. coli</i> (VTEC)] - Shiga toxin-producing <i>E. coli</i> (Vero toxin-producing <i>E. coli</i>)	106
19. Toxoplasmose - Toxoplasmosis.....	111
20. Tuberkulose der Rinder - Bovine Tuberculosis	114
21. Tularämie - Tularemia.....	120
22. Usutu-Virus-Infektion - Usutu virus infection.....	122
23. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN) - Viral Haemorrhagic Septicaemia and Infectious Haematopoeitic Necrosis.....	128
24. Vibrionenseuche der Rinder - Bovine genital campylobacteriosis	143
25. West-Nil-Virus-Infektion - West Nile virus infection.....	146
26. Zoonotische Bornaviren - Zoonotic Borna Viruses	154
Kapitel 6 Antimikrobielle Resistenz (AMR).....	161
Anlagen	171

Einleitung

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft,
Referat 322 - Tiergesundheit

Der Tiergesundheitsbericht wird zum 22. 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. Eine besondere Herausforderung stellt das Inkrafttreten des Tiergesundheitsrechtsaktes am 21. April 2021 dar, der zahlreiche Veränderungen für die Veterinärverwaltung mit sich bringt.

Der Tiergesundheitsbericht enthält die Ergebnisse von epidemiologischen und labordiagnostischen Untersuchungen, von staatlichen Bekämpfungsmaßnahmen sowie eine Einschätzung zur Gefährdung von Tieren und Menschen durch ausgewählte Tierseuchen/Tierkrankheiten im Jahr 2021.

Die Reihenfolge der Berichte zu bestimmten anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen

Tierkrankheiten richtet sich nach der auf der Generalversammlung der Weltorganisation für Tiergesundheit (World Organisation for Animal Health - WOAH; ehemals 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 2021 zeigt wiederum, dass in der Bundesrepublik Deutschland das Risiko des Auftretens von Tierseuchen oder Tierkrankheiten nicht unterschätzt werden darf. Das Seuchengeschehen der Afrikanischen Schweinepest setzte sich in Brandenburg und Sachsen fort. Ab November wurden zudem Fälle in Mecklenburg-Vorpommern festgestellt, sowohl im Hausschwein als auch im Wildschwein. Bis Jahresende 2021 wurden 2.724 Fälle registriert. Das HPAIV-Geschehen, das im Oktober 2020 begann, setzte sich bis in die Jahresmitte 2021 fort. Ab Oktober 2021 kam es dann insbesondere in Schleswig-Holstein wieder zu vermehrten Nachweisen in Wildvögeln. In Schleswig-Holstein waren zudem zum Jahresende hin auch Geflügelhaltungen betroffen.

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 2021: Tierärzteschaft in der Bundesrepublik Deutschland“ zum 31.12.2021 insgesamt 44.049 Tierärztinnen und Tierärzte bei den Kammern gemeldet.

Davon waren 32.522 in Deutschland und 408 im Ausland tierärztlich tätig. Von den im Inland tierärztlich Tätigen waren 22.415 in der tierärztlichen Praxis (einschließlich Assistentinnen und Assistenten sowie Vertreterinnen und Vertretern) und 6.986 im Beamten- (1.496) und Angestelltenverhältnis (5.490) 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. Darüber hinaus wirkt die Veterinärverwaltung auch 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, Schlacht- 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 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) 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 (WOAH, ehemals OIE) und Leiter des Veterinärdienstes („Chief Veterinary Officer“, CVO) der Bundesrepublik Deutschland gegenüber dem Ausland.

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)
Fontainengraben 150
D-53123 Bonn
Tel.: 0228/12-00
Fax: 0228/12-180 369 39
E-Mail: bmvgfueskii7@bmvg.bund.de

Referat FÜ SK II 7 - Fachaufgaben Gesundheitswesen; vorbeugender Gesundheitsschutz und öffentlich-rechtliche Aufgaben im Geschäftsbereich BMVg

Der Veterinärverwaltung auf Bundesebene obliegen die Rechtsetzung auf allen einschlägigen öffentlich-

rechtlichen Gebieten sowie der Kontakt zu den Veterinärverwaltungen anderer Staaten, ferner die Wahrnehmung der fachlichen Interessen und Aufgaben innerhalb der Europäischen Union (EU). In veterinärrechtlichen Gesetzen und Verordnungen werden alle notwendigen Maßnahmen, die sich aus den Aufgaben des öffentlichen Veterinärwesens ergeben, für das Bundesgebiet selbst und gegenüber anderen Staaten getroffen und die Durchführung dieser Maßnahmen zusammen mit den Bundesländern koordiniert; dies gilt auch für die Umsetzung von EU-Recht in nationales Recht.

Krisenmanagement Tierseuchen

Beim BMEL ist das Nationale Krisenzentrum Tierseuchen als Bestandteil des Referates 323 Tierseuchen - EU-Handel, Internationale Fragen, Krisenzentrum angesiedelt. Die Leiterin des Referates 323 ist gleichzeitig Leitung der Bund-Länder Task Force Tierseuchenbekämpfung (Task Force). Diese besteht ferner aus Vertretern der Länder sowie des BMVg und des FLI. Als Geschäftsstelle der Task Force fungiert ein Arbeitsstab, der personell aus Länderbediensteten besteht und räumlich beim Nationalen Krisenzentrum Tierseuchen 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. 2021/690 (Binnenmarktprogramm)

Heuser, R.

Die Verordnung (EU) Nr. 2021/690 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 28. April 2021 zur Aufstellung eines Programms für den Binnenmarkt, die Wettbewerbsfähigkeit von Unternehmen, einschließlich kleiner und mittlerer Unternehmen, den Bereich Pflanzen, Tiere, Lebensmittel und Futtermittel sowie europäische Statistiken (Binnenmarktprogramm) und zur Aufhebung der Verordnungen (EU) Nr. 99/2013, (EU) Nr. 1287/2013, (EU) Nr. 254/2014 und (EU) Nr. 652/2014, stellt die neue rechtliche Basis für die finanzielle Beteiligung der Union im Veterinärbereich dar.

Mit der genannten Verordnung werden u. a. die Modalitäten der finanziellen Beteiligung der Union für

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

festgelegt.

Die weiteren Ausführungen beziehen sich auf die im Jahr 2021 durchgeführten Dringlichkeitsmaßnahmen sowie die Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen.

Dringlichkeitsmaßnahmen

Gemäß Artikel 3 Absatz 2 Buchstabe e i. V. m. Anhang I Nummer 1 des Binnenmarktprogramms besteht für die Mitgliedstaaten die Möglichkeit, im Falle des Ausbruchs einer der in Anhang III der genannten Verordnung gelisteten Tierseuchen in ihrem Hoheitsgebiet eine finanzielle Beteiligung der Union an den Seuchentilgungsmaßnahmen zu erhalten, soweit bestimmte Bedingungen seitens des Mitgliedstaates erfüllt wurden.

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

Des Weiteren beteiligt sich die Kommission zu 50 % an den Ausgaben für Impfstoffe und an den Impfkosten, soweit die Durchführung von Impfungen beschlossen wurde, sowie in hinreichend begründeten Ausnahmefällen an den Ausgaben für serologische und virologische Überwachungstests und von Tests vor Verbringung in Sperrzonen sowie sonstige für die Tilgung der Seuche unabdingbare Ausgaben.

Bedingt durch das erhebliche Auftreten der hochpathogenen Aviären Influenza wurden Finanzhilfen der Union in Höhe von nahezu 40 Mio. € beantragt.

Das Fortschreiten des ASP-Geschehens bei Wildschweinen in Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen sowie das Auftreten der ASP bei Hausschweinen in Brandenburg und Mecklenburg-Vorpommern hatte zur Folge, dass Ausgaben für den Zaunbau in Sperrzonen als auch Entschädigungszahlungen an Tierbesitzer in einer Größenordnung von über 44 Mio. € geltend gemacht wurden.

Programm zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen

Gemäß Artikel 3 Absatz 2 Buchstabe e i. V. m. Anhang I Nummer 2 des Binnenmarktprogramms besteht für die Mitgliedstaaten unter Wahrung bestimmter Voraussetzungen die Möglichkeit, im Rahmen der Finanzierung nationaler Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung der im Anhang III der genannten Verordnung aufgeführten Tierseuchen und Zoonosen eine finanzielle Beteiligung der Gemeinschaft zu erhalten.

Für das Jahr 2021 hatte die Bundesrepublik Deutschland der Kommission im Hinblick auf eine finanzielle Beteiligung folgende Bekämpfungs- und Überwachungsprogramme vorgelegt:

- 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.

Für die Bekämpfung der Blauzungkrankheit wird keine Finanzhilfe mehr gezahlt.

Die vorgenannten Pläne wurden seitens der Kommission überprüft und gemäß Grant Agreement vom 4. April 2022 im Nachhinein genehmigt. Die jeweiligen Höchstbeträge der finanziellen Beteiligung der Union wurden ebenfalls mit dem o. g. Grant Agreement festgesetzt.

Dieses 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.

Durch die zeitlich verspätete Genehmigung der der Kommission übermittelten Bekämpfungs- und Überwachungsprogramme entfiel die Berichterstattung für das erste Halbjahr 2021 und die Kostenschätzung für das zweite Halbjahr 2021.

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 Nummer 3 des Datenblattes des Grant Agreements wurde der von der Bundesrepublik Deutschland eingereichte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 2.078.000 Euro festgesetzt.

Die finanzielle Beteiligung der Union beträgt 50 % der Einheitskosten, die bei der Durchführung von bakteriologischen Untersuchungen (Kultivierung/Isolierung, Überprüfung der Desinfektionswirksamkeit, Nachweis antimikrobieller Mittel) sowie Serotypisierungstests im Rahmen der amtlichen Probenahme entstehen. Des Weiteren gewährt die Union eine Finanzhilfe in Höhe von 50 % der Kosten für die Beschaffung von Impfstoffen sowie für die Entschädigung von Bestandseigentümern für die Tötung der unter das Programm fallenden Tiere sowie die Vernichtung von Eiern.

Im Jahr 2021 wurden der Kommission im Rahmen des Erstattungsantrages insgesamt 10.449 bakteriologische Tests, 256 Serotypisierungen, 87 Tests zur Überprüfung der Desinfektionswirksamkeit, 4.885 Probenahmen, über 2,17 Mio. Impfstoffdosen und Entschädigungszahlungen für 64.903 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.

Bedingt durch einen von der KOM vorgebrachten Hinweis auf eine bestehende Diskrepanz zwischen dem geltenden EU-Recht und der Umsetzung im nationalen Recht bezogen auf das Ergebnis von betriebseigenen Kontrollen und den daraus resultierenden Konsequenzen wurde die finanzielle Beteiligung der Union an diesem Programm ausgesetzt. Eine Anpassung des nationalen Rechts befindet sich derzeit in Vorbereitung.

Plan zur Überwachung von Geflügel und Wildvögeln auf die Aviäre Influenza

Gemäß Nummer 3 des Datenblattes des Grant Agreements wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 161.000 Euro festgesetzt.

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 2021 konnte ein erheblicher Anstieg von HPAIV-Infektionen bei Geflügel oder Wildvögeln in Deutschland nachgewiesen werden. Im Rahmen des der Kommission für das Jahr 2021 vorgelegten Erstattungsantrages wurden insgesamt 4.183 Probenahmen bei Wildvögeln, 6.332 bei Hausgeflügel, 9.091 serologische Untersuchungen mittels ELISA-Test, 1.148 Hämagglutinationshemmungstests für die Serotypen H5 und H7, 75 Virusisolationstests und 17.147 virologische Tests mittels PCR geltend gemacht.

Plan zur Überwachung der Transmissiblen Spongiformen Enzephalopathien (TSE)

Gemäß Nummer 3 des Datenblattes des Grant Agreements wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 1.435.000 Euro festgesetzt.

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 177.159 Tests bei Rindern, 19.312 Tests bei Schafen und 2.289 Tests bei Ziegen gemeldet; daneben umfasst der Erstattungsantrag 13 Bestätigungstests bestätigter „atypischer Scrapiefälle sowie ein Unterscheidungstest.

Im Jahr 2021 wurde ein Fall von atypischer BSE amtlich festgestellt.

Weiterhin wurden 5 Scrapieausbrüche (alles atypische Fälle) in vier Bundesländern amtlich festgestellt.

Die Anzahl der gegenüber der Kommission geltend gemachten Genotypisierungen betrug 2.283 Untersuchungen.

Plan zur Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest.

Gemäß Nummer 3 des Datenblattes des Grant Agreements wurde der genannte Plan genehmigt und der Höchstbetrag einer finanziellen Beteiligung der Union auf 737.000 Euro festgesetzt.

Die finanzielle Beteiligung der Union beinhaltet 50 % der Einheitskosten für die Information über tot aufgefundene Wildschweine zur weiteren Probenahme, Untersuchung, Entfernung und sicheren Entsorgung durch die zuständige Behörde/Untersuchungseinrichtung sowie die Kosten der durchgeführten Labortests. Daneben gewährt die Union 50 % der Ein-

heitskosten für Kosten, die bei Aufklärungs- und Informationskampagnen und der selektiven Jagd weiblicher Wildschweine entstanden sind.

Im Rahmen des der Kommission für das Jahr 2021 vorgelegten Erstattungsantrages wurden Kosten für 14.107 tote Wildschweine und 30.801 virologische Tests mittels PCR, 1.764 ELISA Tests und 62 Immunoperoxidasetests geltend gemacht.

Für Aufklärungs- und Informationskampagnen wurden Kosten in Höhe von 12.311 Euro, für die selektive Jagd weiblicher Wildschweine 192.320 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.; Knittler, H.

Vorbemerkungen

Auf der Grundlage des Agrarstatistikgesetzes (AgrStatG) finden regelmäßige Erhebungen der Bestandszahlen für Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen und Geflügel statt. Diese Erhebungen werden zweimal jährlich in allen Bundesländern mit Ausnahme der Stadtstaaten durchgeführt und finden im Rahmen einer Agrarstrukturerhebung, die wechselweise als Vollerhebung oder als Stichprobenbefragung durchgeführt wird, statt. Die Erhebungen zum Rinderbestand werden zweimal jährlich am 3. Mai und am 3. November als Auszug aus dem Herkunfts- und Informationssystem für Tiere (HIT-Datenbank) erstellt und für statistische Zwecke ausgewertet. Im Rahmen der Viehbestandserhebung Schweine werden repräsentativ Betriebe mit mindestens 50 Schweinen oder 10 Zuchtsauen jeweils zum Stichtag 3. Mai und 3. November befragt. Hierzu wird eine geschichtete Stichprobe einmal jährlich gezogen. Zur Erhebung über die Schweinebestände am 3. Mai 2010 wurden die Erfassungsgrenzen auf 50 Schweine oder 10 Zuchtsauen angehoben, um insbesondere die kleineren Betriebe zu entlasten. Daher sind die Schweinebestände zu den Vorerhebungen nur begrenzt vergleichbar und die Betriebszahlen sind 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 2021. 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 Zweijahres-rhythmus 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 2020 erhoben und wurden sukzessive im Laufe des Jahres 2021 vom Statistischen Bundesamt veröffentlicht (Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 2.1.3, 2021).

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 2021, entnommen (Erscheinungsfolge: jährlich, erschienen am 25. Februar 2022, Artikelnummer: 2030410215324Herausgeber: Statistisches Bundesamt, Destatis, Wiesbaden).

Die seit dem Jahr 1990 zu beobachtende kontinuierliche Abnahme des Rinderbestandes (Abb. 1a) hat sich im Jahr 2021 gegenüber den Vorjahren fortgesetzt. Die Gesamtzahl gehaltener Rinder im Jahr 2021 hat um 1,2 % gegenüber dem Vorjahr abgenommen und liegt bei 11,0 Mio. Tieren. Ein Vergleich

mit dem Jahr 2001 ergibt einen deutlichen Rückgang der Rinderzahlen um ca. 23,0 Prozent oder etwa 3,6 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 70 Tiere.

Der Schweinebestand (Abb. 1a) betrug bei der Novemberzählung des Jahres 2020 223,7 Mio. Tiere (ohne Stadtstaaten). Der Bestand hat somit im Vergleich zum Vorjahr (26,1 Mio. Schweine) abgenommen, insgesamt bleiben die Zahlen jedoch 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.

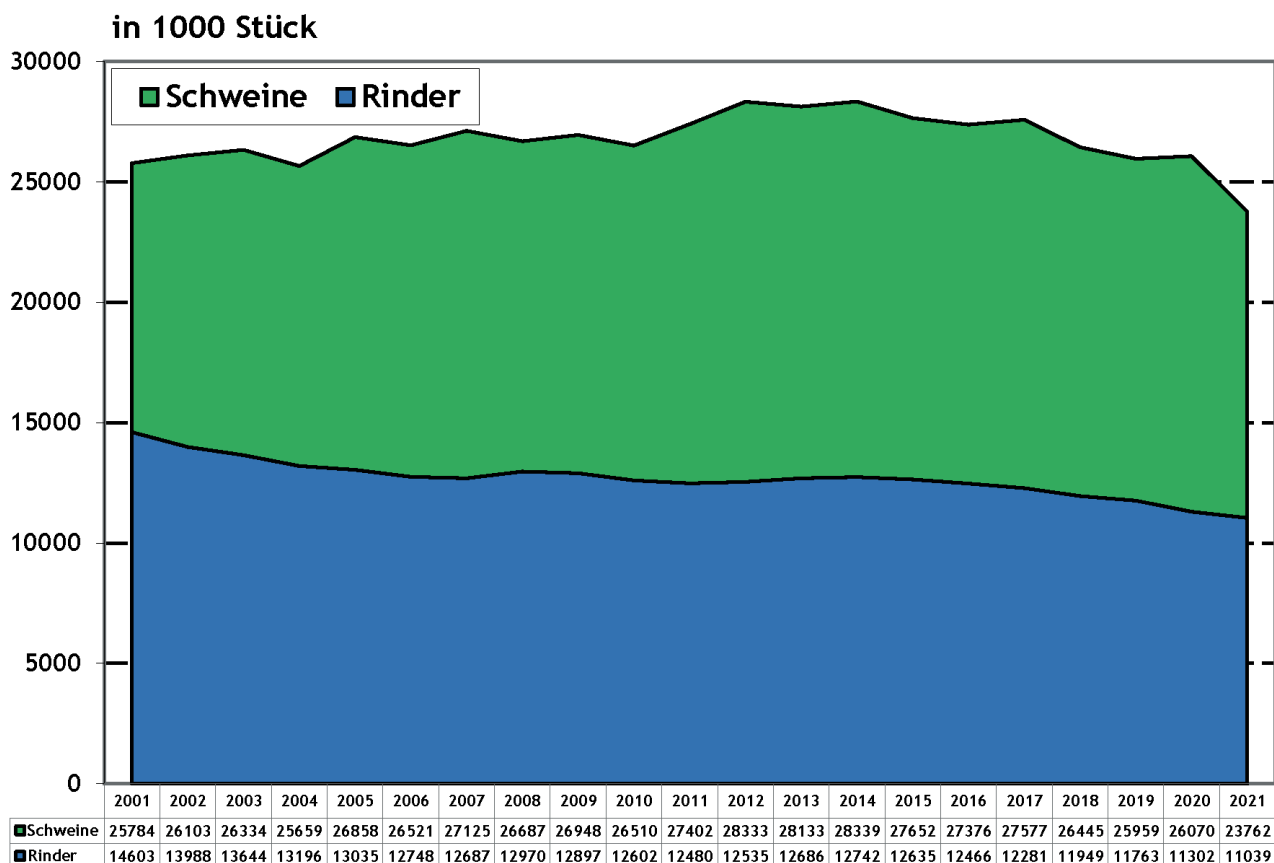


Abb. 1a: Langzeitentwicklung im Viehbestand Deutschlands für Rinder und Schweine
 Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021

Für Pferde (Abb. 1b) sind im Berichtszeitraum keine Daten erhoben worden. Die letzten aktualisierten Zahlen stammen aus der ASE vom 1. März 2020. Damals wurden 453.662 Pferde gezählt. Die letzten davor verfügbaren Zahlen stammen aus der ASE vom 1. März 2016. Es wurden 441.954 Pferde erfasst. Die Anzahl der Pferdehaltungen beträgt demnach 41.423 in der ASE 2020 (42.145 in der ASE 2016). Bei statistischen Erhebungen zur Pferdehaltung werden ausschließlich in landwirtschaftlichen Betrieben gehaltene Pferde erfasst. Klein- und Hobbyhaltungen gehen nicht in die Erhebung ein. Deshalb ist mit einer sehr großen Dunkelziffer nicht erfasster Pferde mindestens im Größenordnungsbereich der erhobenen Bestandszahlen zu rechnen. Bestandsschätzungen für die Pferdepopulation Deutschlands liegen seit dem Jahr 2007 bei ca. 1 Mio. Pferde. Bei der Schafpopulation (Abb. 1b) wurden im Jahr 2021 bei

der Novemberehebung 1,48 Mio. Schafe erfasst (hier fehlen jedoch die Angaben für die Stadtstaaten). Gegenüber dem Vorjahreswert (ebenfalls 1,48 Mio.) ergibt sich keine Veränderung. 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 29 Prozent. Ein Vergleich der aktuellen Zahlen mit denen der letzten Erfassung im Jahr 2009 (2,44 Mio.), lässt eine noch wesentlich größere Abnahme erkennen (über 39 %). Genauere Angaben zur Schafpopulation der Bundesländer sind in der Tabelle 4 wiedergegeben.

Für den Ziegenbestand wurden im Berichtszeitraum keine aktuellen Zahlen erhoben. Bei der Agrarstrukturerhebung im März 2020 betrug der Ziegenbestand 154.906 Ziegen (138.810 Tiere nach der ASE 2016) (Abb. 1 b).

Beim Geflügel (Abb. 2) beruhen die letzten Zahlen ebenfalls auf der Agrarstrukturerhebung im März 2020. Bei der ASE ist zu bedenken, dass die Daten nur auf einer Stichprobenerhebung von 80.000 Betrieben beruhen. Nach der ASE 2020 betrug der Geflügelbestand am 1. März 2020 insgesamt 159,118

Mio. gehaltene Hühner (184,125 Mio./ASE 2016), davon waren 54,447 Mio. Legehennen (58,679 Mio./ASE 2016) und 92,460 Mio. Masthähnchen (109,804 Mio./ASE 2016). Weiterhin wurden 323.515981 Gänse (500.981 /ASE 2016), 2,127 Mio. Enten (3,043 Mio./ASE 2016) und 11,579 Mio. Puten (13,352 Mio./ASE 2016) gehalten.

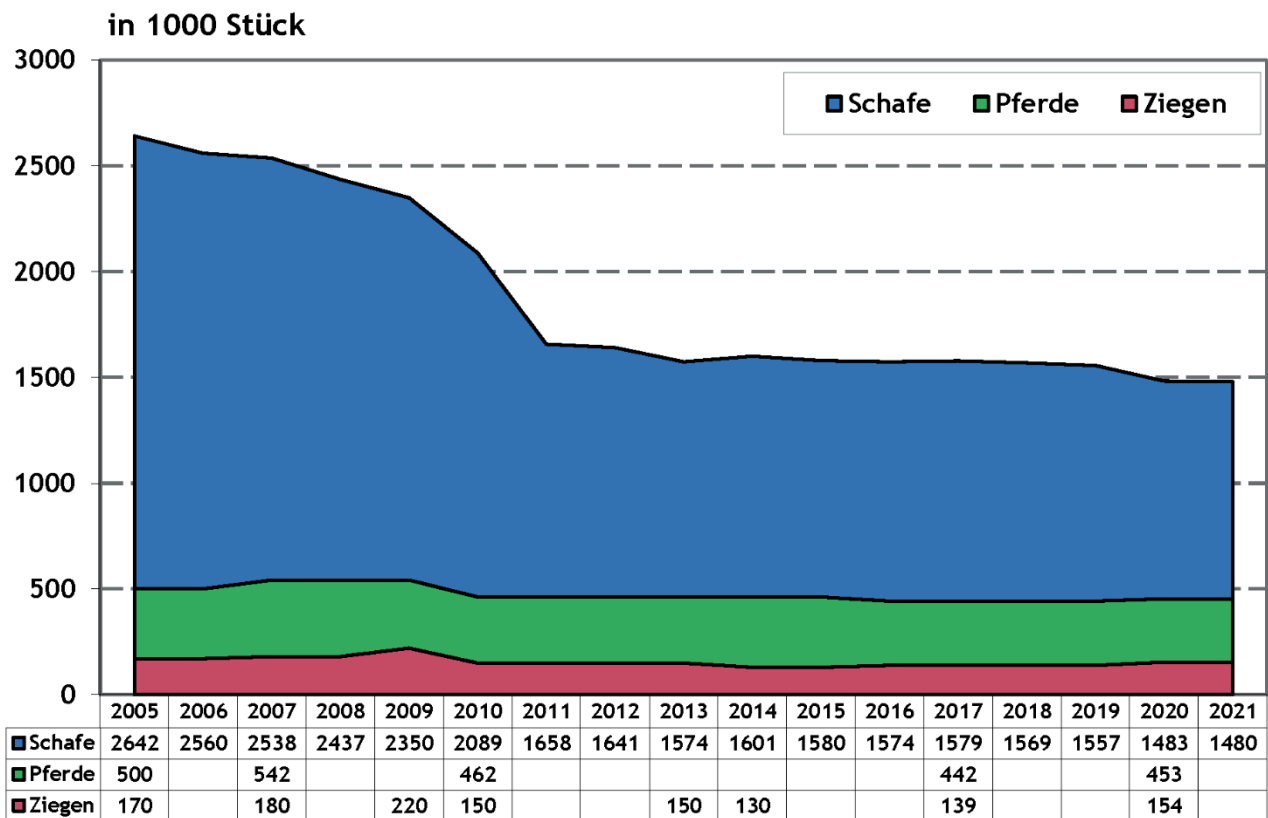


Abb. 1b: Langzeitentwicklung des Pferde-, Schaf- und Ziegenbestands in Deutschland.

Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021 sowie Fachserie 3, Reihe 2.1.3, 2021

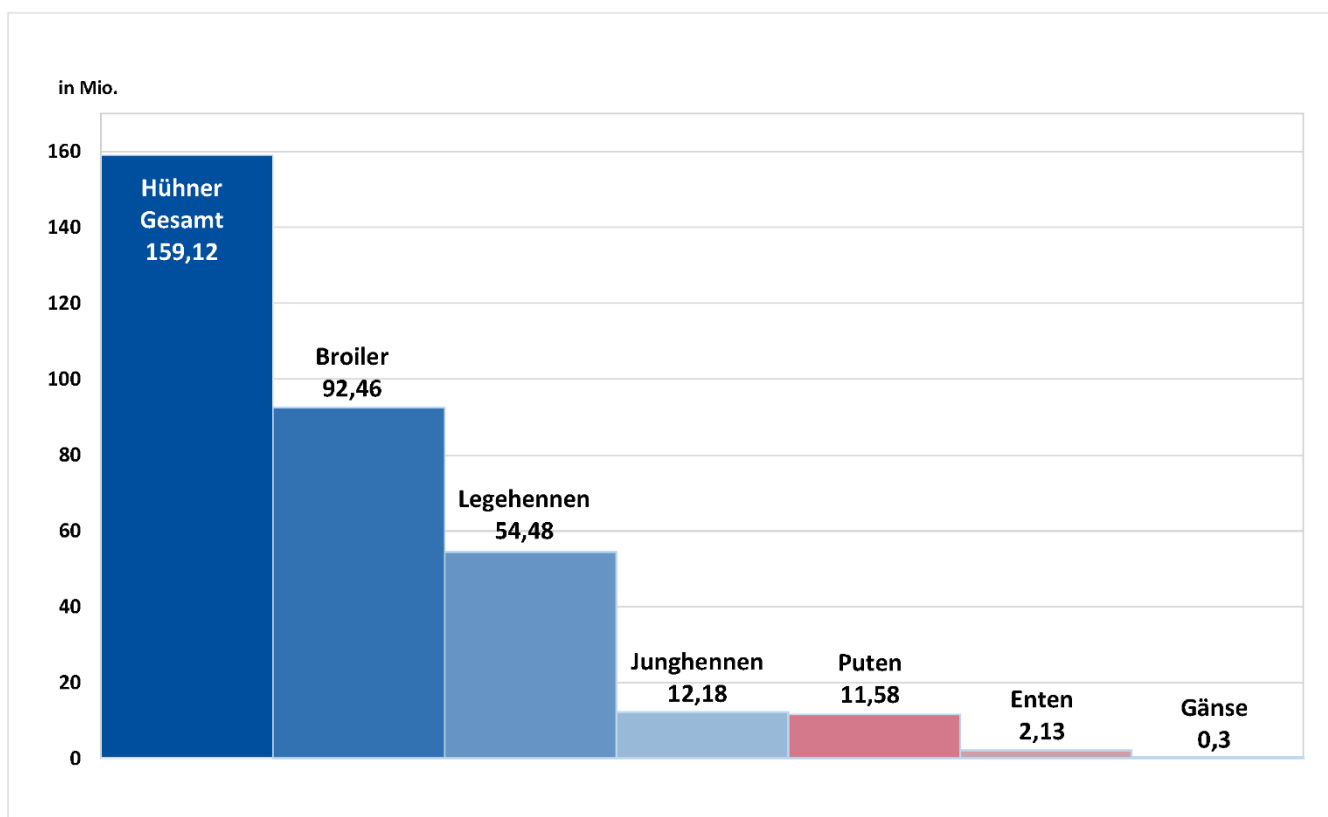


Abb. 2: Geflügelbestand nach Nutzungsrichtung

Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 2.1.3, 2021

Tabelle 1: Anzahl Rinderhalter Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen am 3. November 2021

Bundesland	Anzahl Rinderhalter in genannten Größenklassen							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-	200-	≥ 500
Baden-Württemberg	14.965	3.827	2.442	3.346	2.343	1.992	964	51
Bayern	40.580	6.229	4.898	9.535	9.566	7.934	2.338	80
Berlin	33	13	8	7	4	1	-	-
Brandenburg	3.936	1.789	488	467	318	281	331	262
Bremen	75	11	8	11	10	21	13	1
Hamburg	94	27	22	16	14	5	9	1
Hessen	7.724	2.193	1.572	1.850	969	702	402	36
Mecklenburg-Vorpommern	3.153	1.395	361	371	224	240	304	258
Niedersachsen	19.139	4.197	2.021	2.854	2.516	3.352	3.580	619
Nordrhein-Westfalen	15.940	4.189	2.176	3.112	2.299	2.314	1.634	216
Rheinland-Pfalz	4.583	1.251	728	951	671	594	361	27
Saarland	630	195	98	125	89	71	48	4
Sachsen	6.489	3.783	865	694	331	308	277	231
Sachsen-Anhalt	2.915	1.561	321	287	186	167	229	164
Schleswig-Holstein	6.926	1.452	691	997	747	1.214	1.529	296
Thüringen	3.981	2.334	560	392	177	160	189	169
Deutschland	131.163	34.446	17.259	25.015	20.464	19.356	12.208	2.415

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021

Tabelle 2: Anzahl Rinder Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen in 1.000 Tieren am 3. November 2021

Bundesland	Anzahl Rinder in genannten Größenklassen (in 1.000 Tieren)							
	Gesamt	1-9	10-19	20-49	50-99	100-	200-	≥ 500
Baden-Württemberg	911	19	34	107	165	283	269	32
Bayern	2.885	31	69	318	684	1.102	626	53
Berlin	0,7	-	0,1	0,1	0,3	-	-	-
Brandenburg	457	6	6	15	22	40	108	257
Bremen	8	-	0,1	0,4	0,7	3	3	-
Hamburg	5	0,1	0,3	0,4	1	-	2	-
Hessen	396	10	21	58	67	99	113	24
Mecklenburg-Vorpommern	451	5	4	11	15	34	98	280
Niedersachsen	2.339	18	28	93	182	493	1.064	458
Nordrhein-Westfalen	1.273	19	30	100	164	327	481	150
Rheinland-Pfalz	301	5	10	30	47	83	103	19
Saarland	39	-	1	4	6	10	13	-
Sachsen	443	13	11	21	23	43	89	239
Sachsen-Anhalt	284	5	4	9	13	24	73	154
Schleswig-Holstein	958	6	9	32	54	177	469	207
Thüringen	282	8	7	12	12	23	60	157
Deutschland	11.039	152	241	815	1.461	2.747	3.580	2.039

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021

Tabelle 3: Anzahl Schweine insgesamt, Zuchtsauen, Ferkel und Mastschweine einschl. Jungschweine und Eber nach Bundesländern (in 1.000 Stück) am 3. November 2021 (ohne Stadtstaaten)

Bundesland	Schweine insgesamt	Ferkel	Zucht-schweine	Mast-schweine
Baden-Württemberg	1.467,4	488,8	122,8	604,2
Bayern	2.741,5	750,2	184,8	1.336,7
Brandenburg	696,1	316,6	70,3	188,6
Hessen	445,9	121,7	27,3	217,6
Mecklenburg-Vorpommern	700,1	249,9	73,3	231,2
Niedersachsen	7.757,3	2.040,0	428,8	3.973,1
Nordrhein-Westfalen	6.288,2	1.689,9	349,6	3.130,2
Rheinland-Pfalz	122,8	29,9	7,0	62,5
Saarland	1,9	/	0,0	1,4
Sachsen	609,3	231,4	64,6	178,1
Sachsen-Anhalt	1.103,3	468,3	132,0	315,7
Schleswig-Holstein	1.210,7	301,2	73,7	593,9
Thüringen	617,7	303,1	68,3	162,4
Deutschland	26.762,3	6.991,1	1.602,4	10.995,5

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021

Tabelle 4: Anzahl Schafe insgesamt, davon zur Zucht benutzte weibliche Schafe einschließlich gedeckter Jährlinge (in 1.000 Stück) am 3. November 2021 (ohne Stadtstaaten)

Bundesland	Schafe insgesamt	davon: weibliche Zuchtschafe einschl. gedeckte Jungschafe	
		Milchschafe	andere Mutterschafe
Baden-Württemberg	207,9	3,1	146,5
Bayern	259,1	2,5	180,7
Brandenburg	71,2	0,4	52,8
Hessen	103,9	0,7	74,5
Mecklenburg-Vorpommern	72,8	/	48,0
Niedersachsen	164,4	2,1	106,0
Nordrhein-Westfalen	132,5	2,4	92,5
Rheinland-Pfalz	64,5	0,3	46,0
Saarland	4,7	0,1	3,3
Sachsen	64,0	0,8	46,5
Sachsen-Anhalt	58,3	0,3	40,5
Schleswig-Holstein	193,6	0,5	129,3
Thüringen	111,3	0,6	87,3
Deutschland	1.508,1	14,5	1.054,0

Quelle: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021

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 13 Mitgliedstaaten wurden Rinder innergemeinschaftlich nach Deutschland verbracht, wobei im Vergleichszeitraum der Jahre 2014 bis 2021 erhebliche Verschiebungen bei den Herkunftsländern zu verzeichnen waren. Die Hauptlieferländer im Jahr 2021 waren die Tschechische Republik, Niederlande, Frankreich und Luxemburg. Importe aus den Niederlanden haben gegenüber den beiden Vorjahren wieder deutlich zugenommen, jedoch bei weitem noch unter dem vormaligen Niveau. Insgesamt haben sich die Importe im Jahr 2021 wieder leicht erhöht.

Tabelle 5: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz 2014 - 2021

Verbringungsländer	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
Belgien	2.766	1.464	1.296	806	1.340	386	501	754
Bulgarien	3	0	0	150	0	0	0	0
Dänemark	10.160	1.373	141	566	359	165	415	1170
Estland	1.004	3.907	3.085	1.175	0	0	0	0
Frankreich	8.173	7.023	7.769	8.538	4.901	3.486	4.346	5.553
Irland	3.976	889	12	64	49	24	50	88
Italien	259	365	88	3	0	1	1	41
Kroatien	0	0	13	0	0	0	399	0
Lettland	1.274	1.208	1.591	1.555	356	0	0	0
Litauen	2.005	3.107	1.198	325	0	0	0	0
Luxemburg	5.844	5.646	5.401	5.363	5.495	3.985	3.022	3.418
Niederlande	12.920	6.289	13.552	24.783	12.203	2.608	2.574	6.069
Österreich	17.621	11.343	7.083	5.448	5.683	4.211	1.898	2.227
Polen	2.559	845	591	83	62	0	85	6
Rumänien	148	605	799	86	25	2	6	0
Schweiz	30	27	78	22	32	30	33	24
Slowakei	393	229	129	62	0	402	0	312
Slowenien	248	25	0	0	0	0	0	0
Spanien	1.591	229	476	0	0	0	0	0
Tschechische Republik	21.377	18.488	23.962	25.947	21.282	18.691	22.468	25.485
Ungarn	364	0	0	897	708	12	110	78
Vereinigtes Königreich	937	1.020	537	540	130	1	0	0
Gesamtverbringung Rinder	93.652	64.082	67.801	76.391	52.625	34.004	35.908	45.225

(Quelle: Eurostat)

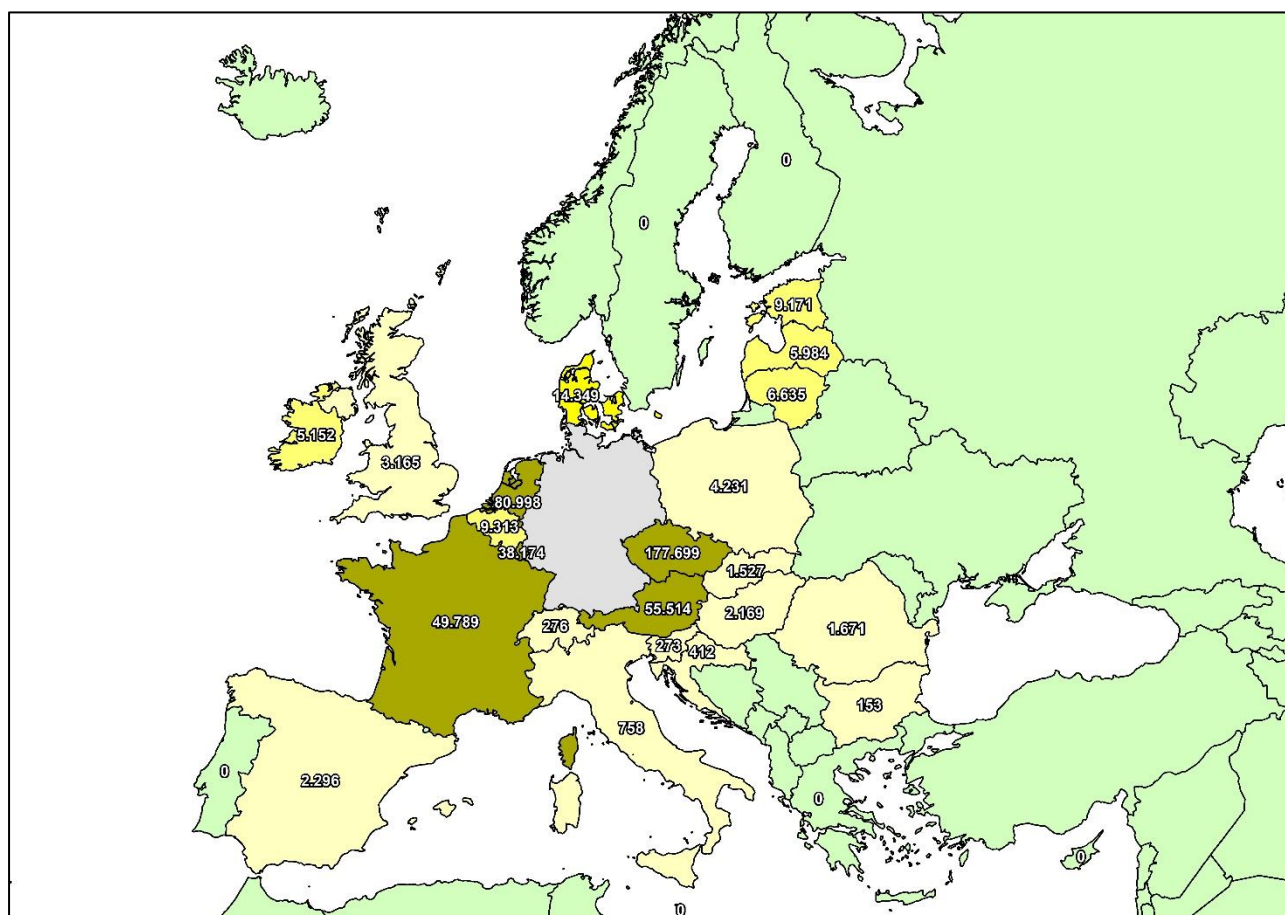


Abb. 3: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz (ab 2021 ohne Vereinigtes Königreich) in Stück Vieh 2014 - 2021 (Quelle: Eurostat)

Innergemeinschaftliches Verbringen aus Deutschland und Exporte in Drittstaaten

Beim Verbringen von Schlacht- und Zuchtrindern aus Deutschland in EU-Mitgliedstaaten und die Schweiz bestätigt sich der letztjährige Höchststand. Das Allzeithoch aus dem Jahr 2017 wurde in 2021 nicht erreicht, aber seit 2014 bewegen sich die Verbringungen auf einem deutlich gestiegenen Niveau.

Deutschland verbrachte innergemeinschaftlich im Jahr 2021 Rinder in 24 EU-Mitgliedsländer, nur nach Finnland, Malta und Schweden wurden keine Verbringungen durchgeführt. Die Verbringungen in das Nicht-EU-Land Schweiz haben sich deutlich erhöht. Die Niederlande sind nach wie vor der Hauptempfänger für deutsche Rinder, gefolgt mit großem Abstand von Spanien, Polen, Italien und Belgien (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz 2014 - 2021

Verbringungsländer	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
BELGIEN	42.179	44.597	30.034	47.572	61.622	27.156	10.373	10.315
BULGARIEN	710	251	744	3.331	682	378	519	484
DÄNEMARK	16	45	21	39	29	27	188	22
ESTLAND	36	538	1.440	864	467	178	0	25
FRANKREICH	8.805	422	6.330	227	2.833	439	434	5
GRIECHENLAND	1.249	825	605	524	608	339	94	91
IRLAND	485	359	205	683	321	531	1.317	1.546
ITALIEN	26.706	22.750	25.390	21.967	21.015	17.217	19.796	20.828
KROATIEN	42	835	292	698	714	1.658	484	461
LETTLAND	786	245	1.077	1.563	1.125	361	556	1.042
LITAUEN	75	236	110	27	79	18	242	474
LUXEMBURG	1.653	1.462	2.086	1.959	2.309	1.945	2548	1.809
MALTA	0	0	1	0	0	119	0	0
NIEDERLANDE	539.565	572.239	576.229	589.500	579.590	667.318	634.326	656.765
ÖSTERREICH	2.242	969	1.530	11.092	7.829	1.290	3.142	1.201
POLEN	11.659	16.791	14.673	14.131	10.711	10.295	13.744	21.401
PORTUGAL	372	68	74	68	34	170	187	34
RUMÄNIEN	2.586	2.029	3.221	2.816	3.077	1.116	738	683
SCHWEDEN	6	1	0	0	1	0	0	0
SCHWEIZ	154	209	302	203	277	306	378	807
SLOWAKEI	4	17	0	556	63	228	62	258
SLOWENIEN	215	1	14	105	0	83	69	48
SPANIEN	65.532	65.166	71.778	69.525	66.558	26.491	20.144	22.475
TSCHECHISCHE REPUBLIK	467	392	205	625	240	978	1.080	551
UNGARN	11.338	21.796	19.910	13.558	8.742	7.841	7.672	6.031
VEREINGTES KÖNIGREICH*	7.064	3.470	4.443	2.945	3.677	4.048	4.843	-*
ZYPERN	0	0	99	98	0	558	461	31
Gesamtverbringung Rinder	723.946	755.713	760.813	784.473	772.603	771.088	723.397	753.546

* 2020 aus EU ausgetreten
(Quelle: Eurostat)

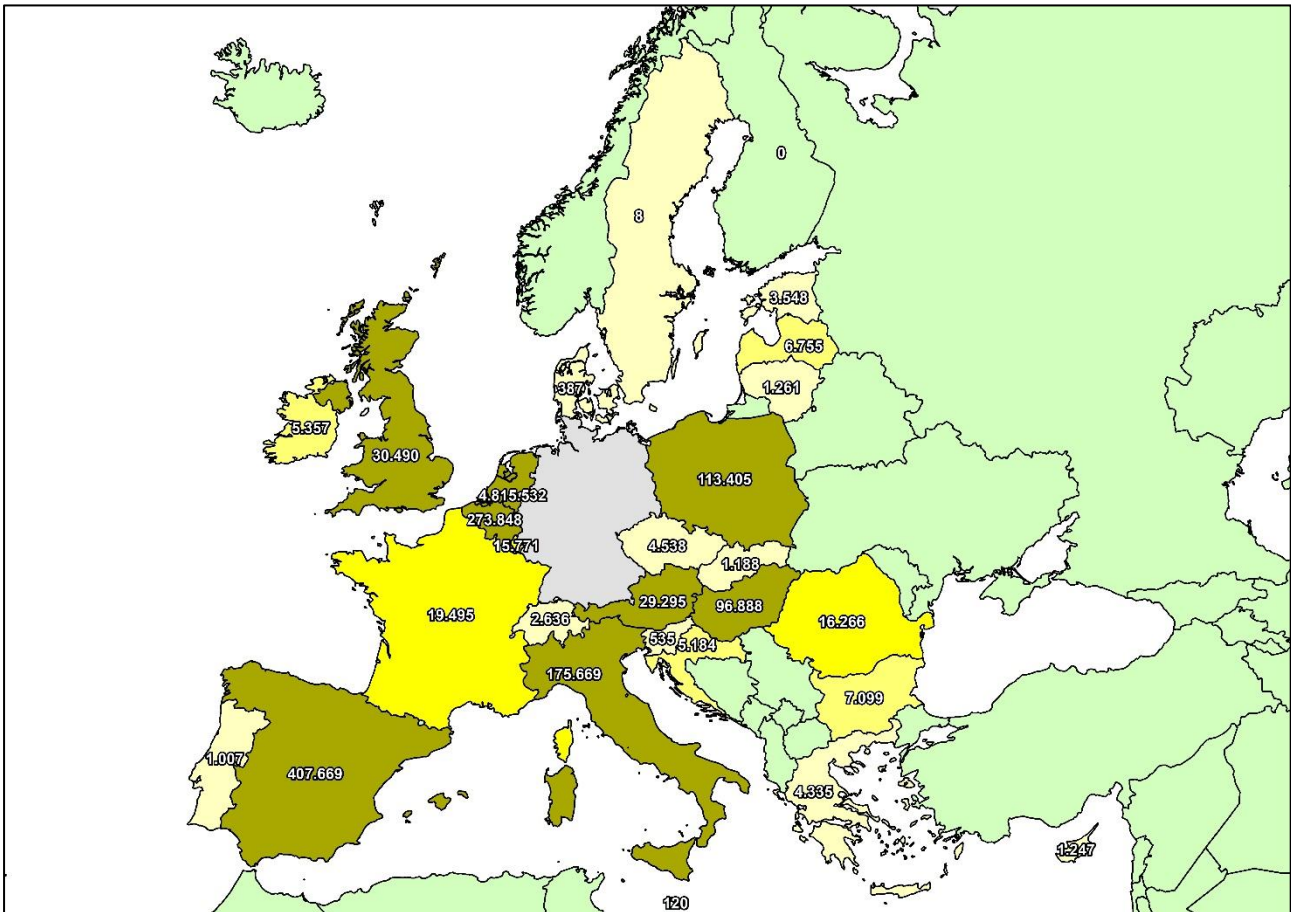


Abb. 4: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und die Schweiz in Stück Vieh 2014 - 2021 (ab 2021 ohne Vereinigtes Königreich) (Quelle: Eurostat)

In den Jahren 2014 bis 2021 exportierte Deutschland Rinder in 40 Drittstaaten, wie die Daten von EUROSTAT zeigen. Im Berichtsjahr 2021 wurden Rinder jedoch lediglich in 14 Drittstaaten ausgeführt. Mit insgesamt 30.967 Tieren wurde der Vorjahreswert (2020: 37.220) abermals deutlich unterschritten, obwohl für das Jahr 2021 das Vereinigte Königreich erstmals als Drittstaat in die Statistik aufgenommen

wurde. Die wichtigsten Empfängerländer waren die Russische Föderation, das Vereinigte Königreich, Marokko und Ägypten. Die Rinderexporte in die Russische Föderation haben nach einem Einbruch im Jahr 2020 wieder deutlich zugenommen. Insgesamt zeigen sich für die einzelnen Länder über den Beobachtungszeitraum von 2014 bis 2021 starke Schwankungen.

Tabelle 7: Rinderexporte aus Deutschland in Drittländer 2014 - 2021

AUSFUHR DRITTLÄNDER	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
ÄGYPTEN	529	2.865	2.146	986	750	1.000	2.492	2.570
ALBANIEN	66	0	0	33	96	367	495	229
ALGERIEN	5.371	3.986	2.457	567	3.122	3.299	5.867	0
ARMENIEN	65	322	0	124	0	0	66	0
ASERBAIDSCHAN	929	4.872	1.607	2.137	2.956	1.104	192	0
BOSNIEN-HERZEGOWINA	150	2.260	43	0	0	0	92	186
NORDMAZEDONIEN	615	195	0	0	0	0	96	0
ERITREA	0	0	0	660	310	156	844	0
GEORGIEN	91	130	128	0	164	625	68	0
INDIEN	0	76	0	0	0	0	228	0
INDONESIEN	2	0	0	0	0	0	0	0
IRAK	0	165	0	331	446	98	0	0
IRAN	3	0	4	0	0	528	841	0
JORDANIEN	0	2.048	0	1.856	0	0	0	0
KASACHSTAN	0	0	1.024	1.220	2.845	553	0	0
KATAR	0	0	0	330	10	0	1.132	306
KIRGISTAN	0	86	0	0	0	0	0	0
KOSOVO	300	238	360	300	119	222	516	660
KUWAIT	1.944	1.849	596	1.319	713	0	0	0
LIBANON	8.931	6.989	11.144	4.485	980	536	1.137	306
LIBYEN	248	98	292	426	33	66	462	0
MAROKKO	7.845	1.724	6.881	5.180	5.738	5.266	6.841	4.542
MONGOLEI	94	0	0	60	0	0	0	0
MAURETANIEN	0	0	0	33	0	0	0	0
MOLDAWIEN	475	365	134	193	118	162	248	99
MONTENEGRO	113	10	136	40	110	28	0	0
NIGERIA	155	0	0	0	0	0	0	0
NORWEGEN	20	0	0	0	0	0	0	0
RUSSISCHE FÖDERATION	8.116	4.634	7.730	17.923	21.164	27.373	12.506	14.975
SERBIEN	145	189	232	45	151	117	37	24
SYRIEN	0	0	0	2.079	1.545	0	0	0
TADSCHIKISTAN	0	0	245	0	365	0	0	0
TUNESIEN	294	558	128	65	515	435	185	32
TÜRKEI	7.595	22.610	29.368	30.230	15.450	1.951	1.405	288
TURKMENISTAN	0	516	545	1.714	1.192	455	68	0
UKRAINE	61	35	407	951	1.101	0	0	0
USBEKISTAN	4.014	4.617	4.554	6.865	8.321	7.484	746	0
VEREINIGTE ARAB. EMIRATE	495	0	0	656	0	165	0	5
VEREINGTES KÖNIGREICH*	-	-	-	-	-	-	-	6.159
WEISSRUSSLAND	0	0	0	39	201	198	656	586
GESAMT AUSFUHR	48.833	61.632	70.161	81.050	68.515	52.188	37.220	30.967

* 2020 aus EU ausgetreten, (Quelle: Eurostat)

Kapitel 4 Fallstatistiken

Vorkommen von anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2021

Homeier-Bachmann, T.

Anzeigepflichtige Tierseuchen

Einführung

Die Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen umfasste im Berichtszeitraum 2021 insgesamt 54 Tierseuchen (Verkündigungsstand 31. März 2020), wovon 22 noch nie in Deutschland aufgetreten sind. Im Jahr 2021 wurden Neuausbrüche von 19 anzeigepflichtigen Tierseuchen in TSN dokumentiert (Tabellen 1 und 2).

Die Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen hat gegenüber den Vorjahren deutlich abgenommen. Bei der Zahl der BVD-Ausbrüche setzt sich der Abwärtstrend fort, wenn auch in abgeschwächter Form. Das bereits im Herbst 2020 begonnene Geflügelpestgeschehen setzte sich bis in den Sommer hinein fort. Nach lediglich zwei ausbruchsfreien Monaten kam es ab Oktober 2021 erneut zu Fällen von hochpathogenem aviären Influenzavirus beim Geflügel und Wildvögeln.

Es fanden sich keine Hinweise, welche auf das Vorkommen des Erregers der klassischen Schweinepest schließen ließen, wohingegen sich das Ausbruchsgeschehen der afrikanischen Schweinepest seit dem erstmaligen Auftreten im September 2020 über den gesamten Berichtszeitraum hinweg fortsetzte. Betroffen waren Brandenburg und Sachsen entlang der polnischen Grenze sowie Mecklenburg-Vorpommern.

Insgesamt wurden 17 Fledermaustollwutinfektionen in fünf Bundesländern bestätigt. In vier Bundesländern wurden fünf Ausbrüche der atypischen Scrapie amtlich festgestellt. Zudem wurde in Bayern ein Fall von atypischer BSE (L-Typ) bei einer Milchkuh fest-

gestellt. Das West-Nil-Virus wurde in 42 Tierhaltungen (25 Vogel- und 17 Einhuferhaltungen) in fünf Bundesländern diagnostiziert.

Aviäre Influenza

Im Jahr 2021 wurden im Rahmen des routinemäßigen Wildvogel- und Geflügelmonitorings 631 Geflügelhaltungen und 6.551 Wildvögel (aktive Überwachung) untersucht.

a) Hochpathogene aviäre Influenza (HPAI)

Infektionen mit hochpathogenen aviären Influenzaviren (Subtypen H5N1 und H5N8) wurden sowohl bei Wildvögeln als auch bei gehaltenen Vögeln in Deutschland 2021 in erheblichem Umfang nachgewiesen. Es wurde ein zweigipfliges Geschehen beobachtet, wobei bis April 2021 HPAIV H5N8 dominierte, dann aber durch HPAIV H5N1 verdrängt wurde. Dieser Subtyp ist ab Oktober für alle Wildvogelfälle und Ausbrüche bei Geflügel verantwortlich. Ähnlich massive Ausbruchsgeschehen wurden 2021 auch aus anderen europäischen Ländern berichtet. Im Unterschied zu früheren Jahren konnten HPAIV bei Wildvögeln vor allem im nördlichen Europa in geringer Inzidenz auch über die Sommermonate nachgewiesen werden. Für das aufflackernde Infektionsgeschehen ab Oktober 2021 in Deutschland werden zusätzlich neuerliche Viruseinträge mit migrierenden Wildvögeln verantwortlich gemacht.

Insgesamt 282 Bestände gehaltener Vögel waren von HPAIV Infektionen betroffen, davon 228 von H5N8 und 54 durch H5N1.

b) Niedrigpathogene aviäre Influenza (NPAI)

Anzeigepflichtige Infektionen mit aviären Influenzaviren niedriger Pathogenität (H5N1 (2), H5N3 (1) und H7N7 (1)) wurden in Deutschland 2021 in vier Haltungen detektiert.

Afrikanische und klassische Schweinepest

Entsprechend der Schweinepest-Monitoring-Verordnung zur Früherkennung der afrikanischen und klassischen Schweinepest wurden im Jahr 2021 66.866 (Vorjahr: 61.769) gesund erlegte Wildschweine serologisch sowie 2.987 (Vorjahr: 2.506) verendet aufgefundene und 683 (Vorjahr: 648) krank erlegte Wildschweine virologisch mit negativem Ergebnis auf klassische Schweinepest untersucht. Ebenfalls mit negativem Ergebnis wurden 37.392 (Vorjahr: 39.014) Hausschweine auf klassische Schweinepest untersucht.

Virologisch auf afrikanische Schweinepest (ASP) wurden 104.062 (Vorjahr: 65.716) gesund erlegte, 5.258 (Vorjahr: 3.119) verendet aufgefundene sowie 768 (Vorjahr: 726) krank erlegte sowie 4.186 verunfallte und 1.054 Wildschweine ohne detaillierte Angaben untersucht. Von diesen Tieren waren 348 der gesund erlegten, 2.163 der verendet aufgefundenen, 88 der krank erlegten, 15 der verunfallten sowie eines der Tiere ohne detaillierte Angaben in der virologischen Untersuchung positiv für das Virus der ASP. Der erste ASP-Nachweis erfolgte im September 2020 in Brandenburg unweit der Grenze zur Republik Polen, im weiteren Verlauf traten dann ab Oktober 2020 auch Fälle im Freistaat Sachsen auf. Das Geschehen setzt sich über den gesamten Berichtszeitraum fort, ab November 2021 traten auch in Mecklenburg-Vorpommern Fälle im Wild- (n= 7) und Hausschwein (n= 1) auf.

West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd

Nachdem es im Jahr 2018 erstmals zu Fällen von West-Nil-Virus Infektion bei Vogel und Pferd kam und der Erreger sich in den Folgejahren erfolgreich ausbreitete, konnten im Jahr 2021 in insgesamt 42

Tierhaltungen Nachweise geführt werden. Insgesamt waren 39 Vögel und 20 Pferde in fünf Bundesländern (Berlin (14 Haltungen), Brandenburg (15 Haltungen), Sachsen (4 Haltungen), Sachsen-Anhalt (8 Haltungen) und Thüringen (1 Haltung) betroffen.

BHV1-Infektion

Mit dem Durchführungsbeschluss (EU) 2017/888 der Kommission vom 22. Mai 2017 wurde die Bundesrepublik Deutschland insgesamt der Status „frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis“ zuerkannt. Im Jahr 2021 wurde dennoch in 14 Fällen in Nordrhein-Westfalen (n= 12), Niedersachsen und Mecklenburg-Vorpommern (jeweils n= 1) der Ausbruch und in weiteren 16 Fällen der Verdacht (Nordrhein-Westfalen (n= 12), Niedersachsen und Mecklenburg-Vorpommern (jeweils n= 2)) amtlich festgestellt.

Tollwut

Zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status gemäß den OIE-Kriterien wurden im Jahr 2021 bundesweit insgesamt 5.201 Tiere (davon 3.165 Füchse) mit negativem Ergebnis auf Tollwut (Rabies Virus, RABV) getestet.

Daneben wurden insgesamt 17 Fledermaustollwutfälle aus den Bundesländern Niedersachsen (n= 12), Nordrhein-Westfalen (n= 2), Brandenburg (n= 1), Bremen (n=1) und Hamburg (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 2021 19.312 Schafe (Vorjahr: 19.074) und 2.289 Ziegen getestet (Vorjahr: 1.895). Es wurden im Jahr fünf Ausbrüche atypischer Scrapie in vier Bundesländern amtlich festgestellt (Baden-Württemberg (n=2), Bayern, Brandenburg und Rheinland-Pfalz (jeweils n= 1)).

*Bovine Spongiforme Enzephalopathie beim Rind
(BSE)*

Basierend auf der Untersuchung von 177.159 Rindern (Vorjahr: 168.353) gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurde im Jahr 2021 ein atypischer Fall von BSE (L-Typ) bei einer Milchkuh in Bayern diagnostiziert.

Tabelle 1: Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen in den Jahren 2012 bis 2021 gemäß TSN (Stand: 28.11.2022)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
Afrikanische Schweinepest	-	-	-	-	-	-	-	-	403	2.724
Amerikanische Faulbrut	268	229	266	150	174	159	136	203	162	91
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	12	-	2	5	-	14	1	-	1	-
Aujeszkysche Krankheit*	-	-	1	3	2	4	5	1	-	-
Blauzungkrankheit	-	-	-	-	-	-	1	59	2	1
Bovine Herpesvirus Typ-1-Infektion (alle Formen)	26	14	19	22	20	14	10	2	2	14
Bovine Virus Diarrhoe	4.395	2.222	1.068	562	338	142	129	97	65	29
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	-	-	1	4	1	3	1	2	-	5
Enzootische Leukose der Rinder	3	2	-	-	-	-	-	-	-	-
Geflügelpest (HPAI)	-	-	3	4	613	738	5	-	543	1.587
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	6	5	16	21	5	5	10	20	32	81
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	73	70	49	68	60	158	94	51	51	45
Milzbrand	1	-	1	-	-	-	-	-	-	2
Newcastle Krankheit	-	1	-	-	-	-	-	-	-	2
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	3	10	2	3	11	3	-	1	2	4
Rauschbrand	10	6	6	3	7	9	6	2	3	4
Salmonellose der Rinder	102	77	70	66	101	109	98	131	93	74
Tollwut	14	10	7	13	23	15	17	8	7	17
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)	8	7	13	11	5	5	4	4	14	6
Tuberkulose der Rinder (<i>Mykobakterium bovis</i> und <i>Mykobakterium caprae</i>)	23	46	13	12	2	3	6	3	10	9
Vibriboseuche der Rinder	3	3	2	2	-	-	1	-	-	-
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	12	12	19	24	27	32	35	12	6	14
West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd	-	-	-	-	-	-	12	90	82	42

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

Tabelle 2: Monatliche Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen im Jahr 2021 gemäß TSN (Stand:28.11.2022)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Ges
Afrikanische Schweinepest	201	147	166	181	127	241	322	256	258	245	319	261	2.724
Amerikanische Faulbrut		1	3	13	15	13	10	15	8	8	1	4	91
Blauzungkrankheit		1											1
Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)			1		4	2	2	2		1	1	1	14
Bovine Virus Diarrhoe	2	4	4	2		1	3	2	3	3	3	2	29
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen		1	3							1			5
Geflügelpest (HPAI)	100	110	610	196	62	6	4	0	0	45	261	193	1.587
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	4		1	1	8	29	3	1	11	16	4	3	81
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen		1	1		1	3	11	19	4	3	1	1	45
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel			1								1	2	4
Milzbrand								1			1		2
Newcastle Krankheit			1	1									2
Rauschbrand					1		1	1				1	4
Salmonellose der Rinder	2	5	7	3	1	3	9	11	10	8	7	8	74
Tollwut			2		1	2	1	4	1	1	3	2	17
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)		1	2	1			1			1			6
Tuberkulose der Rinder (<i>Mykobakterium bovis</i> und <i>Mykobakterium caprae</i>)		1	1	1	1	1			2	1	1		9
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	1		1	1	3	2	1			1		4	14
West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd				2			2	12	18	3	4	1	42

Meldepflichtige Tierkrankheiten

Einführung

Gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (Verkündigungsstand 08. Juli 2020) unterlag im Jahr 2021 der diagnostische Nachweis von 26 Tierkrankheiten durch die untersuchenden Ein-

richtungen 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 2016 gemäß TSN (Stand: 28.11.2022)

Meldepflichtige Tierkrankheit	2017	2018	2019	2020	2021
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	45	25	32	43	46
Bornavirus-Infektionen der Säugetiere*				3	12
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	881	965	858	1.218	1.901
Chlamydiose	150	179	158	158	141
Echinokokkose	265	121	230	95	141
Equine Virus-Arteritis	7	8	6	38	4
Gumboro Krankheit	3	6	4	11	1
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	49	32	36	44	33
Leptospirose	102	75	64	80	76
Listeriose (<i>Listeria monocytogenes</i>)	197	153	128	154	155
Maedi/Visna	60	45	49	58	61
Mareksche Krankheit (akute Form)	74	58	65	91	129
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	10	2	7	7	9
Paratuberkulose	484	466	333	359	371
Q-Fieber	146	174	189	193	134
Salmonellose (<i>Salmonella</i> spp außer Rind)	1.838	2.058	2.133	1.894	1.911
SARS-CoV-2-Infektion bei Haustieren*				4	13
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	7	9	30	22	10
Schmallenberg-Virus-Infektion	73	21	34	46	45
Toxoplasmose	14	11	31	41	67
Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines	2	0	0	0	0
Tuberkulose ausgenommen <i>Mycobacterium bovis</i> und <i>Mycobacterium caprae</i> bei Rindern	114	99	99	112	96
Tularämie	55	75	208	146	155
Verotoxin (=Shiga-Toxin)-bildende <i>Escherichia coli</i>	142	155	132	76	128
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	29	30	14	17	12

*Meldepflicht 2020 neu- oder wieder eingeführt

Kapitel 5 Beiträge zu anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten

1. Afrikanische Schweinepest - African swine fever

Blome, S., Staubach, C., Schulz, K., Sauter-Louis, C.

Summary

African swine fever (ASF) has recently become a panzootic threat to domestic and wild suids. In 2021, ASF emerged in the Dominican Republic and Haiti and is now affecting multiple countries across Asia, the Caribbean, Europe, and the Pacific.

In Germany, ASF affected wild boar in Brandenburg, Saxony, and Mecklenburg Western Pomerania. By the end of the year, 2715 cases in wild boar were officially reported. Moreover, four outbreaks occurred in domestic pigs, three in Brandenburg, one in Mecklenburg Western Pomerania. The viral variants observed upon introduction into Germany were further followed and used for genomic epidemiology.

Zusammenfassung

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) hat sich in letzter Zeit zu einer panzootischen Bedrohung für Haus- und Wildschweine entwickelt. Im Jahr 2021 trat die ASP in der Dominikanischen Republik und in Haiti auf und betrifft nun mehrere Länder in Asien, der Karibik, Europa und dem pazifischen Raum.

In Deutschland hat die ASP Wildschweine in Brandenburg, Sachsen und Mecklenburg-Vorpommern betroffen. Bis Ende des Jahres wurden 2.715 Fälle bei Wildschweinen offiziell gemeldet. Darüber hinaus gab es vier Ausbrüche bei Hausschweinen, drei in Brandenburg und einen in Mecklenburg-Vorpommern. Die bei der Einschleppung in Deutschland beobachteten Virusvarianten wurden weiter verfolgt und für die genomische Epidemiologie genutzt.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Routineuntersuchungen zur Afrikanischen Schweinepest werden inzwischen von den veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen in den Bundesländern durchgeführt. Das NRL wird bei Verdachtsfällen und Nachweisen sowie abklärungspflichtigen Sachverhalten hinzugezogen. Die eingesetzten Methoden sind in der Amtlichen Methodensammlung aufgeführt und entsprechen den Empfehlungen des EU Referenzlabors. Die kommerziellen Kits zur Genom- und Antikörperdetektion bedürfen der amtlichen Zulassung.

Über die Routinemethoden hinaus, wurden in den vergangenen Jahren am NRL pragmatische Beprobungs- und Untersuchungsverfahren getestet. Nach den Validierungsarbeiten wurden Blututpfer für die passive Surveillance in die Amtliche Methodensammlung aufgenommen. Das Verfahren hat sich inzwischen auch im Routinefeld Einsatz bewährt. Die serologische Diagnostik gewann durch das anhaltende Seuchengeschehen an Bedeutung.

Statistische Angaben

Die Untersuchungen zur ASP werden in der gemeinsamen Datenbank der EU Referenzlaboratorien über die epidemiologische Situation der klassischen- und afrikanischen Schweinepest bei Wildschweinen erfasst, die durch das Institut für Epidemiologie am FLI betreut wird.

Im Rahmen der passiven Surveillance wurden 2021 3.586 Wildschweine aus Restriktionszonen und 5.111 Wildschweine aus den freien Gebieten mittels Polymerasekettenreaktion (PCR) auf das Virus der ASP (ASPV) untersucht. Dazu kamen insgesamt 53.080 Proben aus der aktiven Surveillance, wobei auf die

Restriktionszonen 23.499 Proben entfielen. Die aktive Surveillance (inklusive Fallenfang) aus den Restriktionszonen führte zur Feststellung von 347 Fällen. Für die Früherkennung der ASP kommt somit der passiven Surveillance nach wie vor die größte Bedeutung zu.

Epidemiologische Untersuchungen

Der erste Fall von ASP bei einem Wildschwein in Deutschland wurde am 10. September 2020 in einer Entfernung von etwa 6 km zur polnischen Grenze bestätigt. Nur drei Wochen später wurde 60 km nördlich des ersten Falles ein ASP-positives Wildschwein gefunden, ebenfalls in der Nähe der deutsch-polnischen Grenze. Einen Monat später (31. Oktober 2020) wurde ein infiziertes Wildschwein etwa 60 km südlich des ersten Falles entdeckt (Sauter-Louis et al., 2021).

Im Jahr 2021 wurden weitere ASP-Fälle in Brandenburg und Sachsen entlang der Grenze zu Polen festgestellt. Im Oktober 2021 trat das Virus jedoch auch ca. 60 km westlich des ursprünglichen Seuchengeschehens in Sachsen auf, was auf eine Übertragung durch den Menschen hindeutet.

Im Juli 2021 musste Brandenburg drei ASP-Ausbrüche in Hausschweinbetrieben melden. Zwei davon traten in kleinen Hinterhofbetrieben mit weniger als 10 Schweinen auf und einer in einem ökologischen Zuchtbetrieb.

Ohne dass zuvor ASP-Fälle bei Wildschweinen festgestellt worden waren, musste das Bundesland Mecklenburg-Vorpommern im November 2021 einen ASP-Ausbruch in einem Mastbetrieb mit ca. 4.000 Schweinen melden. Nur wenige Tage später traten ca. 50 km südlich des Hausschweineausbruchs (noch in Mecklenburg-Vorpommern) Wildschweinfälle auf. Zu den Bekämpfungsmaßnahmen gehören die Einrichtung von Restriktionszonen (inkl. Kernzonen), die intensive Suche nach Kadavern mit Menschen, Drohnen und ausgebildeten Hunden sowie die Einzäunung, um eine weitere Ausbreitung der Seuche zu verhindern.

An der Grenze zu Polen wurde eine doppelt gezäunte Schutzzone eingerichtet, in der die Depopulation des Schwarzwilds durch jagdliche Maßnahmen und Fallenfang angestrebt wird.

Virusvarianten zeigen eine räumliche Verteilung

Im Rahmen der erweiterten Ausbruchsdagnostik wurden am Referenzlabor die am Ausbruchsgeschehen beteiligten Virusstämme charakterisiert. Alle deutschen Virusstämme gehören zum p72 Genotyp II und sind mit anderen Stämmen der aktuellen Pandemie eng verwandt. Überraschenderweise wurde dennoch eine vergleichsweise hohe genetische Variabilität beobachtet, die mit einer Veränderung der sogenannten Polymerase X in Verbindung gebracht werden kann. Bis dato wurden zehn Virusvarianten in fünf Linien charakterisiert. Die Varianten lassen sich mittels Sanger-Sequenzierung nachvollziehen und zeigen eine sehr deutliche räumliche Häufung. Die genetischen Marker konnten dazu genutzt werden, die Ausbrüche in Hausschweinen mit dem Seuchengeschehen im lokalen Schwarzwild in Verbindung zu bringen (Forth et al., 2022).

Forschung

Das NRL-ASP ist in diverse haus- und drittmittelgeförderte Forschungsprojekte eingebunden und aktives Mitglied der *Global African swine fever Research Alliance* (GARA). Forschungsschwerpunkte sind derzeit die Ableitung von Schutzkorrelaten nach Impfung und überstandener Infektion, das Verständnis pathogenetischer Mechanismen und die Optimierung von pragmatischen Diagnoseverfahren.

Staatliche Maßnahmen

Die Afrikanische Schweinepest ist eine anzeigepflichtige Tierseuche, die in Deutschland nach Maßgabe der Verordnung zum Schutz gegen die Schweinepest und die Afrikanische Schweinepest (Schweinepestverordnung) bekämpft wird. Auf EU-Ebene bildet die Durchführungsverordnung (EU) 2021/605

zur Festlegung besonderer Maßnahmen zur Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest den rechtlichen Rahmen.

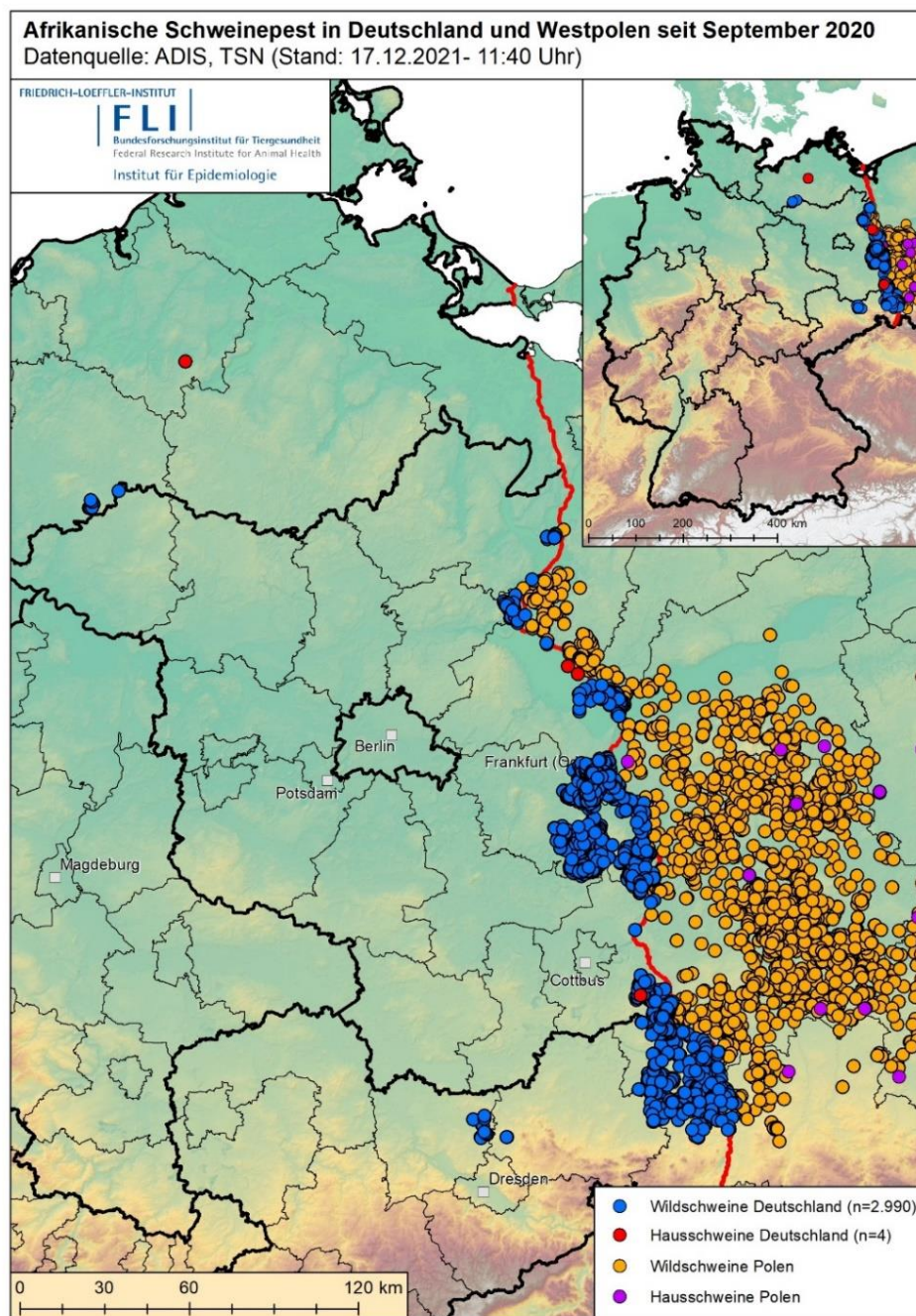


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2021 angezeigten Fälle der ASP in Deutschland (Stichtag: 12.12.2021)

Literaturhinweise:

Sauter-Louis C, Schulz K, Richter M, Staubach C, Mettenleiter TC, Conraths FJ. African swine fever: Why the situation in Germany is not comparable to that in the Czech Republic or Belgium. *Transbound Emerg Dis.* 2021 Jul 10. doi: 10.1111/tbed.14231. Epub ahead of print. PMID: 34247453.

Forth JH, Calvelage S, Fischer M, Hellert J, Sehl-Ewert J, Roszyk H, Deutschmann P, Reichold A, Lange M, Thulke HH, Sauter-Louis C, Höper D, Mandyhra S, Sapachova M, Beer M, Blome S. African swine fever virus - variants on the rise. *Emerg Microbes Infect.* 2022 Nov 10:1-57. doi: 10.1080/22221751.2022.2146537. Epub ahead of print. PMID: 36356059.

2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen - American foulbrood

Schäfer, M. O.

Summary

With 91 affected apiaries the number of outbreaks of American foulbrood (AFB) in Germany in 2021 was below the average over the last 25 years (\bar{x} = 253). 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 2021 mit 91 betroffenen Bienenständen unter dem Durchschnitt der letzten 25 Jahre (\bar{x} = 253; die Daten sind ab 1995 in TSN verfügbar). Der Erreger, *Paenibacillus larvae*, wird mit mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden nachgewiesen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchungen auf AFB werden in den einzelnen Bundesländern von veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. von 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, auf der Webseite des Referenzlabors für Bienengesundheit der Europäischen Union (EURL) und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ der OIE aufgeführt.

Statistische Angaben

In Deutschland werden von ca. 152.000 Imkern ca. 1.018.000 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 91 Neuausbrüchen im Jahr 2021 niedriger als im Vorjahr (Tab. 1). Der Durchschnitt der letzten 25 Jahre liegt aktuell bei 253 gemeldeten Ausbrüchen.

Staatliche Maßnahmen

Die Amerikanische Faulbrut ist eine anzeigepflichtige Tierseuche nach der Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 9. März 2016 zu Tierseuchen und zur Änderung und Aufhebung einiger Rechtsakte im Bereich Tiergesundheit („Tiergesundheitsrecht“) und allen spezifischen Rechtsvorschriften, die entsprechend dieser Verordnung erlassen wurden. 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 nach der Infektion 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 und werden diese nicht bemerkt und nicht ausgeräumt, wird in diesen 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 1998 (TSN, Stichtag: 16.05.2022)

Jahr	Bienenstände	Jahr	Bienenstände
1998	480	2010	193
1999	419	2011	207
2000	445	2012	268
2001	287	2013	229
2002	398	2014	266
2003	268	2015	150
2004	260	2016	174
2005	309	2017	159
2006	174	2018	136
2007	257	2019	203
2008	150	2020	162
2009	164	2021	91

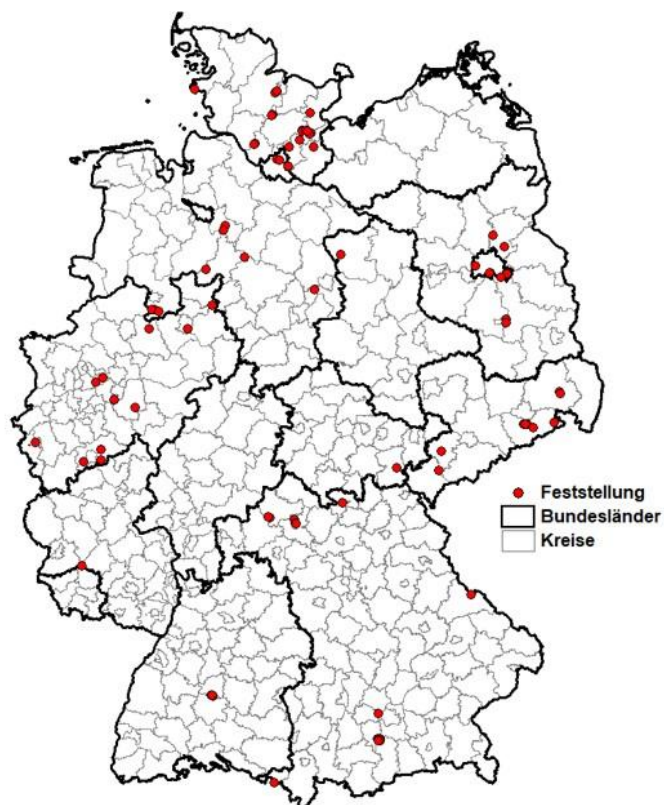


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2021 angezeigten Neuausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen (TSN; Stichtag: 07.11.2022)

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

Harder, T.

Summary

Infections with highly pathogenic avian influenza viruses (HPAIV, subtypes H5N1 and H5N8) were detected to a considerable extent in both wild and farmed birds in Germany in 2021. A bipartite development was observed, with HPAIV H5N8 dominating until April 2021, but then being gradually displaced by HPAIV H5N1. The latter subtype is responsible for all wild bird cases and outbreaks in poultry from October onwards. Similar massive outbreaks were also reported in other European countries in 2021. In contrast to previous years, HPAIV could be detected in wild birds, especially in northern Europe, at low incidence during the summer months. The flare-up of infection in Germany from October 2021 onwards is additionally attributed to recent virus introductions with migrating wild birds.

A total of 282 flocks of kept birds were affected by HPAIV infections, 228 by H5N8 and 54 by H5N1. Notifiable infections with avian influenza viruses of low pathogenicity (LPAIV, H5N1 (2), H5N3 (1) and H7N7 (1)) were detected in four holdings in Germany in 2021.

The massive incursion of HPAIV into the wild bird population is clearly visible in the test material: HP H5N1 (580) and H5N8 (689) were predominantly detected; in addition, some HP samples were not fully differentiated due to low virus loads. LPAIV (H5N1, H5N2, H5N3, H7N3 and H7N7) were also sporadically detected in wild birds. The other subtypes were dominated by H6, H9 and H1.

Zusammenfassung

Infektionen mit hochpathogenen aviären Influenzaviren (HPAIV, Subtypen H5N1 und H5N8) wurden sowohl bei Wildvögeln als auch bei gehaltenen Vögeln in Deutschland 2021 in erheblichem Umfang

nachgewiesen. Es wurde ein zweigipfliges Geschehen beobachtet, wobei bis April 2021 HPAIV H5N8 dominierte, dann aber durch HPAIV H5N1 verdrängt wurde. Dieser Subtyp ist ab Oktober für alle Wildvogelfälle und Ausbrüche bei Geflügel verantwortlich. Ähnlich massive Ausbruchsgeschehen wurden 2021 auch aus anderen europäischen Ländern berichtet. Im Unterschied zu früheren Jahren konnten HPAIV bei Wildvögeln vor allem im nördlichen in Europa in geringer Inzidenz auch über die Sommermonate nachgewiesen werden. Für das aufflackernde Infektionsgeschehen ab Oktober 2021 in Deutschland werden zusätzlich neuerliche Viruseinträge mit migrierenden Wildvögeln verantwortlich gemacht.

Insgesamt 282 Bestände gehaltener Vögel waren von HPAIV Infektionen betroffen, davon 228 von H5N8 und 54 durch H5N1. Anzeigepflichtige Infektionen mit aviären Influenzaviren niedriger Pathogenität (LPAIV, H5N1 (2), H5N3 (1) und H7N7 (1)) wurden in Deutschland 2021 in vier Haltungen detektiert.

Der massive Einbruch von HPAIV in die Wildvogelpopulation ist im Untersuchungsgut deutlich sichtbar: HP H5N1 (580) und H5N8 (689) wurden ganz überwiegend detektiert; hinzukommen einige aufgrund geringer Viruslasten nicht vollständig ausdifferenzierte HP Proben. Auch LPAIV (H5N1, H5N2, H5N3, H7N3 und H7N7) wurden sporadisch in Wildvögeln nachgewiesen. Bei den übrigen Subtypen dominierten H6, H9 und H1.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen bezüglich aviärer Influenza werden in den einzelnen Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern, jedoch auch von Privatlaboren im Bereich der Geflügelwirtschaft im Rahmen sogenannter Eigenkontrollen als Teil einer aktiven Surveillance durchgeführt. Das 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 Tiergesundheitsrechtsakts in der geltenden Version bzw. folgen den spezifischen Empfehlungen des Europäischen Referenzlabors für aviäre Influenza, Padua, Italien. Kommerzielle Testkits bedürfen der Zulassung durch das FLI. Eine Liste der für AI zugelassenen Kits sowie gültiger Chargen 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 staatlicherseits 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 in enger Kooperation mit den Bundesländern. Die Auswahl einzelner Geflügelbestände sowie die initiale Untersuchung der Proben obliegt den Bundesländern. Die ermittelten Daten werden im Nationalen Referenzlabor (NRL) am FLI gesammelt und in aggregierter Form (Geflügelmonitoring) bzw. gesondert für jede Einzelprobe (Wildvogeluntersuchungen) der European Food Safety Agency (EFSA) gemeldet.

Epidemiologische Untersuchungen

Nachweis hochpathogener aviärer Influenza (HPAI) in Geflügel in Deutschland, 2021

Das Jahr 2021 war durch ein fortlaufendes Ausbruchsgeschehen von HPAI Viren aus der asiatischen goose/Guangdong (gs/GD) Linie gekennzeichnet. Zu Jahresbeginn wurde eine hohe Anzahl von HPAIV H5N8 infizierten Wildvögeln beobachtet. Vor allem waren Wildgansarten im Bereich des Wattenmeeres betroffen. Darüber hinaus breiteten sich Ausbrüche auch in Geflügelhaltungen unterschiedlicher Größe aus, wobei zunächst primäre Einschleppungen über Wildvogelkontakte überwogen. Die vergleichsweise hohe Zahl positiv befundeter Geflügelhaltungen geht 2021 allerdings vor allem auf eine Übertragungskette des HPAIV H5N8 zurück, die von einem ambulanten Geflügelhändler aus Nordrhein-Westfalen durch den Verkauf (unerkannt) HPAIV-infizierter Junghennen ausgelöst wurde. Von den Folgeausbrüchen waren vor allem Klein- und Hobbyhaltungen in Baden-Württemberg und Thüringen betroffen. Massive Ausbruchsgeschehen in kommerziellen Geflügelhaltungen wurden auch in verschiedenen europäischen Nachbarländern, insbesondere in Polen und Frankreich registriert. Mit Beginn des Frühlings 2021 wurden zunehmend HPAIV des Subtyps H5N1 bei Wildvögeln und vereinzelt auch bereits in Geflügelhaltungen detektiert. Die Intensität der Virusnachweise nahm im Sommer drastisch ab. Von Oktober an kam es dann in Deutschland zu einem neuerlichen Aufflackern von HPAIV Infektionen bei Wildvögeln vornehmlich im schleswig-holsteinischen Wattenmeer, wobei ausschließlich HPAI Viren des Subtyps H5N1 der gs/GD Linie angetroffen wurden. Phylogenetisch konnten zwei Linien der H5N1 Viren differenziert werden: Eine Linie hatte offenbar in Wildvögeln im Norden Europas übersommert; eine zweite Linie wurde seit Ende Oktober in Wildvögeln, die aus dem Nordosten zuzogen, detektiert (King et al., 2021). Viren der ersten Linie wurden Ende 2021 auch in Wildvögeln in der kanadischen Provinz

Newfoundland nachgewiesen, so dass von einer transatlantischen Ausbreitung dieser Viruslinie im Sommer 2021 ausgegangen werden muss.

Im weiteren Verlauf der Wildvogelepidemie im Herbst und Winter 2021 kam es dann auch zu neuerlichen Viruseinträgen in Geflügelhaltungen und Zoos. Insgesamt waren bis Jahresende 282 Haltungen betroffen (Tabelle 1). Hierbei entfielen 228 in der ersten Jahreshälfte auf den Subtyp H5N8 und 54,

vornehmlich seit Oktober 2021, auf den Subtyp H5N1.

Im Zuge des erweiterten Monitorings von Geflügelhaltungen wurden 2021 auch vier Bestände identifiziert, die mit anzeigepflichtigen LPAIV der Subtypen H5N1 (2), H5N3 (1) und H7N3 (1) infiziert waren. Die LP H5N1 Viren, sofern sie sequenziert werden konnten, wiesen keinerlei Verwandtschaft zu den HPAIV gleichen Subtyps auf.

Tabelle 1: Virologischer Nachweis von AI Infektionen in Beständen gehaltener Vögel in Deutschland, 2021

Bundesland	Influenzavirus	Pathotyp	Anzahl Bestände
Anzeigepflichtige HP			
Baden-Württemberg	H5N8	HP	65
Bayern	H5N8	HP	12
	H5N1	HP	2
Berlin	H5N8	HP	1
Brandenburg	H5N8	HP	9
	H5N1	HP	4
Bremen	H5N8	HP	1
Hamburg	H5N8	HP	0
Hessen	H5N8	HP	1
Mecklenburg-Vorpommern	H5N8	HP	21
	H5N1	HP	6
Niedersachsen	H5N8	HP	52
	H5N1	HP	28
Nordrhein-Westfalen	H5N8	HP	18
	H5N1	HP	4
Rheinland-Pfalz	H5N8	HP	1
	H5N1	HP	1
Saarland	H5N8	HP	1
Sachsen	H5N8	HP	6
Sachsen-Anhalt	H5N8	HP	2
	H5N1	HP	1
Schleswig-Holstein	H5N8	HP	3
	H5N1	HP	5
Thüringen	H5N8	HP	35
	H5N1	HP	3
Gesamt			282

Tabelle 1: (Forts.): Virologischer Nachweis von AI Infektionen in Beständen gehaltener Vögel in Deutschland, 2021

Bundesland	Influenzavirus	Pathotyp	Anzahl Bestände
Anzeigepflichtige LP			
Mecklenburg-Vorpommern	H7N3	LP	1
Niedersachsen	H5N1	LP	2
Niedersachsen	H5N3	LP	1
Gesamt			4
Nicht anzeigepflichtig			
Brandenburg	H6N1		2
Niedersachsen	H1N1		7
Niedersachsen	H1N2		1
Niedersachsen	H6N2		2
Nordrhein-Westfalen	HxN9		1
Nordrhein-Westfalen	HxN2		1
Gesamt			14

HP - hochpathogen; LP - niedrigpathogen (low pathogenic); Quelle: TSN

Insgesamt 14 nicht anzeigepflichtige AIV Infektionen wurden bei gehaltenen Vögeln 2021 nachgewiesen (Tabelle 1). Das Spektrum detektierter AIV Subtypen ist umfangreich, wobei jedoch der Subtyp H6 hervorsteicht. Das aktive serologische Monitoring (Tabelle 2) spiegelt die massive HPAI Aktivität nur sehr bedingt wider, da virologische Detektionsmethoden

in der Bekämpfung von HPAIV Ausbrüchen im Vordergrund stehen (Tabelle 1). Bei 22 von 631 (3,5%, Vorjahr 2,7%) der serologisch untersuchten Geflügelhaltungen wurden seropositive Tiere (non-H5, non-H7) nachgewiesen. In Bezug auf den Subtyp H5 wurden 5 Bestände positiv getestet (Tabelle 2). Ein untersuchter Bestand wies H7-spezifische Antikörper auf.

Tabelle 2: Umfang und Ergebnisse des Seromonitoring in Geflügelbeständen in Deutschland, 2021

Bundesland	Haltungen, seronegativ	Haltungen, seropositiv		
		Non H5/H7	H5	H7
Brandenburg	32 (38)	0	0	0
Berlin	n. a.	n. a.	n. a.	n. a.
Baden-Württemberg	36 (33)	2	0	0
Bayern	53 (60)	5	0	0
Bremen	3	2	1	0
Hessen	15 (12)	0	0	0
Hamburg	2 (1)	0	0	0
Mecklenburg- Vorpommern	23 (23)	0	0	1
Niedersachsen	228 (213)	8	2	0
Nordrhein-Westfalen	85 (74)	0	0	0
Rheinland-Pfalz	10 (5)	0	0	0
Schleswig-Holstein	37 (29)	5	1	0
Saarland	5 (7)	0	0	0
Sachsen	33 (37)	0	1	0
Sachsen-Anhalt	53 (57)	0	0	0
Thüringen	16 (13)	0	0	0
Gesamt	631 (602)	22	5	1

Quelle: Bundesländer

n. a. - nicht anwendbar, keine Untersuchungen durchgeführt

Monitoring von Wildvögeln in Deutschland, 2021

Auch in 2021 waren Wildvögel wieder massiv von HPAIV Infektionen betroffen. Im Jahr 2021 wurden in Deutschland 15.556 Wildvögel (Vorjahre: 7.489, 4.918) auf AIV Infektionen untersucht (Tabelle 3A). Gegenüber dem Vorjahr sind die Untersuchungszahlen aufgrund der neuerlichen epizootischen HPAI Virusaktivität 2021 weiter stark gestiegen. Tabelle 3B zeigt, dass vor allem in den kalten Monaten mit starker Virusaktivität hohe Untersuchungszahlen resultieren. Kofinanzierungsfähig durch die EU bleiben

Untersuchungen im Rahmen der passiven Surveillance. Diese belaufen sich auf n=7.745 (Tabelle 3A). Gegenüber 3.159 Proben im Vorjahr bedeutet dies mehr als eine Verdoppelung, die im Wesentlichen durch die hohe Anzahl von Totfunden im Wattenmeer im November und Dezember begründet ist. In Relation zur Gesamtzahl untersuchter Proben nahm der Anteil des passiven Monitorings von 42,2% auf 49,7% leicht zu.

Tabelle 3: Untersuchungsumfang in Bezug auf aviäre Influenzaviren bei Wildvögeln in den Bundesländern Deutschlands, 2021

A. Zustand des beprobten Vogels

Bundesland	Passives Monitoring						Aktives Monitoring		Bilanz		
	frisch tot gefunden	länger tot gefunden	tot, Tierfraß	tot, skelletiert	krank erlegt	krank	lebend	erlegt	Gesamt Aktiv	Gesamt Passiv	Gesamt total
Baden-Württemberg	444	236	31	0	24	7	642	132	774	742	1.516
Bayern	577	214	11	12	8	0	3	228	231	822	1.053
Berlin	157	2	0	0	2	0	0	0	0	161	161
Brandenburg	473	11	9	2	2	0	116	114	230	497	727
Bremen	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hamburg	239	109	3	0	6	0	809	1	810	357	1.167
Hessen	385	0	0	0	0	0	1.563	0	1.563	385	1.948
Mecklenburg-Vorpommern	484	48	0	1	3	0	89	116	205	536	741
Niedersachsen	799	28	16	1	11	39	534	299	833	894	1.727
Nordrhein-Westfalen	82	594	0	0	8	4	415	312	727	688	1.415
Rheinland-Pfalz	50	12	0	1	0	0	4	0	4	63	67
Saarland	7	3	0	0	0	0	1	0	1	10	11
Sachsen	516	0	0	0	0	0	1	22	23	516	539
Sachsen-Anhalt	99	59	22	4	9	2	37	1	38	205	243
Schleswig-Holstein	1.529	8	2	0	13	12	2.199	127	2.326	1.564	3.890
Thüringen	295	2	0	1	7	0	13	33	46	305	351
Gesamt	6.136	1.326	94	22	93	64	6.426	1.385	7.811	7.745	15.556

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

B. Zeitpunkt der Probenahme

Bundesland	Untersuchungsmonat												Gesamt
	Jan	Feb	Mar	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	
Baden-Württemberg	163	150	183	207	105	149	20	31	91	106	131	180	1.516
Bayern	77	206	274	151	40	12	20	20	21	75	84	73	1.053
Berlin	6	12	62	29	12	4	5	10	7	8	4	2	161
Brandenburg	60	177	179	32	13	6	6	2	94	6	131	21	727
Bremen	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hamburg	68	179	137	143	162	90	25	13	14	31	206	99	1.167
Hessen	186	143	224	171	59	164	184	175	141	187	127	187	1.948
Mecklenburg-Vorpommern	56	267	173	32	8	2	5	4	0	13	146	35	741
Niedersachsen	113	216	257	151	63	172	19	40	142	123	328	103	1.727
Nordrhein-Westfalen	262	72	225	122	53	35	50	38	14	169	145	230	1.415
Rheinland-Pfalz	1	3	5	6	3	5	0	0	1	2	33	8	67
Saarland	0	0	0	0	0	0	0	1	4	1	0	5	11
Sachsen	48	98	148	61	15	16	13	17	35	27	31	30	539
Sachsen-Anhalt	30	52	75	15	12	2	3	4	4	14	17	15	243
Schleswig-Holstein	641	557	1.234	174	89	38	32	32	42	218	483	350	3.890
Thüringen	50	70	98	49	7	15	4	9	4	6	14	25	351
Gesamt	1.761	2.202	3.274	1.343	641	710	386	396	614	986	1.880	1.363	15.556

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

C. Verteilung auf Artengruppen und Beprobungszustand

Vogelart	Passives Monitoring						Aktives Monitoring		Gesamt
	frisch tot gefunden	länger tot gefunden	tot, Tier-fraß	tot, skelle-tiert	krank erlegt	krank	lebend	erlegt	
Schwäne	715	99	22	3	17	7	364	15	1.242
Wildgänse	980	111	17	0	23	10	4.122	276	5.539
Wildenten	759	196	16	5	5	10	699	947	2.637
Greifvögel	1.053	365	10	7	15	14	239	4	1.707
Eulen	183	69	1	0	6	3	124	1	387
Watvögel	415	47	3	1	4	11	310	6	797
Andere	2.032	449	24	6	23	9	568	136	3.247
Gesamt	6.137	1.336	93	22	93	64	6.426	1.385	15.556

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

Im aktiven Monitoring fokussierten die Untersuchungen weiterhin vor allem auf Proben von Wildgänsen (Tabelle 3C). Ein Großteil dieser Proben (mehr als 2.000) wird durch Sammelkot repräsentiert, der im Nationalpark Wattenmeer gesammelt wird und in einer Kooperation des Landeslabors Schleswig-Holstein und des Nationalen Referenzlabors für AI untersucht wurde. Im aktiven Monitoring stehen Untersuchungen aus der Jagdstrecke von Wildenten an zweiter Stelle. Sowohl im Kotprobenmonitoring als auch bei den gesund erlegten Enten aus der Jagdstrecke konnten sporadisch HPAIV H5 Infektionen nachgewiesen werden. Für das passive Monitoring ist auf die hohe Zahl tot aufgefundener Greifvögel hinzuweisen; sofern es sich um aasfressende Arten handelt (z.B. Mäusebussard), sind sie durch Fressen an infizierten Vogelkadavern besonders gefährdet. Arten wie die Wanderfalken, die auf lebende Beute angewiesen sind, fallen ebenfalls häufiger mit HPAIV Infektionen auf; bei dieser im Fortbestand stark gefährdeten Art stellen tödlich verlaufende HPAIV Infektionen eine Bestandbedrohung dar. Wie erstmals 2020 stehen auch 2021 wieder nennenswerte Untersuchungszahlen für Watvögel zu Buche, die nahezu ausschließlich aus dem Wattenmeer stammen. Jedoch wurde zumindest im deutschen Wattenmeer 2021 kein Massensterben dieser Spezies beobachtet.

Das Spektrum subtypspezifisch charakterisierter Proben ist 2021 ähnlich breit wie im Vorjahr (Tabelle 4). Von insgesamt 1.451 im NRL als AIV-positiv bewerteter Wildvogelproben konnten in lediglich 42 Fällen der HA bzw. der NA Subtyp nicht ermittelt werden. Die Einführung und Weiterentwicklung der kategorisierten Subtypisierung mittels RT-qPCR (sog. RITA-2 Test) hat sich bewährt (Hassan et al., 2022). Auch die Pathotypisierung der H5-positiven Proben wurde im Wesentlichen in RT-qPCR-Untersuchungen bestimmt, was einen erheblichen Zeitvorteil gegenüber herkömmlichen Sanger-Sequenzierungen bedeutet. Die Pathotypisierungs-PCR wurde

den aktuell zirkulierenden HPAIV Varianten angepasst.

Die Mehrzahl der non-H5/H7-AIV Nachweise in Wildvögeln rührt wie auch in den Vorjahren von Wildgänsen und -enten her und zeigt ein Spektrum von Subtypen, die häufig in Mitteleuropa bei anseriformen Wildvögeln anzutreffen sind (H6, H9, H1; Tabelle 4). Die erstmals 2019 festgestellten vermehrten Nachweise des Subtyps H12, der erst seit wenigen Jahren zunehmend auch in Mitteleuropa auftritt, scheinen sich weiter zu verstetigen.

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 vorwiegend 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 (aktuell z.B. Ägypten, Bangladesh, Ghana; Island). Publikationen des Jahres 2021 zu diesen Arbeiten sind im Anhang aufgeführt. Hierbei sind auch Arbeiten benannt, die in angrenzenden Gebieten der Influenzaforschung, insbesondere bei der Influenza der Schweine, durchgeführt wurden.

Staatliche Maßnahmen

Maßnahmen zum Schutz vor AI Infektionen sind in der bundesdeutschen Geflügelpestverordnung festgelegt, die derzeit durch eine Bund-Länderkommission bearbeitet wird, um Anpassungen an das neue europäische Tierseuchenrecht vorzunehmen. Das FLI wurde verschiedentlich von der Kommission zu Stellungnahmen zu infektiologischen und epidemiologischen Aspekten aufgefordert.

Zoonosepotential

AIV sind überwiegend wirtsspezifisch und an die Infektion von Vögeln adaptiert. In seltenen Fällen kann es jedoch zu Übertragungen über Speziesgrenzen hinweg kommen, von denen auch der Mensch betroffen sein kann. Zoonotisches Potential ist insbesondere bei den in Asien zirkulierenden HPAIV des Subtyps H5N1 sowie die in China beschriebenen AIV des Subtyps H7N9 deutlich geworden. Allerdings wurden auch menschliche Infektionen mit H9N2 AIV in Asien und Afrika identifiziert. Keine dieser Viruslinien trat zuletzt in Deutschland auf, und hierzu-lande sind bislang keine menschlichen Infektionen mit zoonotischen AIV bekannt geworden. Die spora-

dische Infektion eines Säugetieres kann jedoch bereits zoonotisches Potential eines AIV signalisieren. In diesem Zusammenhang sind natürliche Infektionen von Füchsen und Seehunden bzw. Kegelrobben zu nennen, die in geringer Anzahl 2021 europaweit von HPAIV Infektionen betroffen waren. Hierzu zählen auch drei Fälle von Seehunden, die aufgrund von HPAIV H5N8 Infektionen im nordfriesischen Wattenmeer verendet waren (Postel et al., 2022). Fälle menschlicher Infektionen sind jedoch nicht bekannt geworden. Dennoch sind bei der Entsorgung infizierter Wildvögel und von Ausbrüchen betroffener Geflügelbetriebe geeignete Hygiene- und Schutzmaßnahmen für das Personal umzusetzen.

Tabelle 4: AIV-Subtypenspektrum bei Wildvögeln und Geflügel in Deutschland, 2021

Subtypisierung			Wildvögel ¹	Geflügel ²
HA	NA	Pathotyp		
H1	N1		7	7
	N2		0	1
H2	N3		3	
H3	N2		1	
	N8		6	
H4	N6		4	
H5	Nx	?	18	
	Nx	HP	14	
	N1	?	1	
	N1	LP	3	
	N1	HP	580	2
	N2	LP	4	54
	N3	LP	4	
	N3	HP	16	1
	N4	HP	16	
	N5	HP	14	
	N8	?	3	
	N8	HP	689	228
H6	N1		5	2
	N2		13	2
	N8		4	
	Nx		2	
H7	N3	LP	0	1
	N7	LP	1	
H8	N4		1	
H9	N2		17	
	N7		1	
H10	N2		2	
	N3		3	
H11	N9		2	
H12	N2		1	
	N5		3	
H13	N6		1	
Hx	N1		3	
	N2		0	1
Hx	N3		2	
Hx	N7		2	
Hx	N8		1	
Hx	N9		2	1
H6, H9	N2		1	
H6	N1, N2		1	
Gesamt			1.451	1

1 - Einzelprobenanalyse 2 - Bestandsanalyse
HA (x) und/oder NA (y) Subtyp konnte nicht bestimmt werden
Hx - Subtypen H5 und H7 wurden ausgeschlossen
LP - « low pathogenicity » niedrige Pathogenität
HP - « high pathogenicity » hohe Pathogenität

Abkürzungen

AI	Aviäre Influenza
AI-DB	Wildvogelmonitoring-Datenbank
AIV	Aviäres Influenzavirus
NRL	Nationales Referenzlabor
HPAIV	Hochpathogenes aviäres Influenzavirus
LPAIV	Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus

Literaturhinweise

Chepkwony S, Parys A, Vandoorn E, Stadejek W, Xie J, King J, Graaf A, Pohlmann A, Beer M, Harder TC, Van Reeth K. Genetic and antigenic evolution of H1 swine influenza A viruses isolated in Belgium and the Netherlands from 2014 through 2019. *Sci Rep.* 2021; 11: 11276. DOI:10.1038/s41598-021-90512-z.

Elnagar A, Harder TC, Blome S, Beer M, Hoffmann B. Optimizing Release of Nucleic Acids of *African Swine Fever Virus* and *Influenza A Virus* from FTA Cards. *Int J Mol Sci.* 2021; 22: 12915. DOI: 10.3390/ijms222312915. PMID: 34884719.

Hassan KE, El-Kady MF, El-Sawah AAA, Luttermann C, Parvin R, Shany S, Beer M, Harder T. Respiratory disease due to mixed viral infections in poultry flocks in Egypt between 2017 and 2018: Upsurge of highly pathogenic avian influenza virus subtype H5N8 since 2018. *Transbound Emerg Dis.* 2019 PMID: 31297991. doi: 10.1111/tbed.13281. PMID: 31297991

Hassan KE, Ahrens AK, Ali A, El-Kady MF, Hafez HM, Mettenleiter TC, Beer M, Harder T. Improved Subtyping of Avian Influenza Viruses Using an RT-qPCR-Based Low Density Array: 'Riems Influenza a Typing Array', Version 2 (RITA-2). *Viruses.* 2022; 14: 415. DOI: 10.3390/v14020415. PMID: 35216008.

Kessler S, Harder TC, Schwemmler M, Ciminski K. Influenza A Viruses and Zoonotic Events-Are We Creating Our Own Reservoirs? *Viruses.* 2021; 13: 2250. DOI: 10.3390/v13112250. PMID: 34835056

King J, Harder T, Conraths FJ, Beer M, Pohlmann A. The genetics of highly pathogenic avian influenza viruses of subtype H5 in Germany, 2006-2020. *Transbound Emerg Dis.* 2021; 68: 1136-1150. doi: 10.1111/tbed.13843. PMID: 32964686

Landmann M, Scheibner D, Graaf A, Gischke M, Koethe S, Fatola OI, Raddatz B, Mettenleiter TC, Beer M, Grund C, Harder T, Abdelwhab EM, Ulrich R. A Semiquantitative Scoring System for Histopathological and Immunohistochemical Assessment of Lesions and Tissue Tropism in Avian Influenza. *Viruses.* 2021; 13: 868. DOI: 10.3390/v13050868. PMID:34065126

Lewis NS, Banyard AC, Whittard E, Karibayev T, Thamer Al Kafagi, Chvala I, Byrne A, Saduakassova Meruyert (Akberovna), King J, Harder TC, Grund C, Essen S, Reid SM, Brouwer A, Zinyakov NG, Tegzhanov A, Irza V, Pohlmann A, Beer M, Fouchier RAM, Sultanov Akhmetzhan (Akievich), Brown IH. Emergence and spread of novel H5N8, H5N5 and

H5N1 clade 2.3.4.4 highly pathogenic avian influenza in 2020, *Emerging Microbes & Infections* 2021; 10, 148-151, DOI:10.1080/22221751.2021.1872355

Modirihamedan A, Aghajantabar S, King J, Graaf A, Pohlmann A, Aghaiyan L, Ziafati Kafi Z, Mahfoozi Y, Hosseini H, Beer M, Ghalyanchilangeroudi A, Harder T. Wild bird trade at live poultry markets potentiates risks of avian influenza virus introductions in Iran. *Infect Ecol Epidemiol.* 2021; 11: 1992083. DOI: 10.1080/20008686.2021.1992083. PMID: 34777715.

Parys A, Vandoorn E, King J, Graaf A, Pohlmann A, Beer M, Harder TC, Van Reeth K. Human Infection with Eurasian Avian-Like Swine Influenza A(H1N1) Virus, the Netherlands, September 2019. *Emerg Infect Dis* 2021, 27: 939-943. DOI: 10.3201/eid2703.201863.

Postel A, King J, Kaiser FK, Kennedy J, Lombardo MS, Reineking W, de le Roi M, Harder T, Pohlmann A, Gerlach T, Rimmelzwaan G, Rohner S, Striewe LC, Gross S, Schick LA, Klink JC, Kramer K, Osterhaus ADME, Beer M, Baumgärtner W, Siebert U, Becher P. Infections with highly pathogenic avian influenza A virus (HPAIV) H5N8 in harbor seals at the German North Sea coast, 2021. *Emerg Microbes Infect.* 2022; 11: 725-729. DOI: 10.1080/22221751.2022.2043726. PMID: 35172704

Schön J, Breithaupt A, Höper D, King J, Pohlmann A, Parvin R, Behr KP, Schwarz A, Stech J, Beer M, Harder TC, Grund C. Plasminogen-mediated systemic spread of a natural AIV H3N1 isolate. *Plos Pathogens* 2021, 17(4):e1009490. DOI: 10.1371/journal.ppat.1009490.

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 and has been eradicated from Germany several decades ago. To prevent an introduction of the pathogen, the importation of equids into the EU is permitted exclusively 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, testing of animals prior to import is based on complement fixation test (CFT; prescribed test according to WOAAH 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 unionsrechtlichen Bestimmungen nur aus zugelassenen Drittländern impor-

tiert 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 muss ferner eine Untersuchung mittels Komplement-Bindungsreaktion (KBR; von der WOAAH 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 NRLs aufgelistet.

Staatliche Maßnahmen

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

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

Forschung

Im Rahmen eines vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Forschungsprojektes (Förderkennzeichen: 0316009C) wurden Bedingungen für die Antigenherstellung mittels *in vitro*-Kultivierung von *T. equiperdum* erarbeitet, um den derzeit notwendigen Tierversuch verzichtbar zu machen. Dieses Vorhaben konnte erfolgreich abgeschlossen werden. Die Methode zur *in vitro*-Kultivie-

rung als Alternative zum Tierversuch wird voraussichtlich bald in das WOAHA 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	9
	Positivkontrollserum	3
	Negativkontrollserum	3
Ringtest	Teilnahme an einer Laborvergleichsstudie international	0
Ringtest	Durchführung einer Laborvergleichsstudie national	0

5. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease - Bovine viral diarrhoea/Mucosal disease

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

Summary

Bovine viral diarrhoea (BVD) causes high economic losses in the cattle population worldwide. In Germany, BVD is a notifiable disease since 2004. In December 2008, a regulation for an obligatory nationwide control program was decreed by BMEL which came into force in January 2011. Since 2011 more than 50,000 BVDV-infected animals were removed from the cattle population, while about 52 million animals were classified as “unsuspicious”. Related to the newborn calves, the proportion of animals classified as persistently infected (PI) was considerably reduced from 0.5 % to about 0.002 % in the last years. In 2021, a total of only 29 BVD outbreaks were reported to the German animal disease notification system (TSN).

Since 2021, BVD is regulated for the first time on European level, as implemented in the new EU Animal Health Law. In December 2020, all German federal states submitted applications to the EU Commission to either grant the status “free from BVD” or for approval of an eradication programme for BVD. The applications have been approved and the BVD-free regions and areas with an authorized BVD eradication program are listed in the Commission Implementing Regulation (EU) 2022/214.

Zusammenfassung

Die Bovine Virusdiarrhoe (BVD) zählt zu den wirtschaftlich bedeutendsten Erkrankungen der Rinder weltweit. In Deutschland wird diese anzeigepflichtige Tierseuche seit 2011 verpflichtend bekämpft. Von 2011 bis einschließlich 2021 wurden mehr als 50.000 BVDV-infizierte Tiere aus der Rinderpopulation eliminiert, wobei im gleichen Zeitraum ungefähr 52 Mio. Rinder den Status „unverdächtig“ erhielten. Der relative Anteil der als persistent infiziert (PI) klassifizierten Tiere bezogen auf die

neugeborenen Kälber reduzierte sich in den letzten Jahren sehr deutlich von ca. 0,5 % auf etwa 0,002 %. Im Jahr 2021 wurden im TSN insgesamt nur noch 29 Ausbrüche von BVD/MD gemeldet.

Mit dem neuen EU-Tiergesundheitsrecht wird die BVD seit 2021 auch erstmalig auf EU-Ebene geregelt. Alle Bundesländer haben im Dezember 2020 Anträge bei der EU-Kommission entweder zur Gewährung des Status „frei von BVD“ oder zur Genehmigung von „BVD-Tilgungsprogrammen“ gestellt, um den damit verbundenen Außenschutz schnellstmöglich zu erhalten. Alle Anträge wurden genehmigt und die BVD-freien Regionen und Gebiete mit einem anerkannten BVD-Tilgungsprogramm sind in der Durchführungsverordnung (EU) 2022/214 gelistet.

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 BVDV-Infektionen hängt die Ausprägung der Krankheitserscheinungen vom Alter und dem Trächtigkeitszustand des Einzeltieres ab. Während die Infektion nicht tragender Tiere in der Regel

klinisch inapparent verläuft, Ausnahmen stellen vereinzelt perakute Verlaufsformen mit einem hämorrhagischen Syndrom dar, kann eine Infektion seronegativer trächtiger Rinder zu Fruchttretentionen, 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.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Labordiagnostik der BVD erfolgt in den veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen 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“). Um ein möglichst frühes Ergebnis zu erhalten, wird in etwa 95 % der Fälle die erste BVDV-Untersuchung eines Tieres mit Hilfe von Hautstanzproben, die beim Einziehen der Ohrmarke gewonnen werden, durchgeführt. Antikörpernachweise über sogenannte Jungtierfenster (serologische Blutuntersuchung von Tieren nach dem Abklingen von kolostralen Antikörpern) oder Tankmilchtestung werden in Pilotstudien und in be-

grenztem Rahmen in Monitoringprogrammen durchgeführt und werden voraussichtlich zukünftig eine größere Bedeutung erlangen.

Staatliche Maßnahmen

Seit dem 03.11.2004 unterliegt die BVD/MD in Deutschland der Anzeigepflicht nach dem Tierseuchengesetz. Nach dem neuen EU-Tiergesundheitsrecht („Animal Health Law“)¹ gehört die BVD zu den „gelisteten Seuchen“ und wird damit seit 2021 auch erstmalig auf EU-Ebene geregelt. Bei der Kategorisierung wurde die BVD als eine optional zu tilgende Seuche (Kategorie C) eingestuft². Die gelisteten Arten, für die die seuchenspezifischen Bestimmungen gelten, sind *Bison ssp.* (Bison, Wisent), *Bos ssp.* (eigentliche Rinder) und *Bubalus ssp.* (Büffel).

Alle Bundesländer haben im Dezember 2020 Anträge bei der EU-Kommission entweder zur Gewährung des Status „frei von BVD“ oder zur Genehmigung von „BVD-Tilgungsprogrammen“ gestellt. Der Status „frei von BVD“ ist mit Handelsgarantien vergleichbar dem früher bei anderen Tierseuchen bekannten „Artikel 10-Status“ (Richtlinie 64/432/EWG) verbunden, d. h. in ein BVD-freies Territorium dürfen nur noch Tiere verbracht werden, die bestimmte tiergesundheitliche Anforderungen in Bezug auf die BVD erfüllen. Ein genehmigtes Tilgungsprogramm bietet dem früheren „Artikel 9-Status“ vergleichbare Garantien. Die Anträge der Bundesländer wurden genehmigt und die BVD-freien Regionen und Gebiete mit einem anerkannten BVD-Tilgungsprogramm sind in der Durchführungsverordnung (EU) 2022/214 gelistet³. Die seuchenspezifischen Regelungen zu BVD-

¹ Verordnung (EU) 2016/429 des europäischen Parlaments und Rates vom 9. März 2016 zu Tierseuchen und zur Änderung und Aufhebung einiger Rechtsakte im Bereich der Tiergesundheit („Tiergesundheitsrecht“)

² Durchführungsverordnung (EU) 2018/1882 der Kommission vom 3. Dezember 2018 über die Anwendung bestimmter Bestimmungen zur Seuchenprävention und -bekämpfung auf Kategorien gelisteter Seuchen und zur Erstellung einer Liste von Arten und Artengruppen, die ein erhebliches Risiko für die Ausbreitung dieser gelisteten Seuchen darstellen

³ Durchführungsverordnung (EU) 2022/214 der Kommission vom 17. Februar 2022 zur Änderung bestimmter Anhänge der Durchführungsverordnung (EU) 2021/620 hinsichtlich der Genehmigung oder Aberkennung des Status „seuchenfrei“ für bestimmte Mitgliedstaaten oder Zonen oder Kompartimente dieser Mitgliedstaaten in Bezug auf bestimmte gelistete Seuchen und hinsichtlich der Genehmigung von Tilgungsprogrammen für bestimmte gelistete Seuchen

Tilgungsprogrammen und zur Gewährung und Aufrechterhaltung des Status „frei von BVD“ (analog zum bisherigen Status „BVDV-unverdächtig“) in Bezug auf gehaltene Rinder sind in der Delegierten Verordnung (EU) 2020/689⁴ niedergelegt. Sie beziehen sich auf die Betriebsebene und auf die Ebene von Mitgliedstaaten oder Zonen und adressieren die Verantwortlichkeiten der Tierhalter sowie der zuständigen Behörden.

Hinsichtlich der Aufrechterhaltung des Status „frei von BVD“ haben sich die Länder verständigt, am bewährten Testverfahren, d.h. der Untersuchung aller neugeborenen Kälber mittels Hautstanzproben, vorläufig festzuhalten. Im Unterschied zu den Vorgaben der BVDV-Verordnung müssen die Proben gemäß den neuen EU-Regelungen spätestens bis zum 20. Lebenstag entnommen werden. Die Proben sind mit einer in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen Methode auf BVDV-Antigen oder -Genom zu testen. Das Ergebnis der Untersuchungen und der damit verbundene Einzeltierstatus werden in das Bestandsregister und in das Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere (HIT) eingetragen. Bestände, in denen ein infiziertes Rind nachgewiesen worden ist, unterliegen einem generellen Verbringungsverbot von Rindern aus dem Bestand. Nach einem bestätigten BVD-Fall kann der Status „frei von BVD“ erst wiedererlangt werden, wenn alle positiv auf BVD getesteten Tiere entfernt wurden, der BVD-Status jedes im Betrieb gehaltenen Rindes bestimmt wurde und alle Kälber, die *in utero* mit BVDV hätten infiziert werden können, in Isolation geboren und gehalten wurden, bis sie negativ auf BVDV-Antigen oder -Genom getestet wurden.

In Betrieben bzw. Regionen mit dem Status „frei von BVD“ besteht ein Impfverbot und BVD-freie Betriebe in einem BVD-freien Land oder Landkreis dürfen keine geimpften Tiere einstellen.

⁴ Delegierte Verordnung (EU) 2020/689 der Kommission vom 17. Dezember 2019 zur Ergänzung der Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates

Statistische Angaben

Im TSN wurden im Jahr 2021 insgesamt 29 Ausbrüche von BVD/MD gemeldet, wobei bundeslandabhängige Unterschiede zu beobachten waren (Abbildung 1).

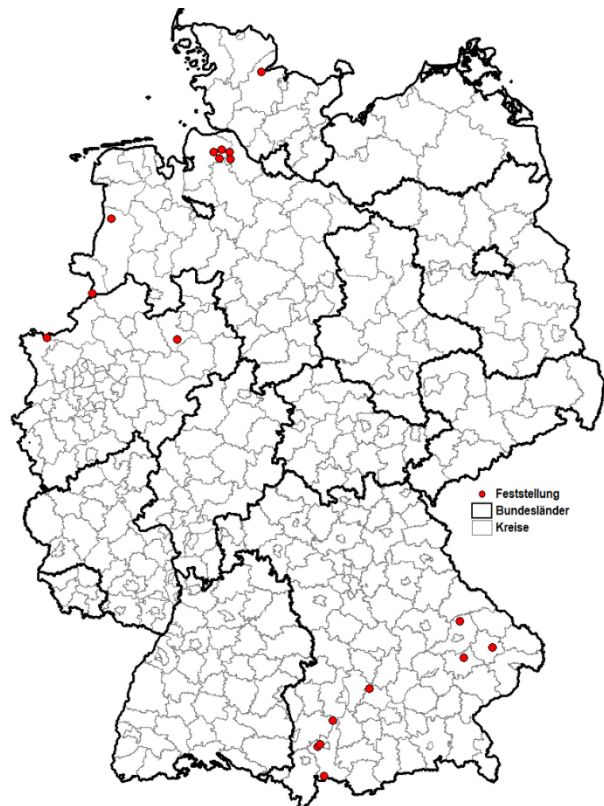


Abbildung 1: Übersicht der gemeldeten Ausbrüche 2021

Seit dem Beginn der bundeseinheitlichen Bekämpfung wurden mehr als 49 Millionen Rinder auf BVDV untersucht, für weitere 3 Millionen Tiere wurde ein abgeleiteter Status vergeben. Der Anteil der im Herkunftssicherungs- und Informationssystem für Tiere (HIT) als PI-Tiere klassifizierten Rinder reduzierte sich, bezogen auf die neugeborenen Kälber, sehr deutlich von ca. 0,5 % im Jahr 2011 auf etwa 0,002 % im Jahr 2021. Der Anteil an Betrieben mit PI-Tieren ist im gleichen Zeitraum von 3,4 % auf unter 0,02 % gesunken (Abbildung 2).

hinsichtlich Vorschriften betreffend Überwachung, Tilgungsprogramme und den Status „seuchenfrei“ für bestimmte gelistete und neu auftretende Seuchen (ABL. L 174 vom 3.6.2020, S. 211).

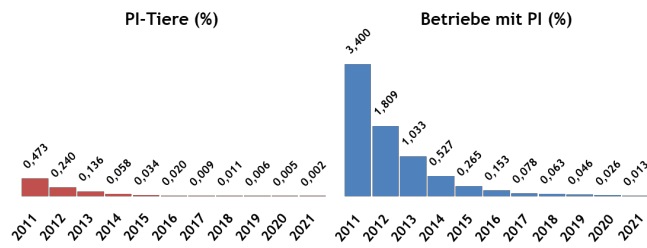


Abbildung 2: PI-Prävalenz in Deutschland seit 2011

Literaturhinweise

Gall Y, Beer M, Donat K, Höfig A, Hartmann H, Heyne H, Hüttner K, Kokott K, Seeger H-J, Stockmann A, Welzel A, Wernike K. Das Tiergesundheitsrecht der Europäischen Union. Teil 2: Neue Regelungen zur Bekämpfung der Bovinen Virusdiarrhoe (BVD). Deutsches Tierärzteblatt. 2021; 69 (6)

6. Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen - Bovine, Porcine, Ovine and Caprine Brucellosis

Melzer, F.

Summary

No brucellosis outbreaks were reported in cattle, sheep and goats in 2021. Five brucellosis outbreaks were notified in pig farms in Schleswig-Holstein, Hesse, Bavaria (two outbreaks) and Mecklenburg-Western Pomerania). First outbreak was detected by isolation of *Brucella* spp. after investigations due to a clinical suspicion of disease in an outdoor farm in Mecklenburg-Western Pomerania. The confirmatory examination at the NRL revealed *Brucella suis* biovar 2. Epidemiological investigations led to the detection of secondary outbreaks in two fattening pig farms in Bavaria and one in Hesse. Another primary outbreak happened in October in Schleswig-Holstein. Investigations after clinical suspicion of disease resulted in the isolation of *Brucella* spp. from abortion material. *Brucella suis* 2 could be identified by the NRL.

Zusammenfassung

Im Jahr 2021 wurden keine Brucelloseausbrüche bei Rindern, Schafen und Ziegen angezeigt. Es gab fünf Brucellose-Ausbrüche in Schweinehaltungen in Schleswig-Holstein, Hessen, Bayern (zwei Ausbrüche) und Mecklenburg-Vorpommern. Der erste Ausbruch wurde durch Isolierung von *Brucella* spp. nach Untersuchungen aufgrund eines klinischen Krankheitsverdachts in einem Freilandbetrieb in Mecklenburg-Vorpommern festgestellt, die Bestätigungsuntersuchung an DNA aus Organmaterial im NRL ergab *Brucella suis* Biovar 2. Epidemiologische Untersuchungen führten zur Feststellung von Sekundärausbrüchen in zwei Mastschweinbetrieben in Bayern und einem in Hessen. Ein weiterer Primärausbruch fand im Oktober in Schleswig-Holstein statt. Unter-

suchungen nach klinischem Verdacht auf eine Erkrankung führten zur Isolierung von *Brucella* spp. aus Abortmaterial. *Brucella suis* 2 konnte durch das NRL identifiziert werden.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Brucellose werden im Rahmen des Brucellosemonitoring 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 oder der RBT 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“ des WOAH aufgeführt.

Ausbrüche:

In einer Freiland Schweinehaltung in Mecklenburg-Vorpommern bestand im Februar 2021 Brucelloseverdacht auf Grund klinischer Symptome (v.a. Aborte). Eine serologische Untersuchung der betroffenen Tiere im LALLF in Rostock verlief mit positivem Ergebnis. Die Abklärungsuntersuchungen am NRL bestätigten diese Ergebnisse mittels RBT und KBR. Außerdem wurde DNA aus Abortmaterial im NRL mittels PCR untersucht und als *B. suis* 2 identifiziert. Diese Ergebnisse wurden später an Isolaten aus Abortmaterial bestätigt.

Durch epidemiologische Folgeuntersuchungen wurde festgestellt, dass Tiere aus diesem Bestand

kurz vor dem Auftreten des Brucelloseverdachts an Bestände in andere Bundesländer verkauft worden waren. Darauf folgende Untersuchungen ergaben Sekundärausbrüche in Bayern im Februar und im März und in Hessen im März. Während in Bayern die Feststellung der Brucellose auf serologischen Untersuchungen im LGL in Erlangen erfolgten und am NRL bestätigt wurden, konnten in Hessen am LHL in Gießen auch Brucellen isoliert und am NRL als *Brucella suis 2* identifiziert werden.

Die vorliegenden Isolate aus Hessen und Mecklenburg-Vorpommern wurden durch das NRL vollgenomsequenziert und mittels SNP-Analyse als identisch eingestuft. Dies bestätigt den vermuteten epidemiologischen Hergang.

Einen weiteren Brucelloseausbruch gab es im Oktober 2021 in Schleswig-Holstein. Auch hier war eine Freiland Schweinehaltung betroffen. Nach klinischem Seuchenverdacht konnten aus einem abor- tierten Fetus Brucellen isoliert werden. Diese wurden am NRL des FLI als *B. suis 2* diagnostiziert.

Tabelle 1: Diagnostische Untersuchungen am NRL 2021 zur Erfüllung der hoheitlichen Aufgaben

Tierart	Probe	Anzahl
Rind	Serum/Plasma	22
Schaf/Ziege	Serum/Plasma	10
Schwein	Serum/Plasma	160
Wildschwein	Blutprobe	10
Schwein	DNA	4
Schwein	Isolat	4
Wildschwein	Isolat	5

Statistische Angaben

Deutschland ist offiziell frei von Brucellose der Rinder, Schafe und Ziegen. Die Brucellosefreiheit wird durch serologische Bestandsuntersuchungen bei diesen Tierarten und durch die vorgeschriebene Untersuchung von Aborten (Rinder) auf Brucellose überwacht. Die Überwachungsuntersuchungen bei Schafen und Ziegen werden nach einem speziellen

Probenschlüssel für jedes Bundesland stichprobenartig durchgeführt. Es wurden im Jahr 2021 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 Einstellung in Besamungsstationen serologisch auf Brucellose untersucht. In einzelnen Bundesländern gibt es durch die zuständigen Behörden spezielle Vorgaben für die Brucelloseüberwachung in Freilandhaltungen.

Tabelle 2: Zahl der angezeigten Ausbrüche der Brucellose beim Schwein in Deutschland 2014 bis 2021 (TSN; Stichtag: 21.06.2022)

Jahr	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
Brucellose beim Schwein	1	4	1	3	1	2	0	5

Epidemiologische Untersuchungen

Ein eindeutiger Eintragsweg in den Primärausbruchsbeständen in Mecklenburg-Vorpommern und Schleswig-Holstein konnte nicht nachgewiesen werden. Als Risikofaktoren für eine mögliche Einschleppung in Schweinefreilandhaltungen werden das gehäufte Auftreten von Kolkraben, die Möglichkeit des Eintrages durch z.B. 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.

Der Zukauf von Tieren aus einer Freilandhaltung ist im Jahr 2021 die Ursache für drei Sekundärausbrüche in anderen Betrieben und macht zum wiederholten Mal deutlich, dass die Brucelloseüberwachung solcher Haltungsformen von besonderer Bedeutung ist.

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 WOAH Tätigkeit konnten eine Reihe von Publikationen zur Brucellose in internationalen Peer-Review Journalen veröffentlicht werden.

Staatliche Maßnahmen

Seit dem 20. April 2016 ist die Verordnung (EU) 2016/429 (Tiergesundheitsrechtsakt der EU) in Kraft und gilt seit dem 21. April 2021. Im Rahmen dieser EU-Verordnung wurden eine ganze Reihe weiterer delegierter und Durchführungsverordnungen erlassen, in denen auch die Vorbeugung und Bekämpfung der Brucellose geregelt sind.

Infektionen mit *B. abortus*, *B. melitensis* und *B. suis* gehören bei Rindern, Schafen und Ziegen zur Kategorie B, D und E, d.h. die Krankheit muss bei diesen Tierarten bei Auftreten mit dem Ziel der Tilgung im Mitgliedsstaat bekämpft werden. Der Nachweis einer Infektion bei diesen Tierarten in einem offiziell freien Mitgliedsstaat wie Deutschland ist innerhalb von 24 Stunden anzuzeigen.

Bei Schweinen sind spezielle Handelsvorschriften einzuhalten. Eine generelle Überwachung ist nicht vorgeschrieben.

Vorgeschriebene Methoden zur serologischen Untersuchung auf Brucellose bei Rindern, Schafen, Ziegen, Kamelen und Schweinen sind in der Delegierten Verordnung (EU) 2020/688 (Anhang I, Teil 1) aufgeführt. Im Artikel 9 der Delegierten Verordnung (EU) 2020/689 sind die Falldefinitionen geregelt. Eine Brucelloseimpfung ist in Deutschland verboten.

Die Brucellose ist von der durch *Brucella ovis* hervorgerufenen infektiösen Ovinen Epididymitis abzugrenzen, die zur Kategorie D und E nach Durchführungsverordnung (EU) 2018/1882 gerechnet wird. Im

Jahr 2021 kam es zu keinem angezeigten Ausbruch bei dieser Krankheit.

Zoonosepotential

Die Brucellose (*B. melitensis*, *B. abortus* und *B. suis*) ist eine Zoonose. Die meisten in Deutschland gemeldeten Infektionen beim Menschen werden im Ausland erworben. Selten kommt es zu Infektionen in Deutschland selbst, dabei handelt es sich meist um Laborinfektionen beim Umgang mit dem Erreger oder um Infektionen durch den Konsum von importierten Rohmilchprodukten. Im Ausland kommt als mögliche Infektionsquelle noch der Kontakt mit infizierten Tieren in Frage. Überwiegend wird als Spezies *B. melitensis* identifiziert. Mit Stand 21.06.2022 wurden für das Jahr 2021 sechs humane Brucellosefälle gemeldet. In den Jahren 2001 bis 2020 betrug der Mittelwert der gemeldeten Fälle ca. 31 pro Jahr.

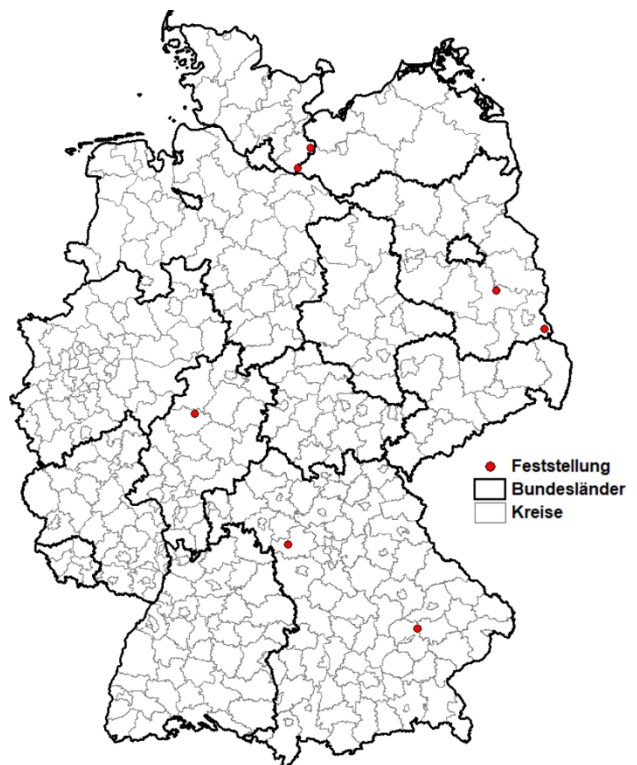


Abbildung 1: Geographische Verteilung der 2019 bis 2021 angezeigten Ausbrüche der Brucellose beim Schwein (TSN, Stichtag: 21.06.2022)

7. Campylobacteriose (thermophile *Campylobacter*) - Campylobacteriosis (thermophilic *Campylobacter*)

EL-ADAWY, H. H.

Summary

Campylobacter species are ubiquitous and colonize the mucous membranes of the intestinal tract, the oral mucosa and the urogenital tract in animals and humans. Several species are pathogenic and cause diseases both in animals and in humans. 12 of the 17 *Campylobacter* species are associated with human diseases. Among these species, the thermophilic *C. jejuni* and *C. coli* have the highest impact on human health as they are the main cause of campylobacter enteritis (campylobacteriosis). Campylobacteriosis is a zoonotic disease which is mostly asymptomatic in birds, poultry and many mammals. Campylobacteriosis in different animal species caused by the thermophilic *Campylobacter* species. *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari* and *C. upsaliensis* are notifiable

Zusammenfassung

Campylobacter-Spezies sind ubiquitär verbreitet und kolonisieren die Schleimhäute des Intestinaltrakts, die Mundschleimhaut oder den Urogenitaltrakt bei Tier und Mensch. Verschiedene Spezies sind pathogen und führen zu Erkrankungen sowohl beim als Tier auch beim Menschen. 12 der 17 *Campylobacter*-Spezies sind mit humanen Erkrankungen assoziiert. Unter diesen Spezies besitzen die thermophilen *C. jejuni* und *C. coli* als wichtigste Erreger der *Campylobacter*-Enteritis (Campylobacteriose) die größte gesundheitspolitische Bedeutung. Die Campylobacteriose ist eine Zoonose, die im Gegensatz zum Menschen bei Vögeln, Geflügel und vielen Säugetieren meist asymptomatisch verläuft. Campylobacteriosen bei verschiedenen Tierarten verursacht durch die thermophilen *C.*-Spezies *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari* und *C. upsaliensis* sind meldepflichtig.

Labordiagnostische Untersuchungen

Es wurde eine Arbeitsanleitung zur Diagnostik der Campylobacteriose erarbeitet, welche in der amtlichen Methodensammlung des FLI zu finden ist. Wegen der Empfindlichkeit der *Campylobacter* gegenüber Sauerstoff sollten für den Transport spezielle Transport-Medien verwendet werden (z.B. „Amies Agar Gel with Charcoal“). Das Untersuchungsmaterial (Wasser, Milch, Kotproben, Leber- oder Zäkumproben, Futterproben und Fleisch- oder Kloakentupfer etc.) muss frisch sein und nach spätestens 6 h sollte die Kultivierung auf mCCDA-Platten mit Zusatz von 10% Schafblut begonnen werden.

Die Agarplatten werden bei 41,5°C in mikroaerober Atmosphäre (85% N₂, 10% CO₂, 5% O₂) bebrütet und nach 44±4h auf *Campylobacter*-verdächtige Kolonien untersucht. Anschließend werden die *Campylobacter*-Isolate phänotypisch und molekularbiologisch charakterisiert. In den meisten konventionellen biochemischen Tests sind *Campylobacter* relativ inaktiv und es gibt keine geeigneten Methoden, die eine einfache Differenzierung aller Spezies ermöglichen. Die Tests zur Differenzierung sind bisher nur teilweise standardisiert und in der Literatur weit verstreut (On, 1996). Methodische Hinweise zur Durchführung und Bewertung der Reaktionen finden sich bei Lander, Gill (1985) sowie Nachamkin (1999). Die Anwendbarkeit kommerzieller Differenzierungssysteme (z.B. API Campy, bioMérieux) wird unterschiedlich bewertet. Diese Systeme erreichen nicht die Aussagekraft konventioneller Tests. *Campylobacter*-Isolate können mit MALDI-TOF MS identifiziert werden, wenn entsprechende Referenzspektren in der Datenbank vorhanden sind. Die Präparation erfolgt mit dem Ethanol-Extraktionsverfahren

(entsprechend dem Protokoll der Fa. Bruker Daltonics). Nach 20 min in Ethanol sind die *Campylobacter* abgetötet und die übliche Präparation kann gefahrlos erfolgen. Das Picken und das direkte Auftragen der Kolonien auf das Target werden nicht empfohlen. Zur molekularbiologischen Identifizierung von *Campylobacter* spp., *C. jejuni* und *C. coli* hat sich eine konventionelle Multiplex-PCR bewährt (El-Adawy *et al.*, 2012).

Statistische Angaben

Die Zahl der Neuausbrüche dieser Tierseuche betrug im Jahr 2021 insgesamt 1.901 Fälle (Siehe Tabelle und Abbildungen).

Epidemiologische Untersuchungen

Ein wesentlicher Schwerpunkt der Aufgaben des NRL Campylobacteriose sind Untersuchungen zur Epidemiologie der Campylobacter in Tierbeständen. Damit sollen auch allgemeingültige Erkenntnisse gewonnen werden, um eine bessere Beratungsfunktion gewährleisten zu können. Im Jahr 2021 wurden durch das NRL Campylobacteriose in Zusammenarbeit mit den zuständigen Veterinärbehörden und den Untersuchungsämtern nach einer entsprechenden Anfrage zahlreiche Ausbrüche an Campylobacteriose begleitet. Darüber hinaus steht das NRL Campylobacteriose bei Rückfragen zur Diagnostik, Epidemiologie, Prophylaxe und Bekämpfung von Ausbrüchen an Campylobacteriose bei allen anderen landwirtschaftlichen Nutztieren beratend zur Verfügung.

Forschung

Gesamtgenom-Sequenzierung mit anschließender bioinformatischer Datenanalyse ist in vielen Ländern bereits Standard bei der Isolat-basierten Feintypisierung für Ausbruchsanalysen und zur phänotypischen Charakterisierung von *Campylobacter jejuni*. Während Sequenzierung mittels Verfahren der zweiten Generation (next generation sequencing) etabliert ist, befinden sich Verfahren der dritten Generation in der Validierungsphase. DNS-Isolation

und Erstellung von Libraries sollten nach Herstellerangaben durchgeführt werden. Die Datenanalyse beginnt mit einer Qualitätskontrolle. Dabei sollten 80% der Basen einer Probe einen Qualitätswert (Phred Score) von mindestens 30 aufweisen. Quantitativ sollte eine Coverage von mindestens 30 angestrebt werden, wobei mindestens 70% der Reads taxonomisch dem Genus *Campylobacter* zugeordnet werden sollten. In der Datenanalyse folgt nun meist die Assemblierung der Reads zur Vorhersage von Contigs. Die assemblierten Genome sollten eine Größe von 1,4 bis 1,7 mB und einen N50-Wert von 15 kB aufweisen. Basierend auf den assemblierten Genomen können genetische Faktoren für Resistenz gegen Antibiotika, Virulenz und mobile genetische Elemente mit entsprechenden Datenbanken detektiert werden (z.B. AMRFinderPlus, VFDB, Plasmidfinder). Zur Typisierung ist das klassische MLST (7 Gene) basierend auf der Genomsequenz möglich. Hochauflösende Phylogenie ist durch die Bestimmung von Einzelnukleotidänderungen (SNPs) möglich. Außerdem haben sich Verfahren basierend auf Kerngenom-MLST etabliert. Hier bietet sich die kostenfreie Software chewiesnake (Deneke *et al.*, 2021) oder die lizenzierte Software Ridom SeqSphere+ (Jünemann *et al.*, 2013) an. Eine Linux-basierte Pipeline zur automatischen Analyse von Gesamtgenomdaten für *Campylobacter jejuni* ist kostenfrei

verfügbar:

https://gitlab.com/FLI_Bioinfo/WGSBAC

Staatliche Maßnahmen

Aufgrund der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten in der Fassung der Bekanntmachung vom 11. Februar 2011 (Bundesgesetzblatt I Seite 522), sind Campylobacteriose (thermophile *Campylobacter*) meldepflichtig:

Zoonosepotential

Campylobacter gehören weltweit zu den wichtigsten von Tieren auf den Menschen übertragbaren Krankheitserregern. Anteilmäßig besitzen dabei die durch kontaminierte Lebensmittel hervorgerufenen Infektionen die größte Bedeutung.

Im Jahr 2021 kam es wieder zu einem Anstieg der gemeldeten *Campylobacter* Infektionen beim Menschen auf 45.810 Fälle (RKI, 2021).

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der *Campylobacteriose* in Deutschland in den Jahren 2016 - 2021 (TSN, Stand 02.12.2022)

Jahr	2016	2017	2018	2019	2020	2021
<i>Campylobacteriose</i> (thermophile <i>Campylobacter</i>)	1.033	881	965	859	1.222	1.901

Tabelle 2: Monatsübersicht der Ausbrüche der *Campylobacteriose* in Deutschland für das Jahr 2021 (TSN, Stand 02.12.2022)

Name	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Summe
<i>Campylobacteriose</i> (thermophile <i>Campylobacter</i>)	113	149	134	131	146	150	175	139	188	200	181	195	1.901

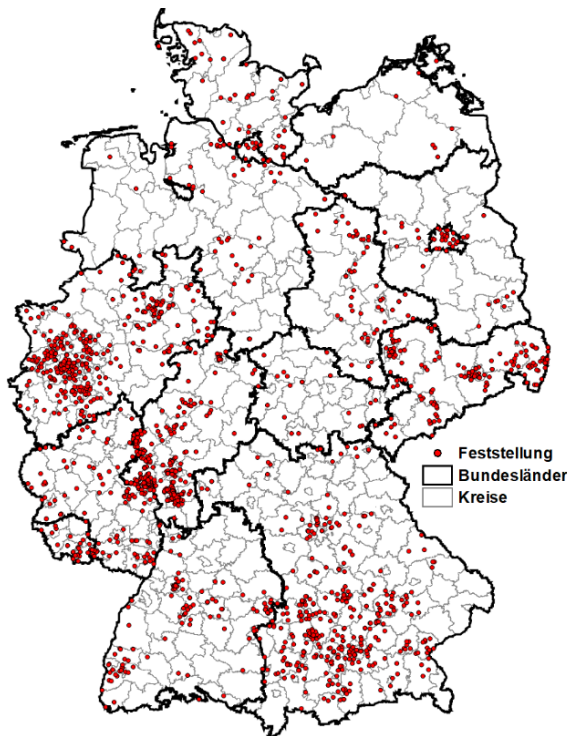


Abbildung 2: Geografische Verteilung der 2021 gemeldeten *Campylobacteriose*-Fälle, (TSN, Stichtag 02.12.2022)

Literaturhinweise

Deneke C, Uelze L, Brendebach H, Tausch SH, Malorny B (2021). Decentralized Investigation of Bacterial Outbreaks Based on Hashed cgMLST. *Front Microbiol.* 12:649517. doi: 10.3389/fmicb.2021.649517

El-Adawy H, Hotzel H, Tomaso H, Neubauer H, Hafez H M (2012). Elucidation of colonization time and prevalence of thermophilic *Campylobacter* species during turkey rearing using multiplex polymerase chain reaction. *Poult. Sci.* 91(2):454-9. doi: 10.3382/ps.2010-01810.

Jünemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, Albersmeier A, John U, Kalinowski J, Mellmann A, Goesmann A,

von Haeseler A, Stoye J, and Harmsen D (2013). Updating benchtop sequencing performance comparison. *Nat. Biotechnol.* 31: 294-6: 294-6.

Lander K P, Gill KPW (1985). *Campylobacters*. In: C. H. Collins and J. H. Grande (eds.). *Isolation and identification of microorganisms of medical and veterinary importance*. London, Acad. Press. p. 123-142.

Nachamkin I (1999). *Campylobacter and Arcobacter*. In: *Manual of Clinical Microbiology*. 7th Edition. Eds. Murray, P.R., Baron, E.J., Tenover, F. C. u. Tenover, F. C. u. Tenover, R. H. Am. Soc. Microbiol., Washington, D. C. 716-726.

8. Chlamydiose - Chlamydiosis

Schnee, C.

Summary

Chlamydial infections are endemic in many farm and domestic animals in Germany. However, acute outbreaks of disease are rare. Chlamydiae can cause inflammatory reactions leading to pneumonia, organ failure, enteritis, conjunctivitis and reproductive disorders. Most prominent examples are enzootic ovine abortion (*Chlamydia (C.) abortus*) and avian chlamydiosis with acute pneumonia in parrots and poultry (*C. psittaci*). *C. psittaci* has a high zoonotic potential and is therefore a public health concern. In 2021, 141 cases of chlamydiosis were reported via Tierseuchennachrichtensystem (TSN), predominantly in ruminants, parrots and pigeons. The RKI registered 18 human psittacosis/ornithosis cases. The National Reference Laboratory (NRL) for chlamydiosis processed samples from birds and ruminants for confirmation and species differentiation, primarily using real-time PCR. In addition, a systematic study was carried out on the spread of chlamydiae in South American camelids. On 21.04.2021, the new European Animal Health Law came into force with changes in the listing of chlamydioses, so that adaptations in the national legislation regarding reporting obligations and diagnostics will be necessary in the future.

Zusammenfassung

Chlamydieninfektionen sind bei vielen Nutz- und Haustieren in Deutschland endemisch, führen jedoch selten zu akuten Krankheitsausbrüchen. Sie können Entzündungsreaktionen hervorrufen, in deren Folge Pneumonien, Organversagen, Enteritis, Konjunktivitis und Reproduktionsstörungen auftreten. Beispiele hierfür sind der enzootische Schafabort (*Chlamydia (C.) abortus*) und aviäre Chlamydiose mit akuten Pneumonien in Papageien

und Geflügel (*C. psittaci*). *C. psittaci* besitzt ein hohes zoonotisches Potential und ist deshalb auch für den öffentlichen Gesundheitsschutz von Bedeutung. Im Jahr 2021 wurden über das Tierseuchennachrichtensystem (TSN) 141 Chlamydiosefälle gemeldet, vorrangig in Wiederkäuern, Papageien und Tauben. Das RKI registrierte 18 humane Psittakose/Ornithosefälle. Das Nationale Referenzlabor (NRL) für Chlamydiose bearbeitete Proben von Vögeln und Wiederkäuern zur Befundabsicherung und zur Speziesdifferenzierung vorrangig mittels Real-Time-PCR. Außerdem wurde eine systematische Untersuchung zur Verbreitung von Chlamydien in Neuweltkameliden durchgeführt. Am 21.04.2021 trat der neue Europäische Tiergesundheitsrechtsakt („Animal Health Law“) mit Änderungen in der Listung von Chlamydiosen in Kraft, so dass **zukünftig Anpassungen in der nationalen Gesetzgebung bezüglich Meldepflichten und Diagnostik notwendig werden.**

Labordiagnostische Untersuchungen

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.

Für die Mehrzahl der an das NRL eingesandten Proben wurde ein Erregernachweis mittels Real-Time-PCR durchgeführt: 7 von 24 Proben von Zier- und Wildvögeln wurden als positiv bestätigt. 6 von 48

eingesandten Taubenproben erwiesen sich als positiv, wobei sowohl der klassische Erreger *C. psittaci* als auch der neu-beschriebene *C. avium* nachgewiesen wurde. Der Aborterreger *C. abortus* wurde in 6 von 7 Ziegenproben nachgewiesen. In den 5 untersuchten Schafproben aus Aborten war jedoch viermal nur *C. pecorum* nachweisbar. Serologisch wurden zwei Ziegenproben untersucht, wobei eine Probe spezifische Antikörper gegen *C. abortus* enthielt. Die Erregerisolation aus Tupper-, Gewebe- und Kotproben von diversen Vögeln gelang in 10 von 16 Fällen.

Regelmäßig bietet das NRL Laborvergleichsuntersuchungen an. 42 Labore führten Erreger-Nachweise mittels PCR durch und 33 Labore untersuchten Seren auf Chlamydien-Antikörper. Die Laborvergleichsuntersuchung Chlamydien 2021 bescheinigte die allgemein hohe Qualität beim Nachweis von Chlamydien-DNA und Chlamydien-Antikörpern in den teilnehmenden veterinärdiagnostischen Laboren. Das NRL stellte Vergleichsmaterial für Forschungs- und Untersuchungseinrichtungen im In- und Ausland zur Verfügung, darunter DNA-Präparationen von 6 Chlamydienstämmen und Kryokonserven von 2 Stämmen. Gemäß Tiergesundheitsgesetz §11 Absatz 2 nahm das NRL zwei Chargenprüfungen kommerzieller serologischer Diagnostika vor.

Im Berichtszeitraum wurden unter Mitarbeit des NRL neue diagnostische Verfahren zum Nachweis und zur Typisierung von *C. psittaci* veröffentlicht, die zum Teil Einzug in die Amtliche Methodensammlung gehalten haben (Angen et al., 2021, Vorimore et al., 2021a)

Statistische Angaben

Chlamydien sind in Deutschland in Ziervögeln, Tauben und Geflügel, aber auch in Wiederkäuern und Schweinen weit verbreitet. Akute Ausbrüche, die eine Meldung im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) nach sich ziehen, gibt es aber nur selten. Deshalb geben die Meldedaten die epidemiologische Situation nur sehr eingeschränkt wieder.

Für das Jahr 2021 sind im TSN insgesamt 141 Chlamydiosefälle bei Nutz-, Haus-, Wild- und Zootieren verzeichnet. Das niedrige Niveau der Vorjahre setzte sich also fort. Rückläufige Zahlen gab es bei den Psittaziden mit nur 20 Meldungen (im Vorjahr 49). Die Fallzahlen der anderen Tiergruppen verbleiben stabil auf niedrigem Niveau.

Epidemiologische Untersuchungen

In einem von einer Arbeitsgruppe an der Justus-Liebig-Universität Gießen initiierten und vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft geförderten Projekt wurde das Vorkommen von Chlamydien in Lama- und Alpakakot in zehn repräsentativen Betrieben aus ganz Deutschland untersucht. Neuweltkameliden leben oft in engem Kontakt mit Menschen und Nutztieren, trotzdem ist wenig über Zoonose- und Tierseuchenerreger im Allgemeinen und intrazelluläre Bakterien im Besonderen bekannt, die die Gesundheit oder den Reservoirstatus der Tiere beeinflussen könnten. In individuellen Kotproben wurden Chlamydien in acht von zehn Betrieben und bei 26,8 % der Tiere (n=79) nachgewiesen, wobei der größte Anteil als *C. suis* identifiziert wurde. Außerdem wurde *C. pecorum* in den Herden nachgewiesen. Weitergehende Typisierungen von Isolaten ergaben neue, eventuell Kameliden-spezifische Genotypen von *C. suis*. In allen acht PCR-positiven Betrieben wurden auch *Chlamydiaceae*-spezifische Antikörper nachgewiesen.

Neuartige Erreger tauchen oft zuerst in Wildtieren auf, weshalb z.B. auch Wildvögel in Chlamydien-Screenings einbezogen werden. Auf diese Weise wurden 2021 in Flamingos in Frankreich zwei neue Chlamydienspezies (*Chlamydiifrater phoenicopteri* und *Chlamydiifrater volucris*) beschrieben, die sogar einem neuen Genus (*Chlamydiifrater*) zugeordnet sind (Vorimore et al., 2021b). Die darmbesiedelnden intrazellulären Bakterien scheinen in Flamingoherden, sowohl in der freien Wildbahn als auch in Zoos, weitverbreitet zu sein, wie auch einige

Nachweise in Deutschland vermuten lassen. Beeinträchtigungen der infizierten Tiere wurden nicht beobachtet, und das pathogenetische Potential von *Chlamydiifrater* ist noch unbekannt.

Staatliche Maßnahmen

Nach Abschaffung der Psittakoseverordnung im Jahr 2012 gibt es keine Verordnungen oder Bekämpfungsmaßnahmen Chlamydiosen betreffend. Nach Tiergesundheitsgesetz und Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten sind Chlamydiennachweise in Vögeln und Wiederkäuern meldepflichtig. In der Delegierte Verordnung (EU) 2018/1629 des neuen Europäischen Tiergesundheitsrechtsaktes („Animal Health Law“), gültig seit 21.04.2021, ist allerdings nur noch *C. psittaci* in Papageien in Kategorie D und E gelistet. Die World Organization of Animal Health (WOAH) listet dagegen die Aviäre Chlamydiose in allen Vögeln und den Enzootischen Schafabort. Die nationale Gesetzgebung sollte deshalb zukünftig mit den internationalen Vorgaben harmonisiert werden.

In der Humanmedizin ist der Nachweis von *C. psittaci* im Menschen nach Infektionsschutzgesetz ebenfalls meldepflichtig.

Zoonosepotential

Drei Chlamydienspezies, *C. psittaci*, *C. abortus* und *C. caviae* können nachweislich von Tieren auf den Menschen übertragen werden, wobei *C. psittaci* aus Vögeln das größte Zoonosepotential besitzt. Eine erhöhte Gefährdung ergibt sich deshalb für Tierärzte, Geflügelbetriebsmitarbeiter, Tauben- und Papageienhalter. Bemerkenswert ist ein erster dokumentierter Fall eines größeren Psittakoseausbruchs mit 17 Infizierten im Jahr 2020 in China, der nachweislich durch direkte Mensch-zu-Mensch-Übertragungen gekennzeichnet war (Zhang et al., 2022). 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 2021 18 humane Ornithosefälle gemeldet, vergleichbar mit den niedrigen Meldezahlen der letzten 15 Jahre. Aufgrund der unspezifischen Symptome und des manchmal schwer zu rekonstruierenden zoonotischen Zusammenhangs ist allerdings von einer hohen Dunkelziffer auszugehen.

Literaturhinweise

Angen Ø, Johannesen TB, Petersen RF, Uldum SA, Schnee C.: Development of a species-specific real-time PCR test for *Chlamydia psittaci* and its employment in the investigation of zoonotic transmission from racing pigeons in Denmark. *Diagn Microbiol Infect Dis.* 2021. 100(2):115341.

Vorimore F, Aaziz R, de Barbeyrac B, Peuchant O, Szymańska-Czerwińska M, Herrmann B, Schnee C, Laroucau K.: A New SNP-Based Genotyping Method for *C. psittaci*: Application to Field Samples for Quick Identification. *Microorganisms.* 2021a. 9(3):625.

Vorimore F, Hölzer M, Liebler-Tenorio EM, Barf LM, Delannoy S, Vittecoq M, Wedlarski R, Lécu A, Scharf S, Blanchard Y, Fach P, Hsia RC, Bavoil PM, Rosselló-Móra R, Laroucau K, Sachse K.: Evidence for the existence of a new genus *Chlamydiifrater* gen. nov. inside the family Chlamydiaceae with two new species isolated from flamingo (*Phoenicopterus roseus*): *Chlamydiifrater phoenicopteri* sp. nov. and *Chlamydiifrater volucris* sp. nov. *Syst Appl Microbiol.* 2021b. 44(4):126200.

Zhang Z, Zhou H, Cao H, Ji J, Zhang R, Li W, Guo H, Chen L, Ma C, Cui M, Wang J, Chen H, Ding G, Yan C, Dong L, Holmes EC, Meng L, Hou P, Shi W.: Human-to-human transmission of *Chlamydia psittaci* in China, 2020: an epidemiological and aetiological investigation. *Lancet Microbe.* 2022. 3(7): e512-e520.

Tabelle 1: Zusammenfassung der gemeldeten Chlamydiose-Fälle nach Tierarten (TSN-Abfrage 22.06.2022)

Tierart	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
Psittaziden	32	22	26	40	52	45	20
Tauben	17	28	22	16	14	13	22
Hühner	16	15	5	11	6	6	6
Enten	3	0	0	1	0	0	1
Gänse	1	0	1	0	0	1	0
Anderer Vögel	0	1	2	0	0	2	4
Rinder	119	78	50	54	33	43	43
Schafe	28	54	30	46	34	29	32
Ziegen	3	5	2	7	1	3	2
Anderer Tiere*	14	9	11	3	17	11	10
Gesamt	233	212	149	178	157	157	141

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

Tabelle 2: Gemeldete Ornithose-Erkrankungen beim Menschen
(<https://survstat.rki.de>, Abfragedatum 02.06.2022)

2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
29	15	22	31	27	18	19	13	12	12	15	16	12	16	13	18

9. Echinokokkose - Echinococcosis

Maksimov P.

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 numbers 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 2021, a total of 141 cases of echinococcosis were reported, which were recorded in 13 German federal states. The National Reference Laboratory (NRL) for Echinococcosis examined 107 intestine mucosa, 5 liver, 556 faecal samples, and 32 worms, and DNA samples using PCR. Infection with the parasite were confirmed in 57 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, 1 bis 3 mm lange Bandwürmer im Dünndarm. Sie scheiden die auch für den Menschen infektiösen Eier mit dem Kot aus. Die Eier können über Monate in der Umwelt infektiös bleiben, zum Beispiel an der bodennah wachsenden Vegetation. Reguläre Zwischenwirte sind Nagetiere, 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 2021 wurden im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) insgesamt 141 Fälle von Echinokokkose gemeldet, die in dreizehn Bundesländern bei End- und Zwischenwirten diagnostiziert worden waren. Das Nationale Referenzlabor (NRL) für Echinokokkose führte im Jahre 2021 bei insgesamt 107 Darmschleimhaut und 593 sonstigen Einsendungen (Lebermaterial Kotproben, Wurmmaterial und DNA-Proben) Laboruntersuchungen zur Bestätigung bzw. zum Ausschluss einer Echinokokkose mit Hilfe von PCR durch. In 57 untersuchten Einsendungen/Proben konnte eine *E. multilocularis* Infektion nachgewiesen werden (Tabelle 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 kann. Des Weiteren wird eine *Echinococcus*-Infektion bei Endwirten *intra vitam* mit Hilfe von Sedimentations-/Flotationsverfahren und anschließender Mikroskopie auf Eier vom Taenientyp sowie molekularbiologischer Bestimmung der Parasitenspezies diagnostiziert.

Statistische Angaben

Im Jahre 2021 wurden in TSN insgesamt 141 Fälle von Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten gemeldet, die in dreizehn Bundesländern diagnostiziert worden waren (Tabelle 2).

Die meisten Fälle wurden aus Sachsen-Anhalt (n=69), Thüringen (n=26), und Hessen (n=17) 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=108), Hunden (n=27), Wildschweinen (n=3), einem Affen, einer Hauskatze und bei einem Biber 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.

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

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen	Darmschleimhaut/Gewebematerial/Hydatidenflüssigkeit/Kot	700
Erregernachweis (DNA von <i>E. multilocularis</i>)	PCR	33
Erregernachweis (<i>E. multilocularis</i> Würmer)	IST (Intestinal Scraping Technique)	21
Erregernachweis (<i>E. multilocularis</i> Würmer)	SCT (Sedimentation and Counting Technique)	4
Erregernachweis (<i>E. multilocularis</i> Eier)	Sedimentations-/Flotationsverfahren	-
Antikörpernachweis gegen <i>E. multilocularis</i>	Immunoblot	-
Antikörpernachweis gegen <i>E. granulosus</i>	-	-
Zulassungsuntersuchungen/Chargenprüfungen	-	-
Ringtest (Teilnahme)	Laborvergleichsstudie	1

Tabelle 2: Zahl der in TSN gemeldeten Echinokokkose-Fälle im Jahr 2021 pro Bundesland und Monat

Bundesland	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Gesamt
Baden-Württemberg				1	1				3				5
Bayern	1		2	1		2	1	1	1	2	1	1	13
Hamburg										1			1
Hessen	3	4	2	1	1	1	1		1	1		2	17
Mecklenburg-Vorpommern						2							2
Niedersachsen											1		1
Nordrhein-Westfalen			1	1					1			1	4
Rheinland-Pfalz	1			1						1			3
Saarland		1											1
Sachsen												1	1
Sachsen-Anhalt	16	24	8	1			9	2			4	2	66
Schleswig-Holstein								1					1
Thüringen	3	1	4	3	2	5	1			4	3		26
Gesamt	24	30	17	9	4	10	12	4	6	9	9	7	141

10. Hantaviren in Mitteleuropa - Hantaviruses in Central Europe

Drewes, S. und Ulrich, R.G.

Summary

During the years 2001-2021 a total of 15,955 human hantavirus cases were registered by the Robert Koch-Institut (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, data as of 16.05.2022). The number of recorded cases shows strong oscillations between the years with major peaks in 2007, 2010, 2012, 2017, 2019 and 2021. At least five 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 (TULV) was detected by molecular analysis in the reservoir, the common vole *Microtus arvalis*, but frequently also in other vole species. Little is known about potential human infections with this virus; in 2021 a human disease case due to TULV infection was molecularly detected. Traemmersee virus was detected in a field vole (*Microtus agrestis*) from Brandenburg; this virus is highly related to Rusne virus discovered in the root vole (*Microtus oeconomus*) from Lithuania and field vole-associated Tatenale virus in Great Britain. In addition, a human infection with Seoul orthohantavirus (SEOV) was identified that was transmitted by a pet rat (*Rattus norvegicus*). The majority of human cases are caused by Puumala orthohantavirus (PUUV) with the bank vole (*Clethrionomys glareolus* syn. *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 pathogenicity to human is still unknown.

Zusammenfassung

In den Jahren 2001-2021 wurde durch das Robert Koch-Institut eine Gesamtzahl von 15.955 humanen Hantavirus-Erkrankungen erfasst (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 16.05.2022). Die Anzahl der gemeldeten Fälle zeigte starke Schwankungen mit den höchsten Fallzahlen in den Jahren 2007, 2010, 2012, 2017, 2019 und 2021. In Deutschland kommen mindestens fünf 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 (TULV) 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; im Jahr 2021 wurde in einem humanen Erkrankungsfall molekular eine TULV-Infektion detektiert. Das Traemmerseevirus wurde in einer Erdmaus (*Microtus agrestis*) aus Brandenburg entdeckt; dieses Virus ist eng verwandt mit dem in der nordischen Wühlmaus (*Microtus oeconomus*) in Litauen gefundenen Rusnevirus und mit dem in Großbritannien vorkommenden, Erdmaus-assoziierten Tatenalevirus. Darüber hinaus wurde eine humane Infektion mit dem Seoul-Orthohantavirus (SEOV) in Deutschland entdeckt; die Übertragung erfolgte durch eine Heimratte (*Rattus norvegicus*). Die Mehrzahl der humanen Erkrankungen wird durch das Puumala-Orthohantavirus (PUUV) verursacht, das von der Rötelmaus (*Clethrionomys glareolus* syn. *Myodes glareolus*) übertragen wird. Die heterogene Verteilung humaner PUUV-Fälle in Deutschland ist auf die Assoziation der mitteleuropäischen 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*, Ordnung *Bunyvirales*, handelt es sich um behüllte Viren mit einem segmentierten Negativstrang-RNA-Genom. Hantaviren sind ursprünglich vor allem in unterschiedlichen Nagetierarten, aber in den vergangenen Jahren auch in Insektenfressern (Spitzmäuse und Maulwürfe) und Fledermäusen sowie Reptilien und Fischen entdeckt worden; deren Humanpathogenität ist jedoch bisher unklar. Die bei Säugetieren vorkommenden Hantaviren (Unterfamilie *Mammantavirinae*) werden vier Gattungen zugeordnet: Die Gattung *Orthohantavirus* umfasst Nagetier-, Spitzmaus- und Maulwurf-assoziierte Hantaviren, während die anderen Gattungen *Thottimvirus*, *Mobatvirus* und *Loanvirus* Hantaviren von Spitzmäusen, Maulwürfen und Fledermäusen beinhalten.

Verschiedene Nagetiere bilden das Reservoir für humanpathogene Hantaviren. Die persistent infizierten Reserviertiere 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 Virus-kontaminiertem 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 (siehe „Steckbrief ‘Hantavirus-Infektionen‘“). Die geografische Verbreitung der Viren folgt in der Regel dem Vorkommen des jeweiligen Reservoirs.

Humane Hantavirus-Infektionen wurden erstmals in den 1980er Jahren in Deutschland beschrieben (siehe Ulrich *et al.*, 2004). Seit der Einführung der

Meldepflicht wurden dem Robert Koch-Institut für den Zeitraum 2001-2021 insgesamt 15.955 Hantavirus-Erkrankungen gemeldet, wobei die Zahl der gemeldeten Fälle zwischen den Jahren stark schwankte (Tabelle 1; Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 16.05. 2022). Im Jahr 2021 wurde erneut eine im Vergleich zum Vorjahr deutlich erhöhte Zahl von gemeldeten Hantavirus-Erkrankungen 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.

Gemeinsame Studien des Nationalen Konsiliarlabors für Hantaviren (Humanmedizin) der Charité - Universitätsmedizin Berlin, dem Nationalen Referenzlabor für Hantaviren (Veterinärmedizin) am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) zusammen mit Kliniker*innen und Labormediziner*innen, lokalen und regionalen Gesundheitsbehörden zeigten eine autochthone humane SEOV-Infektion, die durch eine Heimratte (*Rattus norvegicus*) übertragen worden ist (Hof-

mann *et al.*, 2020), sowie den molekularen Nachweis einer durch TULV verursachten Hantavirus-Erkrankung (Hofmann *et al.*, 2021). Umfangreiche Untersuchungen zum Vorkommen des TULV in Deutschland bestätigten die Feldmaus als Reservoirwirt und führten zur Identifizierung von Faktoren, die die Durchseuchung in den Feldmauspopulationen beeinflussen (Schmidt *et al.*, 2021; Jeske *et al.*, 2021).

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 sowie im Landkreis Coesfeld, Hantavirus-Endemiegebiete in Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen (Binder *et al.*, 2020), 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 wurden Rötelmäuse von Transekten in Niedersachsen/Nordrhein-Westfalen und Thüringen sowie verschiedenen Regionen Bayerns untersucht. Erste Untersuchungsergebnisse zeigten die typische lokale Clusterung von PUUV-Sequenzen (Binder *et al.*, 2020). Interessanter Weise zeigte das Nichtstrukturprotein NSs, unabhängig von der Aminosäuresequenzvariabilität, *in vitro* eine Hemmung der angeborenen Immunität (Binder *et al.*, 2021).

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 (Krüger, 2012). Bei Untersuchungen von Erdmäusen aus Brandenburg sowie der nordischen Wühlmaus (*Microtus oeconomus*) aus

Litauen wurden neue Orthohantavirus-Stämme entdeckt: Traemmerseevirus und Rusnevirus besitzen eine große Ähnlichkeit mit dem in Großbritannien in der Erdmaus gefundenen Tatenalevirus (Jeske *et al.*, 2019; Drewes *et al.*, 2021).

Im Rahmen des RoBoPub-Verbundes und des Vernetzungsprojektes „ZooKoinfekt“ wurden Untersuchungen zu Hantavirus- und Leptospiren-Infektionen bei Nagetieren fortgeführt, um die Verbreitung dieser Erreger genauer zu kartieren und mögliche Koinfektionen beider Erregergruppen aufzudecken. In Thüringen konnten sehr häufig TULV-*Leptospira*-Koinfektionen nachgewiesen werden (Jeske *et al.*, 2021a), während bei einer Studie in Spanien Leptospiren bei Wühlmäusen gefunden wurden, jedoch kein TULV (Jeske *et al.*, 2021b). Bei einer weiteren Studie in Österreich konnte erstmals der DOBV-Genotyp Kurkino gefunden und genetisch charakterisiert sowie Koinfektionen mit anderen Erregern detektiert werden (Jeske *et al.*, 2021c).

Da für Hantaviren nach wie vor keine kausale Therapie und kein zugelassener Impfstoff zur Verfügung stehen, kommt der Expositionsprophylaxe weiterhin große Bedeutung zu (siehe „Hantavirus-Infektion-Informationsblatt“).

Ausblick

Die im Rahmen des Netzwerkes „Nagetier-übertragene Pathogene“ (Ulrich *et al.*, 2009) durchgeführten Untersuchungen zu Orthopockenviren, Rickettsien, und weiteren Erregern sollen mit den Untersuchungsergebnissen zur Hantavirus- und *Leptospira*-Durchseuchung zusammengeführt werden, um mögliche Effekte von Koinfektionen im Nagetierreservoir aufzudecken. Im Rahmen des RoBoPub-Verbundes werden darüber hinaus Umwelt-bezogene Aspekte der Erregerübertragung, Manifestation und Diagnose der humanen Erkrankung sowie soziale Aspekte der Sensibilisierung und Risikowahrnehmung der Bevölkerung und Ärzte untersucht. Darauf basierend soll durch Entwicklung von kleinräumigen Ge-

fahrenkarten, Risikomanagementplänen und Gesundheitsempfehlungen eine Translation der Erkenntnisse für den öffentlichen Gesundheitsdienst erfolgen.

Literaturhinweise

- Binder, F., Ryll, R., Drewes, S., Jagdmann, S., Reil, D., Hiltbrunner, M., Rosenfeld, U.M., Imholt, C., Jacob, J., Heckel, G., Ulrich, R.G. (2020). Spatial and Temporal Evolutionary Patterns in Puumala Orthohantavirus (PUUV) S Segment. *Pathogens*, 9: 548.
- Binder, F., Gallo, G., Bendl, E., Eckerle, I., Ermonval, M., Luttermann, C., Ulrich, R.G. (2021). Inhibition of interferon I induction by non-structural protein NSs of Puumala virus and other vole-associated orthohantaviruses: phenotypic plasticity of the protein and potential functional domains. *Arch. Virol.*, 166(11): 2999-3012.
- Drewes, S., Ali, H.S., Saxenhofer, M., Rosenfeld, U.M., Binder, F., Cuypers, F., Schlegel, M., Röhrs, S., Heckel, G., Ulrich, R.G. (2017). Host-associated absence of human Puumala Virus infections in northern and eastern Germany. *Emerg. Infect. Dis.* 23: 83-86.
- Drewes, S., Jeske, K., Straková, P., Balčiauskas, L., Ryll, R., Balčiauskienė, L., Kohlhause, D., Schnidrig, G.A., Hiltbrunner, M., Špakova, A., Insodaitė, R., Petraitytė-Burkeikienė, R., Heckel, G., Ulrich, R.G. (2021). Identification of a novel hantavirus strain in the root vole (*Microtus oeconomus*) in Lithuania, Eastern Europe. *Infect. Genet. Evol.*, 90: 104520.
- Hofmann, J., Heuser, E., Weiss, S., Tenner, B., Schoppmeyer, K., Esser, J., Klier, C., Drewes, S., Ulrich, R.G., Krüger, D. (2020). Autochthonous Rat-borne Seoul Virus Infection in Woman with Acute Kidney Injury. *Emerg. Infect. Dis.*, 26: 3096-3099.
- Hofmann, J., Kramer S., Herrlinger, K.R.; Jeske, K., Kuhns, M., Weiss, S., Ulrich, R.G., Krüger, D.H. (2021). Tula Virus as Causative Agent of Hantavirus Disease in Immunocompetent Person, Germany. *Emerg. Infect. Dis.*, 27: 1232-1234.
- Jeske, K., Hiltbrunner, M., Drewes, S., Ryll, R., Wenk, M., Špakova, A., Petraitytė-Burkeikienė, R., Heckel, G., Ulrich, R.G. (2019). Field vole-associated Traemmersee hantavirus from Germany represents a novel hantavirus species. *Virus Genes*, 55: 848-853.
- Jeske, K., Jacob, J., Drewes, S., Pfeffer, M., Heckel, G., Ulrich, R.G., Imholt, C. (2021a). Hantavirus-*Leptospira* coinfections in small mammals from central Germany. *Epidemiol. Infection*, 149: e97.
- Jeske, K., Emirhar, D., Garcia, J. T., Gonzalez-Barrio, D., Olea, P. P., Fons, F. R., Schulz, J.; Mayer-Scholl, A.; Heckel, G., Ulrich, R. G. (2021b) Frequent *Leptospira* spp. Detection but Absence of Tula Orthohantavirus in *Microtus* Spp. Voles, Northwestern Spain. *J. Wildlife Dis.*, 57(4): 733-742.
- Jeske, K., Herzig-Straschil, B., Raileanu, C., Kunec, D., Tauchmann, O., Emirhar, D., Schmidt, S., Trimpert, J., Silaghi, C., Heckel, G., Ulrich, R.G., Drewes, S. (2021c). Zoonotic pathogen screening of striped field mice (*Apodemus agrarius*) from Austria. *Transbound. Emerg. Dis.*
- Krüger, D.H. (2012). Molekulare Unterscheidbarkeit der zirkulierenden Hantavirus-Stämme in den verschiedenen Ausbruchsregionen Deutschlands. *Epidemiol. Bulletin des Robert Koch-Instituts*, 25: 228-231.
- Schmidt, S., Reil, D., Jeske, K., Drewes, S., Rosenfeld, U.M., Fischer, S., Spierling, N.G., Labutin, A., Heckel, G., Jacob, J., Ulrich, R.G., Imholt, C. (2021). Spatial and Temporal Dynamics and Molecular Evolution of Tula orthohantavirus in German Vole Populations. *Viruses*, 13: 1132.
- Ulrich, R.G., Meisel, H., Schütt, M., Schmidt, J., Kunz, A., Klempa, B., Niedrig, M., Pauli, G., Krüger, D.H., Koch, J. (2004). Verbreitung von Hantavirusinfektionen in Deutschland. *Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitssch.*, 47: 661-670.

Ulrich, R.G., Heckel, G., Pelz, H.J., Wieler, L.H., Nordhoff, M., Dobler, G., Freise, J., Matuschka, F.R., Jacob, J., Schmidt-Chanasit, J., Gerstengarbe, F.W., Jäkel, T., Süß, J., Ehlers, B., Nitsche, A., Kallies, R., Johne, R., Günther, S., Henning, K., Grunow, R., Wenk, M., Maul, L.C., Hunfeld, K.P., Wölfel, R., Schares, G., Scholz, H.C., Brockmann, S.O., Pfeffer, M., Essbauer, S.S. (2009). Nagetiere und Nagetier-assoziierte Krankheitserreger - das Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“ stellt sich vor. Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitssch., 52: 352-369.

https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00024165/Steckbrief_Hantavirus-Infektionen_2019-11-06.pdf =
<https://bit.ly/2YvW27J>

https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00020232/Hantavirus-Informationenblatt_2019.pdf =
<https://bit.ly/31ljyGB>

Tabelle 3: Zahl gemeldeter Hantavirusfälle beim Menschen in Deutschland seit Einführung des Infektionsschutzgesetzes am 01. Januar 2001
 Fälle entsprechend der Referenzdefinition, Meldepflicht gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG)

Bundesland	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
Baden-Württemberg	58	164	65	120	110	22	1.089	74	83	997	128	1.694	44	224	474	67	807	61	774	96	1.124
Bayern	29	17	18	61	40	12	296	41	21	437	46	438	53	65	134	28	375	31	313	32	309
Berlin	0	1	0	1	2	1	1	3	0	3	0	0	1	0	1	1	4	2	2	0	0
Brandenburg	0	0	1	0	3	0	4	3	0	2	6	7	3	4	5	0	8	2	2	2	2
Bremen	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	2
Hamburg	1	0	0	0	1	0	3	1	2	0	1	6	2	0	2	0	5	2	4	1	2
Hessen	21	8	13	5	34	4	27	12	4	174	13	122	5	8	54	7	103	5	58	5	41
Mecklenburg-Vorpommern	4	8	4	4	4	1	11	11	12	11	5	15	7	15	10	12	9	14	12	9	5
Niedersachsen	10	5	3	11	75	6	93	18	16	123	23	143	14	67	35	54	120	44	186	28	48
Nordrhein-Westfalen	51	19	30	29	143	18	124	61	32	156	62	199	22	161	62	95	200	44	233	44	97
Rheinland-Pfalz	2	2	3	3	10	2	11	4	1	28	7	82	1	6	11	7	49	3	33	4	25
Saarland	1	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	9	0	0	0	1	0	1	1	0	1
Sachsen	0	1	0	2	2	1	5	1	0	3	3	11	2	9	4	3	5	2	8	1	1
Sachsen-Anhalt	1	1	3	2	2	0	3	1	1	6	1	8	0	5	7	3	2	2	7	3	2
Schleswig-Holstein	0	1	1	2	7	5	10	6	9	11	6	14	1	8	6	2	14	9	17	4	8
Thüringen	3	1	3	1	14	0	8	7	0	63	4	73	6	2	24	1	30	12	22	1	3
Unbekannt	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gesamt	2.183	2.230	2.147	2.246	2.452	2.078	3.694	2.251	2.190	4.026	2.316	4.837	2.174	2.588	2.844	2.297	3.748	2.253	3.691	2.250	3.691

Quelle: Robert Koch-Institut, SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 16.05.2022

11. 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, and besides in chickens, clinical signs have been observed only in pheasants, and, in few cases, turkeys. Surviving animals establish a lifelong 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 ILTV live vaccines are in use for prevention of severe disease. In several countries outside the European Union recombinant vectored vaccines are also licensed. They are based on the non-pathogenic herpesvirus of turkeys or attenuated fowlpox viruses and contain single envelope glycoproteins of ILTV. During the last ten years, between 14 and 49 cases of ILT were notified in Germany, indicating an upward trend. In 2021, ILT was diagnosed in 32 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 2021, the NRL received no samples from suspect chickens for verification of ILTV infection, but has validated several commercial diagnostic tests. Because of the limited economical relevance of ILT, fundamental or clinical research is currently not being done at the FLI.

Laboratory diagnostics

Besides the ILTV glycoprotein L gene-specific Taq-Man real-time PCR described in the official methods collection of the FLI a commercially distributed DNA test was validated by the NRL and homologated for use in Germany in September 2020. This test (“Kylt ILT Real-Time PCR Detection Kit”) is based on a published PCR, which amplifies a 103 base pair fragment of the glycoprotein C gene of ILTV (SA Callison et al. 2007, J Virol Methods 139:31- 38). Like the method developed at the FLI the commercial test also includes an internal control PCR for detection of a host cell gene to exclude false negative results caused by the absence of intact DNA or the presence of inhibitors in the tested samples. The commercial and the FLI test show similar sensitivities, and the commercial test has the advantages of easy handling of the ready to use reaction mix, and a slightly shorter reaction time. However, control sequencing of the PCR products of the commercial test is not intended and rather difficult because of their low size. Currently, the lot 21ILT-01 (usable until April 2023) of the “Kylt ILT RealTime PCR Detection Kit” provided by AniCon Labor GmbH is authorized for use in Germany.

Furthermore, the NRL has validated new batches of the “ID Screen ILT Indirect ELISA“, which is distributed by Innovative Diagnostics (ID.vet), and detects specific serum antibodies on test plates which are coated with inactivated ILT virus. The new lots 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). Furthermore, 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 approved and currently usable batches of the “ID Screen ILT Indirect ELISA“ (I19, expiry date 04/2023, and J54, expiry date 02/2024) are available.

In addition to this ELISA a second infectious laryngotracheitis antibody test kit has been validated by the NRL and homologated for use in Germany on 23 November 2021. This ILT ELISA (item no. CK124) of the British company BioCheck also permits indirect detection of ILTV specific antibodies in chicken sera using virus-coated plates. In both tests the sera have to be used at dilutions of 1 : 500, and the results exhibited very similar specificities and sensitivities. Also labor input and time need for the tests from ID.vet and BioCheck are comparable. The currently usable batches FS8434 (expiry 21 October 2022), FS8499 (expiry 15 December 2022), FS8593 (expiry 24 February 2023), and FS8717 (expiry 14 April 2023) of the BioCheck ILT ELISA have been tested by the NRL and are authorized for use.

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 ILT Lebendvirusimpfstoffe eingesetzt werden. In einigen Ländern außerhalb der EU sind darüber hinaus auch gentechnisch hergestellte Vektorimpfstoffe zugelassen. Diese basieren auf dem apathogenen Putenherpesvirus oder abge-

schwächten Vogelpockenviren und enthalten einzelne Hüllglykoproteine des ILTV. In Deutschland schwankte die Zahl der gemeldeten ILT-Ausbrüche in den letzten zehn Jahren zwischen 14 und 49 und zeigte eine leicht ansteigende Tendenz. Im Jahr 2021 wurde die ILT in 32 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) von den regionalen Untersuchungsämtern nur sehr wenige Proben zur Überprüfung. Im Jahr 2021 erhielt das NRL keinerlei Einsendungen von Probenmaterial aus ILT-verdächtigen Tieren und musste lediglich einige kommerziell erhältliche diagnostische Tests validieren. Wegen der begrenzten wirtschaftlichen Bedeutung der ILT in Europa werden zurzeit am FLI keine weiterführenden Forschungsarbeiten an deren Erreger durchgeführt.

Labordiagnostische Untersuchungen

Inzwischen wurde neben der in der amtlichen Methodensammlung beschriebenen, für das Glykoprotein L-Gen der ILTV-spezifischen TaqMan real-time PCR auch ein kommerziell erhältlicher DNA-Test durch das NRL validiert und im September 2020 amtlich zugelassen. Dieser Test (Kylt ILT RealTime PCR Detection Kit) wurde bereits vorher von einigen Untersuchungsämtern auf Grundlage von Ausnahmegenehmigungen genutzt und basiert auf einer publizierten PCR, die ein 103 Basenpaare großes Fragment des Glykoprotein C-Gens von ILTV amplifiziert (SA Callison et al. 2007, J Virol Methods 139:31-38). Wie die am FLI entwickelte Methode umfasst der kommerzielle Test auch eine interne Kontroll-PCR zur Detektion eines Wirtszellgens, um durch das

Fehlen intakter DNA oder die Anwesenheit von Inhibitoren in den Proben bedingte falsch negative Resultate auszuschließen. Der kommerzielle und der FLI-Test zeigen eine vergleichbare Sensitivität, wobei sich ersterer durch eine einfachere Handhabung des fertig vorbereiteten Reaktionsmixes und eine etwas kürzere Reaktionszeit auszeichnet. Allerdings ist bei dem kommerziellen Test eine Kontrollsequenzierung der PCR-Produkte nicht vorgesehen und wegen deren sehr geringer Größe auch nur schwer möglich. Aktuell ist in Deutschland die Charge 21ILT:01 (verwendbar bis April 2023) des „Kylt ILT Real-Time PCR Detection Kit“ der AniCon Labor GmbH amtlich zugelassen.

Des Weiteren wurden vom NRL weitere Chargen des amtlich zugelassenen serologischen Tests „ID Screen ILT Indirect ELISA“ der Firma Innovative Diagnostics (ID.vet) validiert, der spezifische Serumantikörper auf mit inaktivierten ILT-Virus beschichteten Testplatten nachweist. Die neuen Chargen 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 sind auf Empfehlung des NRL zwei derzeit verwendbare Chargen des „ID Screen ILT Indirect ELISA“ freigegeben (I19, verwendbar bis April 2023 und J54, verwendbar bis Februar 2024).

Neben dem oben erwähnten ELISA erhielt nach Prüfung durch das NRL am 23. November 2021 ein weiteres Antikörper-Testkit für das ILT-Virus die Amtliche Zulassung nach § 11 Abs. 2 TierGesG. Bei diesem ILT ELISA (Art.-Nr. CK124) der britischen Firma BioCheck erlaubt ebenfalls den indirekten Nachweis ILTV-spezifischer Antikörper in Hühnerseren mittels Virus-beschichteter Testplatten. Für beide Tests sind die Seren in einer Verdünnung von 1 : 500 einzusetzen und die Ergebnisse zeigen eine sehr ähnliche Spezifität und Sensitivität. Auch der Arbeits- und Zeitaufwand für die Durchführung der Tests von ID.vet und BioCheck ist vergleichbar. Von dem BioCheck ILT ELISA wurden die derzeit verwendbaren Chargen FS8434 (bis 21. Oktober 2022), FS8499 (bis 15. Dezember 2022), FS8593 (bis 24. Februar 2023) und FS8717 (bis 14. April 2023) durch das NRL validiert und freigegeben.

12. Milzbrand - Anthrax

Elschner, M.C., Brangsch, H.

Summary

Anthrax is a bacterial disease caused by the spore forming *Bacillus anthracis*, an encapsulated, gram-positive, rod-shaped bacterium. Anthrax is primarily a disease of herbivorous animals, although all mammals including humans are susceptible. Humans are at risk, if they come into direct contact with an infected animal. Anthrax is a notifiable zoonotic disease, and only single animal cases were notified during the last two decades in Germany. In 2021, two anthrax outbreaks were notified in one population in Bavaria. The diagnosis is based on pathological, microbiological and molecular biological positive results.

Zusammenfassung

Milzbrand ist eine Infektionskrankheit, die durch das sporenbildende Bakterium *Bacillus anthracis*, ein verkapseltes, gram-positives, stäbchenförmiges Bakterium, verursacht wird. Milzbrand ist in erster Linie eine Krankheit pflanzenfressender Tiere, obwohl alle Säugetiere einschließlich des Menschen dafür empfänglich sind. Der Mensch ist gefährdet, wenn er in direkten Kontakt mit einem infizierten

Tier kommt. Milzbrand ist eine anzeigepflichtige Zoonose, und in den letzten zwei Jahrzehnten wurden in Deutschland nur einzelne Fälle bei Tieren gemeldet. Im Jahr 2021 wurden zwei Milzbrandausbrüche in einer Population in Bayern angezeigt. Die Diagnose stützt sich auf positive pathologische, mikrobiologische und molekularbiologische Ergebnisse.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Identifizierung von *Bacillus (B.) anthracis* basiert neben der Kultur auf der parallelen Amplifikation spezifischer Sequenzabschnitte unterschiedlicher kodierender Regionen auf dem Plasmid pX01 (*cya*-Gen; Anthrax-Toxin Komponente), auf dem Plasmid pX02 (*capB*-Gen, Komponente notwendig für die Polyglutamatsynthese) sowie auf dem bakteriellen Chromosom (Prophage lambdaBa03-PL3). Der Vergleich der Isolate erfolgte anhand ihrer Genomsequenzen, die mittels Illumina-Technologie ermittelt wurden. Auf dieser Grundlage wurden Einzelnukleotidmutationen (SNPs) identifiziert und ein Core genome multilocus sequence typing (cgMLST) durchgeführt. Für diese Untersuchung wurden Isolate der Ausbrüche 2009, 08/2021 und 11/2021 analysiert (Tabelle 1).

Tabelle 1: Analyzierte B. anthracis-Isolate aus Deutschland

Isolat FLI-Nr.	Bestand	Bundesland	Monat/Jahr des Ausbruchs
09RA5721	Bestand A LK Rosenheim	Bayern	2009
21RA23352	Bestand A LK Rosenheim	Bayern	08/ 2021
21RA23353	Bestand A LK Rosenheim	Bayern	08/ 2021
22RA24318	Bestand A LK Rosenheim	Bayern	11/ 2021
12RA1944	Betrieb B Stendal	Sachsen-Anhalt	2012
12RA1945	Betrieb B Stendal	Sachsen-Anhalt	2012
12RA1949	Betrieb B Stendal	Sachsen-Anhalt	2012
14RA5914	Betrieb C Dobichau	Sachsen-Anhalt	2014
14RA5915	Betrieb C Dobichau	Sachsen-Anhalt	2014
14RA5916	Betrieb C Dobichau	Sachsen-Anhalt	2014

Sowohl die SNP-Analyse als auch das cgMLST ergaben, dass die Isolate aus den drei Ausbrüchen in Bayern 2009, 08/2021 und 11/2021 nahezu identisch sind, sich aber deutlich von den Isolaten aus Sachsen-Anhalt unterscheiden (Abbildung 1). Die bayerischen Isolate weisen weiterhin eine hohe Ähnlichkeit zu Isolaten aus dem österreichischen Bundesland Tirol auf (Braun et al. 2022), während die anderen deutschen Ausbruchsisolate mit Stämmen aus Frankreich und Dänemark clustern.

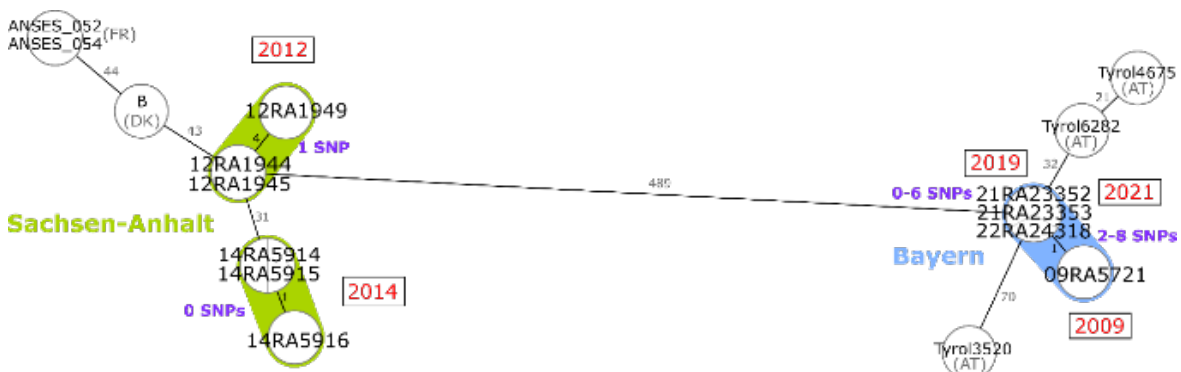


Abbildung 1: Minimum Spanning-Baum basierend auf cgMLST-Allelunterschieden, erstellt mit Ridom SeqSphere+ v7.7. Die Zahlen an den Strichen geben Allelunterschiede an, die lila Angaben sind die Ergebnisse der SNP-Analyse.

Statistische Angaben

In Deutschland tritt Milzbrand nur noch sporadisch und bevorzugt in bestimmten Gegenden auf. Hierbei handelt es sich beispielsweise um Flussniederungen, die häufigen Überschwemmungen ausgesetzt sind. Die Krankheit ist in den letzten Jahrzehnten in Deutschland zahlenmäßig beträchtlich zurückgegangen (s. Abbildung 2), weil erkrankte Tiere in den

Tierkörperbeseitigungsanstalten beseitigt werden, die Einfuhr von Tierhäuten und Knochen überwacht wird und die Einfuhr von Knochen-, Fleisch- und Tierkörpermehlen verboten ist.

Im Jahr 2021 wurden nach den letzten Ausbrüchen in Sachsen-Anhalt 2012 und 2014, in Bayern zwei Primärausbrüche gemeldet (25.08.2021, 19.11.2021).

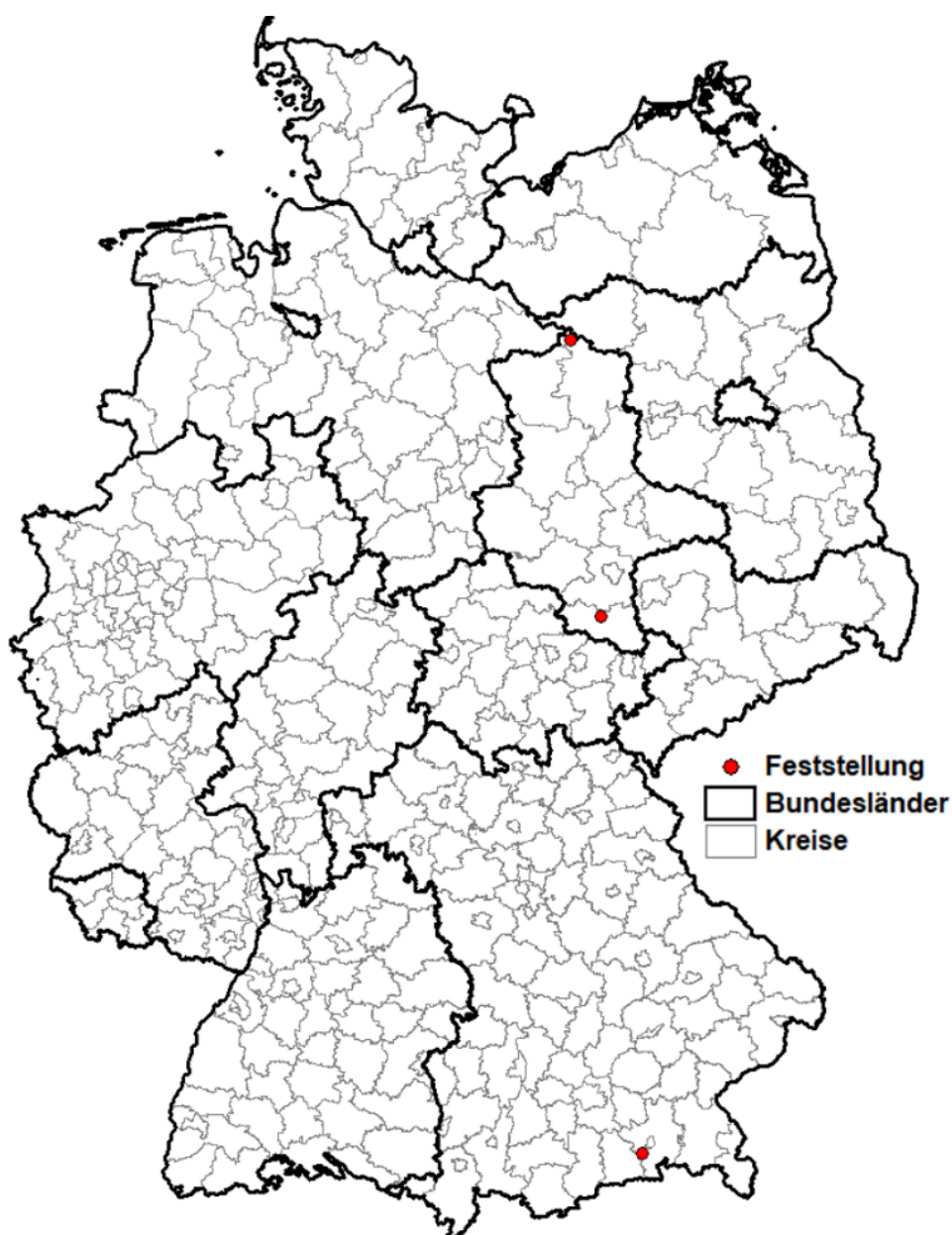


Abbildung 1: Milzbrandausbrüche in Deutschland 2009 - 2021

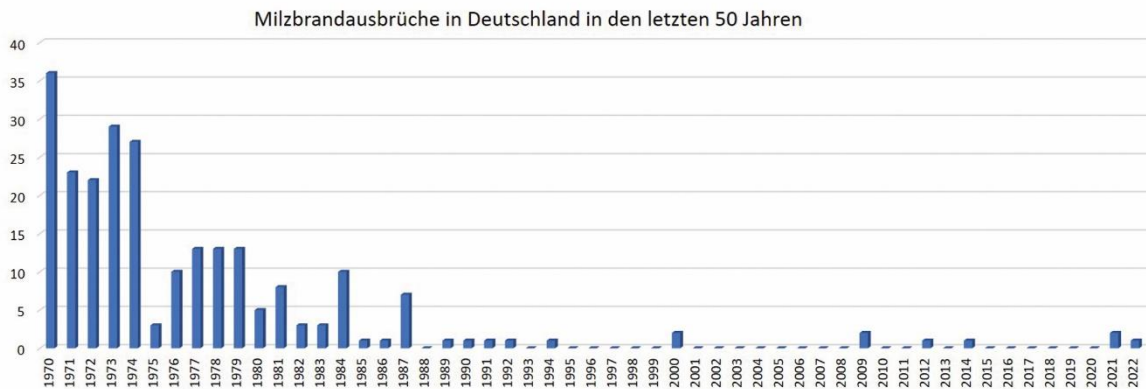


Abbildung 2: Milzbrandausbrüche in Deutschland seit 1970, TSN gemeldete Fälle

Epidemiologische Untersuchungen

Die beiden Ausbrüche in Bayern 2021 eigneten sich im gleichen Betrieb, wo im August und November 2021 zwei Tiere an Milzbrand verendeten. Es kann vermutet werden, dass die Infektionsquelle für die 2 Ausbrüche in Bayern identisch ist. Bereits 2009 verendeten im gleichen sowie in einem angrenzenden Betrieb 3 Rinder infolge einer Infektion mit *B. anthracis*. Der Ausbruch ereignete sich auch damals nach starken Regenfällen, die die Weiden sehr tief durchnässten. Auf der Weide war 2-3 Jahre zuvor Erdaushub aus einem Stallbau ausgebracht worden. Die angesprochenen Stellen wurden damals rasterartig beprobt, ebenso die Fundstellen der Tiere auf der Weide bzw. die Ablageorte der Kadaver, und am Konsiliarlabor der Universität Hohenheim untersucht und eine enorme Kontamination der Weide mit Sporen wurde nachgewiesen (Lagebericht zum Ausbruch, Veterinäramt Rosenheim, 2009). Auch vor den Ausbrüchen im August und November 2021 hatte es stark geregnet wodurch es vermutlich wieder zum Aufschwemmen von Sporen kam. Der in den Bodenproben nachgewiesenen *B. anthracis*-Genotyp stimmte mit dem Isolat aus dem verendeten Tier überein (Braun et al. 2022). Das Isolat aus dem Ausbruch im November 2021 kann als identisch zum Ausbruchsisolat vom August 2021 angesehen werden. Bisher konnten die Infektionsquellen nicht identifiziert werden und die Ermittlungen dazu lau-

fen noch im zuständigen Veterinäramt. Die Ausbruchsfolge zeigt, dass einmal kontaminierte Gebiete für lange Zeit ein Risiko für die Weidetiere darstellen können und auch nach durchgeführten Desinfektionsmaßnahmen keine absolute Sicherheit erreicht werden kann.

Forschung

Im Rahmen der Tätigkeit als NRL werden insbesondere die Methoden zur sequenzbasierten Analyse von Ausbrüchen weiterentwickelt. Die Ganzgenomsequenzierung (WGS) wird für die bakterielle Subtypisierung, zur Erforschung der Übertragung von Krankheitserregern, zur Untersuchung von Ausbrüchen und zur Routineüberwachung eingesetzt. Core genome multilocus sequence typing (cgMLST) ist eine Methode zur bakteriellen Subtypisierung unter Nutzung von WGS Daten. In einer Studie fand die Entwicklung eines neuen cgMLST-Schema für *B. anthracis* statt (Abdel Glil et al. 2021). Zusammenfassend stellt diese Studie ein neuartiges cgMLST-Schema vor, das eine hochauflösende Stammtypisierung für *B. anthracis* ermöglicht. Als weitere Typisierungsmethode kann ein Vergleich der SNP-Unterschiede anhand der Genomsequenzen oder Sequenzierungsrohdaten mehrerer *B. anthracis* Stämme herangezogen werden.

Staatliche Maßnahmen (Bekämpfungsprogramme, Impfungen, etc.)

Innerhalb des neuen Tierseuchenrechtsaktes der EU gehört Milzbrand (betreffend Unpaarhufer, Paarhufer und Rüsseltiere) zu den gelisteten Krankheiten der Kategorien D und E. Bei Ausbrüchen müssen Maßnahmen gegen die Ausbreitung im Zusammenhang mit dem Eingang in die Union oder mit Verbringungen zwischen den Mitgliedstaaten getroffen werden und die Erkrankung wird innerhalb der Union überwacht.

Nachdem in Deutschland ein Milzbrandausbruch amtlich festgestellt wurde, werden von den zuständigen Veterinärämtern gemäß der ‚Verordnung zum Schutz gegen Milzbrand und Rauschbrand‘ die erforderlichen Maßnahmen eingeleitet, um die weitere Ausbreitung zu verhindern. Bestandssperrungen können 14 Tage nach dem Erlöschen des Milzbrandes aufgehoben werden.

Mitgeltende Rechtstexte:

- Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 9. März 2016 zu Tierseuchen und zur Änderung und Aufhebung einiger Rechtsakte im Bereich der Tiergesundheit („Tiergesundheitsrecht“)
- VO (EU) 2016/429 Tiergesundheitsrecht, Anhang II „Liste der Seuchen“ (geändert durch VO (EU) 2018/1629): Milzbrand
- Tiergesundheitsgesetz in der jeweils geltenden Fassung
- Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen in der jeweils geltenden Fassung
- Verordnung zum Schutz gegen den Milzbrand und den Rauschbrand vom 23. Mai 1991 (BGBl. I S. 1172) in der jeweils geltenden Fassung.

Zoonosepotential

Nach Infektionsschutzgesetz ist der Verdacht auf Milzbrand sowie die Erkrankung oder Tod an Milzbrand meldepflichtig. Der Mensch infiziert sich fast ausschließlich durch direkten oder indirekten Kontakt (Schmutz- und Schmierinfektion) mit infizierten Tieren. Ein berufsbedingtes Infektionsrisiko kann bei Personen bestehen, die sich mit der Be- und Verarbeitung tierischer Produkte (z.B. Tierhäute, Felle, Knochen) beschäftigen. Bei Ausbrüchen ermittelte Personen mit unmittelbarem oder mittelbarem Kontakt zu den infizierten Tieren werden vom Gesundheitsamt bezüglich einer Postexpositionsprophylaxe mit Antibiotikum beraten.

Literaturhinweise

Braun P, Beyer W, Hanczaruk M, Riehm JM, Antwerpen M, Otterbein C, Oesterheld J, Grass G. Re-occurring Bovine Anthrax in Germany on the Same Pasture after 12 Years. *J Clin Microbiol.* 2022 Mar 16;60(3): e0229121. doi: 10.1128/jcm.02291-21. Epub 2022 Mar 16. PMID: 35195442; PMCID: PMC8925895.

Abdel-Glil MY, Chiaverini A, Garofolo G, Fasanella A, Parisi A, Harmsen D, Jolley KA, Elschner MC, Tomaso H, Linde J, Galante D. A Whole-Genome-Based Gene-by-Gene Typing System for Standardized High-Resolution Strain Typing of *Bacillus anthracis*. *J Clin Microbiol.* 2021 Jun 18;59(7):e0288920. doi: 10.1128/JCM.02889-20. Epub 2021 Jun 18. PMID: 33827898.

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 wild and zoo ruminants are also affected. Significant regional differences regarding between-herd prevalence in cattle have been observed. In 2021, 371 cases in ruminants were reported in TSN. The disease is not prevalent in South American camelids (SAC) in Germany. *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) was not detected in environmental samples from 43 herds of SAC in Central Germany.

Research at the FLI is directed on different topics. MAP specific recombinant and synthetic antigens as well as volatile organic compounds (VOC) were assessed for their potential to optimize the early diagnosis of paratuberculosis (ParaTB). A field study was conducted to explore sources of exposure of goat kids with MAP with particular focus on udder skin and colostrum of goats after lambing. The results revealed a very low contamination of udder skin and colostrum, indicating a rather low risk of transmission of MAP via this route.

In 2021 the circular closed sequence of a MAP type S/ type III strain (JIII-386) was published. The strain had been isolated from a sheep of a migratory sheep flock in North Rhine-Westphalia and is characterized by very slow cultural growth. JIII-386 is globally the first and only MAP strain that was closed using Nanopore-long sequence read technology. This closed whole genome sequence is indispensable to reveal phylogenetic relationships and to assess changes in the genome of evolutionary importance.

The role of the gut microbiota of the host in the pathogenesis of ParaTB gained increasing importance in recent years. Aim of an ongoing study is

to elucidate the impact of the commensal gut microbiota of goats on the initial stage and the further progress of MAP infection. Differences in the richness and distance of the fecal microbiota of goats of three different age groups (lambs, juvenile and adult goats) were observed in a ParaTB non-suspect herd. Furthermore, richness and distance of the microbiota isolated from the small and large intestines of ParaTB non-suspect and clinically affected goats differed significantly.

The National Recommendations for Hygienic Requirements in Ruminant Husbandry, which contain special recommendations for measures against paratuberculosis in cattle husbandry are further in place. In November 2017, a control ordinance for paratuberculosis was set in force in Lower Saxony.

Zusammenfassung

Die ParaTB ist in Rinderbeständen in ganz Deutschland verbreitet (Abb. 1), betrifft aber ebenso Schaf- und Ziegenbestände sowie Wild- und Zoowiederkäuer. Die scheinbare Herdenprävalenz bei Rindern weist signifikante regionale Unterschiede auf. Im Jahr 2021 wurden im TSN 371 Fälle bei Wiederkäuern erfasst. Bei Neuweltkameliden (NWK) in Deutschland tritt die Erkrankung bisher selten auf. Untersuchungen von Umgebungskotproben in 43 Beständen aus Mitteldeutschland verliefen negativ.

Am FLI werden verschiedene Forschungsschwerpunkte bearbeitet. Dazu gehören die Optimierung der (Früh-)Diagnostik der ParaTB durch den Einsatz MAP-spezifischer rekombinanter und synthetischer Antigene sowie die Nutzung flüchtiger organischer Substanzen als Biomarker. Im Rahmen einer Feldstudie wurden Expositionsquellen für Ziegenlämmer mit MAP untersucht. Im Mittelpunkt standen das

Vorkommen von MAP auf der Euterhaut sowie im Kolostrum frisch laktierender Ziegen. Die Ergebnisse wiesen auf eine sehr geringe Kontamination der Euterhaut und des Kolostrums hin, so dass das Risiko einer Übertragung des Erregers auf diesem Weg als gering eingeschätzt werden kann.

Im Jahr 2021 wurde die zirkulär geschlossene Sequenz eines MAP-Typ S/ Typ III Stammes (JIII-386) publiziert, der aus einem Schaf einer Wanderschafherde in Nordrhein-Westfalen isoliert worden war und sich durch ein äußerst langsames Wachstum auszeichnet. JIII-386 ist der erste und bisher einzige MAP-Stamm weltweit, der mittels Nanopore-*long sequence read technology* geschlossen wurde. Diese Vollgenomsequenz ist für die Untersuchung phylogenetischer Zusammenhänge und evolutionär wichtiger Veränderungen im MAP-Genom unablässig.

Im Rahmen der Forschung zur Pathogenese der ParaTB wurde nunmehr das Darmmikrobiom des Wirtes in den Fokus gerückt. Ziel ist es, den Einfluss der kommensalen Mikrobiota im Darm von Ziegen auf die initiale Phase und das Fortschreiten der MAP-Infektion zu untersuchen. Es wurden Unterschiede in der Reichhaltigkeit und Distanz der Mikrobiota aus dem rektalen Kot von Ziegen dreier Altersklassen (Milchlämmer, juvenil, adult) in einem ParaTB-unverdächtigen Bestand beobachtet. Darüber hinaus wies die Mikrobiota aus dem Dünn- und Dickdarminhalt ParaTB-unverdächtigter und klinisch erkrankter adulter Ziegen signifikante Unterschiede in der Reichhaltigkeit und Distanz auf.

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 ParaTB erfolgt in Deutschland in den Untersuchungsämtern der Länder bzw. der Tiergesundheitsdienste. Das NRL 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. Die im Jahr 2018 begonnenen Studien zur Optimierung des kulturellen Nachweises von MAP in Kotproben vom Schaf wurden abgeschlossen. Derzeit findet die Auswertung der Daten statt. Die methodischen Empfehlungen werden bei einer der nächsten Aktualisierungen in die Amtliche Methodensammlung eingehen.

Im vierten Quartal 2021 erfolgte der Versand der Proben im Rahmen der Laborvergleichsuntersuchung zum kulturellen bzw. molekularbiologischen Nachweis von MAP in Kotproben von Rindern an insgesamt 33 Labore in Deutschland, Frankreich, Luxemburg, Österreich und der Schweiz. Die Ergebnisse der Studie liegen erst Mitte 2022 vor.

Weiterhin ist das NRL an der Zulassung und Chargenprüfung kommerziell verfügbarer diagnostischer Tests beteiligt. Im Jahr 2021 wurde an der Bearbeitung eines Zulassungsantrags mitgewirkt, außerdem wurden 25 Chargenprüfungen von ELISA- und qPCR-Kits durchgeführt.

Die labordiagnostischen Untersuchungen konzentrierten sich auf Kot- und Organproben von kleinen Wiederkäuern, NWK und von Wildwiederkäuern aus zoologischen Gärten und Tierparks mit ParaTB-Verdacht.

Statistische Angaben

Die ParaTB ist in Deutschland eine meldepflichtige Tierkrankheit. Im TSN wurden im Jahr 2021 bei Rindern 350 Fälle, 8 Fälle bei Schafen und 13 Fälle bei Ziegen erfasst (Tab. 1), die in ganz Deutschland auftraten (Abb. 1). Auffällig ist die hohe Anzahl an Meldungen aus Sachsen (n=208), von denen ca. 61 % aus

Monitoring-Untersuchungen resultierten. Im Gegensatz dazu wurden aus Niedersachsen nur sehr wenige Fälle gemeldet (n=5), obwohl die Niedersächsische Paratuberkulose-Verordnung zur Untersuchung auf ParaTB verpflichtet. Dies kann dadurch bedingt sein, dass vorwiegend serologisch auf ParaTB untersucht wird und dass ein positiver Antikörpernachweis gemäß Falldefinition keinen Fall begründet. Als häufigste Untersuchungsgründe wurden klinischer Seuchenverdacht (n=160) und Monitoringuntersuchungen (n=147) benannt. Auch ca. 70 % der Meldungen aus Thüringen resultierten aus Monitoring-Untersuchungen. Bei 31 Fällen erfolgten keine Angaben des Untersuchungsgrunds. Als primäre diagnostische Methode kamen die PCR (n=182) und die Bakterienisolierung (n=139) zur Anwendung. Demnach wurde 2021 die PCR erstmals häufiger als primäre diagnostische Methode eingesetzt als die kulturelle Anzucht. Zweiundzwanzig Feststellungen basierten ausschließlich auf der serologischen Diagnostik bzw. dem Antikörper-Nachweis, obwohl gemäß Falldefinition der Antikörper-Nachweis nur den Verdacht auf ParaTB begründet.

Epidemiologische Untersuchungen

MAP scheint bei NWK in Deutschland bisher noch wenig verbreitet zu sein. Im Jahr 2020 wurden insgesamt 43 Bestände in Mitteldeutschland mit negativem Ergebnis auf das Vorkommen von ParaTB in Umgebungskotproben untersucht. In einer weiteren Studie in Zusammenarbeit mit der Justus-Liebig-Universität Gießen soll nun neben anderen Tierseuchen und Zoonosen das Vorkommen von ParaTB in NWK-Beständen in anderen Bundesländern abgeklärt werden.

In Deutschland sind Rinderbestände flächendeckend von der ParaTB betroffen (s. Abb. 1). Eine Deutschland-weite Studie (PraeMAP) zeigte signifikante Unterschiede in der scheinbaren Prävalenz der Erkrankung auf Herdenebene auf (Norden: 12,0 %, Osten: 40,6 %, Süden: 2,9 %) [[https://](https://doi.org/10.3390/ani12040447)

doi.org/10.3390/ani12040447].

In der Vergangenheit wurden mittels einer am NRL für ParaTB etablierten Multiplex-Genotypisierungsmethode etwa 500 MAP-Isolate, vorwiegend von Rindern, charakterisiert und dadurch eine Grundlage für molekular-epidemiologische Untersuchungen geschaffen. Die ParaTB tritt in Deutschland jedoch ebenfalls bei frei lebenden Wildtieren und kleinen Wiederkäuern (in privater Haltung oder in Zoologischen Gärten) auf. Die Charakterisierung von MAP-Isolaten war 2021 auf Isolate von diesen Tieren fokussiert.

Forschung

Die Optimierung der Diagnostik der ParaTB, u.a. durch den Einsatz MAP-spezifischer rekombinanter und synthetischer Antigene sowie durch die Nutzung flüchtiger organischer Substanzen (*volatile organic compounds*, kurz VOC) als Biomarker bilden wesentliche Schwerpunkte des wissenschaftlichen Interesses.

Ein weiterer Forschungsschwerpunkt liegt auf der Identifizierung von Expositionsquellen für MAP in Milchziegenbeständen. Die orale Aufnahme des Erregers in den ersten Lebensstagen wird als die Hauptinfektionsroute für ParaTB angesehen. Dies kann über direkten Kontakt zu kontaminierten Fäzes oder durch die Aufnahme von MAP-haltigem Kolostrum erfolgen. Man geht davon aus, dass Kolostrum entweder durch laktogene Ausscheidung oder durch einen Eintrag aus der Umwelt mit MAP kontaminiert wird. In einer ParaTB-infizierten Milchziegenherde wurden Kolostrum und die Euterhaut auf das Vorkommen von MAP untersucht. Von 55 Ziegen wurden insgesamt 110 individuelle Kolostrumproben vor und nach einer Desinfektion der Euterhaut mit einem mykobakteriziden Desinfektionsmittel, 14 Mischkolostrum und 49 Tupferproben von der unbehandelten Euterhaut entnommen. Die Kolostrumproben wurden mittels qPCR, die 49 Tupferproben kulturell so-

wie ein Teil davon (n=29) ebenfalls mittels qPCR untersucht. In keiner der Kolostrumproben, jedoch in 10,3 % (3/29) der Eutertupfer konnte MAP-DNS nachgewiesen werden. Die kulturelle Anzüchtung von MAP verlief vollständig negativ. Diese Ergebnisse sind ein Hinweis auf eine sehr geringe Kontamination der Euterhaut und des Kolostrums von Milchziegen mit MAP, so dass das Risiko einer Übertragung des Erregers auf diesem Weg als gering eingeschätzt werden kann.

Für das zuverlässige Identifizieren von Unterschieden zwischen Mykobakterienstämmen einer Spezies und von evolutionär wichtigen Veränderungen im Genom ist ein Vergleich von geschlossenen Vollgenomsequenzen unablässig. Im Jahr 2021 konnte durch uns die zirkulär geschlossene Sequenz eines sehr langsam wachsenden MAP-Typ S/ Typ III Stammes, JIII-386, isoliert aus einem Tier einer Wanderschafherde in Nordrhein-Westfalen, publiziert werden [5]. Aufgrund des hohen GC-Anteils, der vielen repetitiven Sequenzen im Genom und des extrem langsamen Wachstums ist es sehr schwer, das Genom dieser Art von MAP-Stämmen *de novo* zu assemblieren und zu schließen. JIII-386 ist der erste und bisher einzige MAP-Stamm weltweit, der mit Hilfe der Nanopore-*long sequence read technology* geschlossen wurde. Dazu wurden Illumina-Vollgenom-*shotgun*-Sequenzdaten des zuvor publizierten *draft* Genoms (Möbius et al., 2015), genutzt um die durch die Nanopore-Technologie erhaltene Sequenz zu „polieren“. Wir konnten mit Hilfe der neuen Sequenz nicht nur Unterschiede zu einem MAP-S-Typ III Stamm aus Amerika aufdecken, sondern vor allem das Vorkommen von spezifischen Large-Sequenz-Polymorphismen (LSPs) zwischen den MAP-C und den MAP-S Genomsequenzen und im Vergleich zu anderen Vertretern des *Mycobacterium-avium*-Komplexes validieren.

Im Rahmen der Forschung zur Pathogenese der ParaTB wurde erstmalig das natürliche Darmmikrobiom der Wirtstiere in den Fokus gerückt. Ziel dieser

Studien ist es, den möglichen Einfluss der kommensalen Mikrobiota im Darmsystem von Ziegen auf den natürlichen Ausbruch und das Fortschreiten der ParaTB zu untersuchen. Dabei wird die Zusammensetzung und Funktion der bakteriellen Darm-Mikrobiota von an ParaTB klinisch erkrankten, mit der von mit MAP infizierten und der von gesunden adulten Ziegen verglichen. Alle beprobten und noch zu beprobenden Tiere gehören zur gleichen Rasse („Thüringer Wald Ziege“) und stammen aus einem Betrieb R mit und einem Betrieb P ohne ParaTB-Vorgeschichte. Eine Longitudinalstudie zur Identifizierung der bakteriellen Zusammensetzung des rektalen Kotes in Abhängigkeit vom Lebensalter der Tiere (vom Milchlamm bis zum adulten Tier) in beiden Betrieben dient als Grundlage. Die Proben für die Vergleichsuntersuchungen an gesunden und kranken Tieren stammen von sieben verschiedenen Darmabschnitten. Das intestinale und fäkale bakterielle Mikrobiom wurde mittels 16S rRNA Sequenzierung bestimmt.

Erste Ergebnisse der 16S rRNA Sequenzauswertungen mittels Mikrobiom-Explorer „Namco“ (doi.org/10.1101/2021.12.15.471754) im Rahmen der Longitudinalstudie zeigten das Auftreten von insgesamt 624 Amplikon-Sequenzvarianten [ASVs] im rektalen Kot der untersuchten Ziegen. Unterschiede wurden bezüglich der Alpha- and Beta-Diversität (Reichhaltigkeit und Distanz) der bakteriellen rektalen Darm-Mikrobiota ($p < 0.001$) von Ziegen aus Betrieb P zwischen drei verschiedenen Altersgruppen und zwischen Milchlämmern der beiden verschiedenen Betriebe gefunden. Die Differenzialanalyse detektierte Unterschiede in der relativen Abundanz von 37 Bakterienfamilien zwischen diesen verschiedenen Gruppen ($p < 0.001$). Unter anderem waren fünf Bakterienfamilien bei den Milchlämmern beider Betriebe noch nicht nachweisbar; sie tauchten erst bei den juvenilen Tieren auf. Die Mikrobiota im rektalen Kot der Milchlämmer aus Betrieb R wies bei 12 Bakterienfamilien signifikante Unterschiede

gegenüber den Ziegen aller drei Altersgruppen aus Betrieb P auf. Bei bisherigen Vergleichen zwischen gesunden und klinisch kranken adulten Ziegen (aus verschiedenen Betrieben) zeigte die bakterielle Mikrobiota aus dem Inhalt des Dünndarms (Jejunum und Ileum) und des Dickdarms (proximaler Kolon und Rektum) eine höhere Alpha-Diversität ($p < 0.05$) bei den gesunden gegenüber den klinisch kranken Ziegen und eine unterschiedliche Beta-Diversität ($p < 0.01$). Die differenzielle Analyse wies im Dünndarm eine höhere relative Abundanz u.a. von *Peptostreptococcaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Chlostridiaceae*; und eine erniedrigte rel. Abundanz von *Christensenellaceae*, *Atopobiaceae*, *Oscillospiraceae* und *Ruminococcaceae* auf. Der Vergleich der bakteriellen Mikrobiota aus dem rektalem Kot von adulten Ziegen, alle aus Betrieb R, ergab wiederum eine höhere Alpha-Diversität bei den klinisch gesunden gegenüber den klinisch kranken Ziegen ($p < 0.02$) und eine unterschiedliche Beta-Diversität ($p < 0.05$). Die Untersuchungen im Rahmen der Mikrobiomforschung sind sehr komplex und langwierig. Eine deutlich größere Anzahl an Proben für alle Altersgruppen in beiden Betrieben sowie zum Vergleich der gesunden mit den erkrankten Tieren werden in weitere Vergleichsuntersuchungen einbezogen. Funktionsanalysen (Transkriptom- und Metatranskriptom-Analysen) sind geplant um relevante mikrobielle Aktivitäten in gesunden und erkrankten Tieren zu bestimmen, welche eine Rolle bei der Entstehung der ParaTB spielen oder eine Folge der Erkrankung sein könnten.

Staatliche Maßnahmen

Die ParaTB 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 7 Bundesländern werden, z. T. schon seit mehr als 10

Jahren, freiwillige Programme zur Kontrolle bzw. Bekämpfung durchgeführt. Im November 2017 trat erstmals in einem Bundesland die Niedersächsische „Verordnung zum Schutz der Rinder gegen Paratuberkulose“ in Kraft.

Zoonosepotential

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

Literaturhinweise

[1] Bay S, Begg D, Ganneau C, Branger M, Cochard T, Bannantine JP, Koehler H, Moyon JL, Whittington RJ, Biet F. 2021. Engineering synthetic lipopeptide antigen for specific detection of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* infection. *Front Vet Sci* 8:637841. Doi: 10.3389/fvets.2021.63784

[2] Köhler H, Liebler-Tenorio E, Hughes V, Stevenson K, Bakker D, Willemsen P, Bay, S, Ganneau C, Biet F, Vordermeier M. 2021. Interferon-gamma response of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* infected goats to recombinant and synthetic mycobacterial antigens. *Front Vet Sci* 8:645251. Doi: 10.3389/fvets.2021.645251

[3] Vitense V, Kasbohm E, Klassen A, Gierschner P, Trefz P, Weber M, Miekisch W, Schubert JK, Möbius P, Reinhold P, Liebscher V, Köhler H. 2021. Detection of *Mycobacterium avium* ssp. *paratuberculosis* in cultures from fecal and tissue samples using VOC analysis and machine learning tools. *Front Vet Sci* 8:620327.

Doi: 10.3389/fvets.2021.620327

[4] Weber M, Gierschner P, Klassen A, Kasbohm E, Schubert JK, Miekisch W, Reinhold P, Köhler H. 2021. Detection of paratuberculosis in dairy herds by analyzing the scent of feces, alveolar gas and stable air. *Molecules* 26(10):2854. Doi: 10.3390/molecules26102854

[5] Wibberg D, Price-Carter M, Rückert C, Blom J, Möbius P. 2021. Complete Genome Sequence of Ovine Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis Strain JIII-386 (MAP-S/type III) and Its Comparison to MAP-S/type I, MAP-C, and M. avium Complex Genomes. Microorganisms 9:70.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms9010070>.

[6] König-Mozes A, Krüger C, Klingelhöfer I, Möbius P, Zimmer K. 2021. Paratuberkulose bei Rothirschen in Rheinland-Pfalz - Fallberichte. Gemeinsame Ar-

beitstagung der Nationalen Referenzlabore Chlamydiose, Q-Fieber, Paratuberkulose, Tuberkulose der Rinder, 21.-22. April 2021 in Jena, Abstract.

[7] Möbius P, Price-Carter M, Wibberg D. 2021. Untersuchungen zur genetischen Diversität von Mycobacterium avium subsp. paratuberculosis durch Analyse geschlossener Genomsequenzen von Schaf- und Rindertyp-Isolaten. Tagung der DVG-Fachgruppe „Bakteriologie und Mykologie“, 14.-16. Juni 2021, Abstract.

Tabelle 4: In TSN gemeldete Paratuberkulose-Fälle 2021

Jahr	Rind	Schaf	Ziege	Andere Tierarten/ Boviden/Muffelwild	Gesamt
2021	350	8	13	k.A.	371

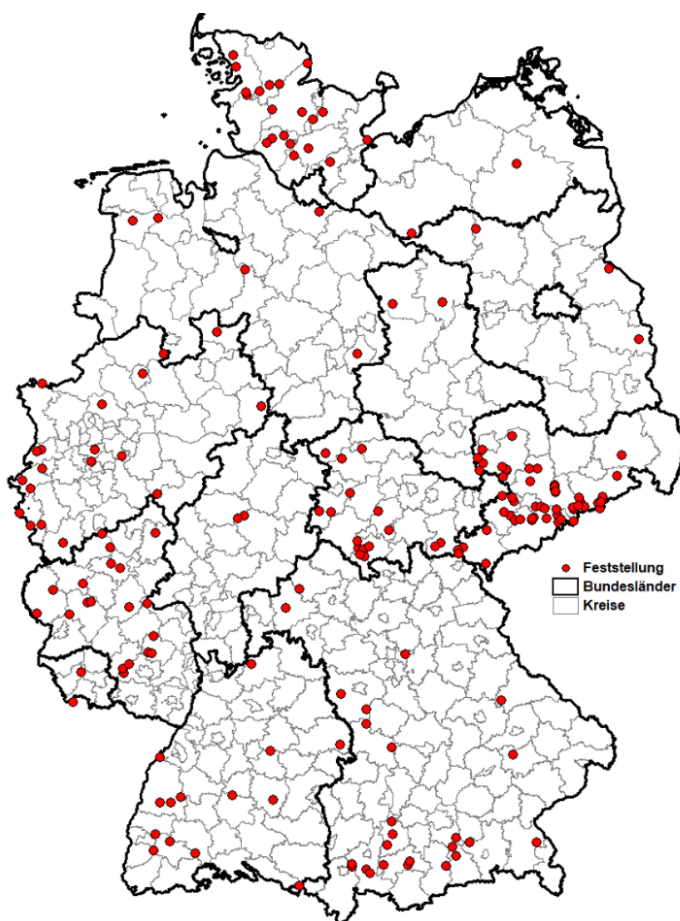


Abbildung 1: Regionale Verteilung der im Jahr 2021 in Deutschland gemeldeten Paratuberkulosefälle (Quelle: TSN)

14. Q-Fieber - Q (query) Fever

Mertens-Scholz, K.

Summary

Coxiella burnetii, the etiological agent of the zoonosis Q (query) fever, is an obligate intracellular gram-negative bacterium with a broad host spectrum. Infections in animals are often asymptomatic and may cause reproductive disorders. Ruminants are considered as the main reservoir and shed the bacteria within milk, feces, urine and especially with birth products in very high numbers. Infections of humans are inseparable linked to ruminants, especially to goats and sheep. The bacteria are transmitted via contaminated aerosols, but also ticks are considered as vectors. An infection with *C. burnetii* in humans manifests as an acute often self-limiting flu-like illness (acute Q fever) or as chronic disease (chronic Q fever), which may present as endocarditis. Diagnosis of Q fever in animals is carried out by serology, DNA detection of the etiological agent using real time PCR (qPCR) or bacterial isolation from birth products and milk as confirmatory approach.

Zusammenfassung

Coxiella burnetii, das ätiologische Agens der Zoonose Q- (query) Fieber, ist ein obligat intrazelluläres und gramnegatives Bakterium mit einem sehr breiten Wirtsspektrum. Infektionen bei Tieren sind meistens asymptomatisch und können Reproduktionsstörungen, z.B. Aborte auslösen. Wiederkäuer werden als Hauptreservoir angesehen und scheiden den Erreger über Milch, Urin, Faeces und besonders über Geburtsprodukte aus. Infektionen beim Menschen sind oft durch kleine Wiederkäuer verursacht. Eine Übertragung findet durch kontaminierte Aerosole statt, aber auch Zecken werden als Vektoren genannt. Beim Menschen kann eine Infektion eine oft selbstlimitierende, akute, Grippe-ähnliche Erkrankung auslösen (akutes Q-Fieber) oder sich als

chronische Erkrankung manifestieren, z.B. als Endokarditis (chronisches Q-Fieber). Bei der veterinärmedizinischen Diagnostik wird der serologische Nachweis und die bakterielle Detektion mittels real time PCR (qPCR) geführt. Die Isolierung des Erregers selbst kann als Bestätigungsdiagnostik aus Milchproben und Geburtsmaterialien durchgeführt werden.

Labordiagnostische Untersuchungen

Diagnostische Untersuchungen auf Q-Fieber werden von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. vergleichbaren Einrichtungen der einzelnen Bundesländer durchgeführt. Dem Nationalen Referenzlabor werden meist nur Proben zur Bestätigung und Erreger-Isolierung zugesandt. Im Jahr 2021 wurden insgesamt 1087 Proben vom Rind (n=186), Schaf (n=382), Ziege (n=234), Lama (n=77), Alpaka (n=139) und Maus (n=69) untersucht. Hauptsächlich wurden eingeschickte DNA-Proben, Gewebe, Vaginaltupfer, Milch oder Einzelgemelke sowie Kot mittels qPCR und Seren mittels ELISA untersucht (Tabelle 1). Davon konnten 3 von 17 DNA-Proben, 1 von 23 Gewebeproben, 8 von 231 Tupfer, 9 von 108 Milchen und 2 von 213 Kotproben als positiv für *C. burnetii*-spezifische DNA bestätigt werden (Tabelle 2). Aus 2 Abortproben und einer Milchprobe vom Rind wurde der Erreger erfolgreich isoliert. Von allen eingesandten 487 Serumproben konnten 52 Tiere als positiv bestätigt werden.

Tabelle 5: Art und Anzahl der eingesandten Proben zum Nachweis von *C. burnetii* im Jahr 2021

Eingesandte Proben	Anzahl
DNA	17
Gewebe (Organe, Nachgeburten, Aborte)	23
Milch/Einzelgemelk	108
Serum	487
Vaginaltupfer	231
Kot	213
Sonstiges	8
Gesamt	1.087

 Tabelle 6: Anteil positiver Proben für *C. burnetii*-spezifische DNA oder Antikörper des eingesandten Probenmaterials im Jahr 2021

Probenmaterial	Anzahl Proben/positive Proben		
	Rind	Schaf	Ziege
DNA	2/1	15/2	-
Gewebe	3/1	2/0	-
Milch	108/9	-	-
Serum	26/24	262/26	147/0
Vaginaltupfer	47/5	95/1	87/0
Sonstiges	-	8/0	-
Gesamt	186/40	382/29	234/0

Statistische Angaben

Das Q Fieber gehört entsprechend der Delegierten Verordnung EU 2018/1629 zu den gelisteten Seuchen der Kategorie E. Die Anzeigepflicht nach Durchführungsverordnung EU 2018/1882 erstreckt sich auf die Tierarten *Bison* spp., *Bos* spp. und *Bubalus* spp., sowie auf *Ovis* spp. und *Capra* spp. Die Diagnostik wird im Einklang mit der Verordnung EU 2017/625 und der Delegierten Verordnung EU 2020/689 durchgeführt. Das Q-Fieber ist in Deutschland auch eine meldepflichtige Tierkrankheit. Im Jahr 2021 wurden

insgesamt 134 Fälle gemeldet (Tabelle 3, Abbildung 1). Davon 126 Fälle für Rinder, 7 Fälle beim Schaf und ein Fall bei Ziegen. Im 10 Jahrestrend ist kein Anstieg der gemeldeten Fälle seit 2012 zu verzeichnen (Tabelle 3). Gehäuft treten Q-Fieber-Fälle im südlichen Bayern und Baden-Württemberg, in Nordrhein-Westfalen und im nördlichen Küstengebiet von Niedersachsen auf. Dies wird insbesondere in der Darstellung der gemeldeten Fälle von Q-Fieber der letzten zehn Jahre deutlich (Abbildung 1A). Im Vergleich wurden 99 humane Fälle von Q-Fieber im Jahr 2021 gemeldet (SurvStat@RKI 2.0, Stichtag 24.06.2021).

Forschung

Das NRL für Q-Fieber ist aktiv am Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Verbundprojekt Q-GAPS, Q fever GermAn Interdisciplinary Program for ReSearch (www.q-gaps.de) beteiligt. Dieses interdisziplinäre Konsortium bearbeitet bislang noch ungelöste Fragen zur Epidemiologie, Immunologie, Pathogenese, Überwachung und Kontrolle von *C. burnetii*.

Zoonosepotential

Q-Fieber ist eine hoch infektiöse zoonotische Krankheit, die weltweit in allen Ländern, außer in Neuseeland, vorkommt. Das Wirtsspektrum von *C. burnetii* ist extrem vielfältig, wobei Hauswiederkäuer als Hauptreservoir für Infektionen beim Menschen im Vordergrund stehen. Der Erreger wird mit Urin, Faeces, Milch und Geburstmateriale, z. T. in sehr hohen Mengen, auch von asymptomatischen Tieren ausgeschieden. Erschwerend kommt hinzu, dass *C. burnetii* resistent gegenüber Umwelteinflüssen ist und über einen längeren Zeitraum infektiös in der Umwelt verbleibt. Der Erreger kann bis zu mehreren Kilometern mit dem Wind verbreitet werden, bei einer aerogenen Infektionsdosis von <10 Bakterien. Personen mit engem Kontakt zu Wiederkäuern, z.B. Tierärzte, Schafscherer usw. tragen ein erhöhtes Risiko, sich mit *C. burnetii* zu infizieren. Aber auch

auf Tieraussstellungen, Hoffesten, in Streichelzoos, kann der Erreger von infizierten Tieren auf den Menschen übertragen werden. Dies kann zu kleineren oder sehr großen Ausbrüchen in der Humanpopulation führen, wie z. B. der bisher weltweit größte beschriebene Q-Fieberausbruch in den Niederlanden mit ca. 4.000 akuten humanen Fällen.

Aufgrund der hohen Stabilität bzw. Tenazität und der Möglichkeit zur Verbreitung über die Luft, wird *C. burnetii* zu den bioterroristisch relevanten Erregern gezählt. Es gibt weltweit, ausgenommen Australien, keinen zugelassenen Impfstoff. Eine Therapie mit Antibiotika ist möglich.

Tabelle 7: Anzahl gemeldeter Fälle von Q-Fieber pro Jahr und Tierart für Deutschland von 2012 bis 2021 (TSN; Stichtag 01.12.2022).

Tierart	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	Summe
Rind	231	198	273	291	195	142	150	178	160	126	1.944
Schaf	17	5	17	16	14	3	18	10	1	7	108
Ziege	2	1	1	3	1	-	7	-	2	1	18
Gesamt	250	204	291	310	210	145	175	188	163	134	2.070

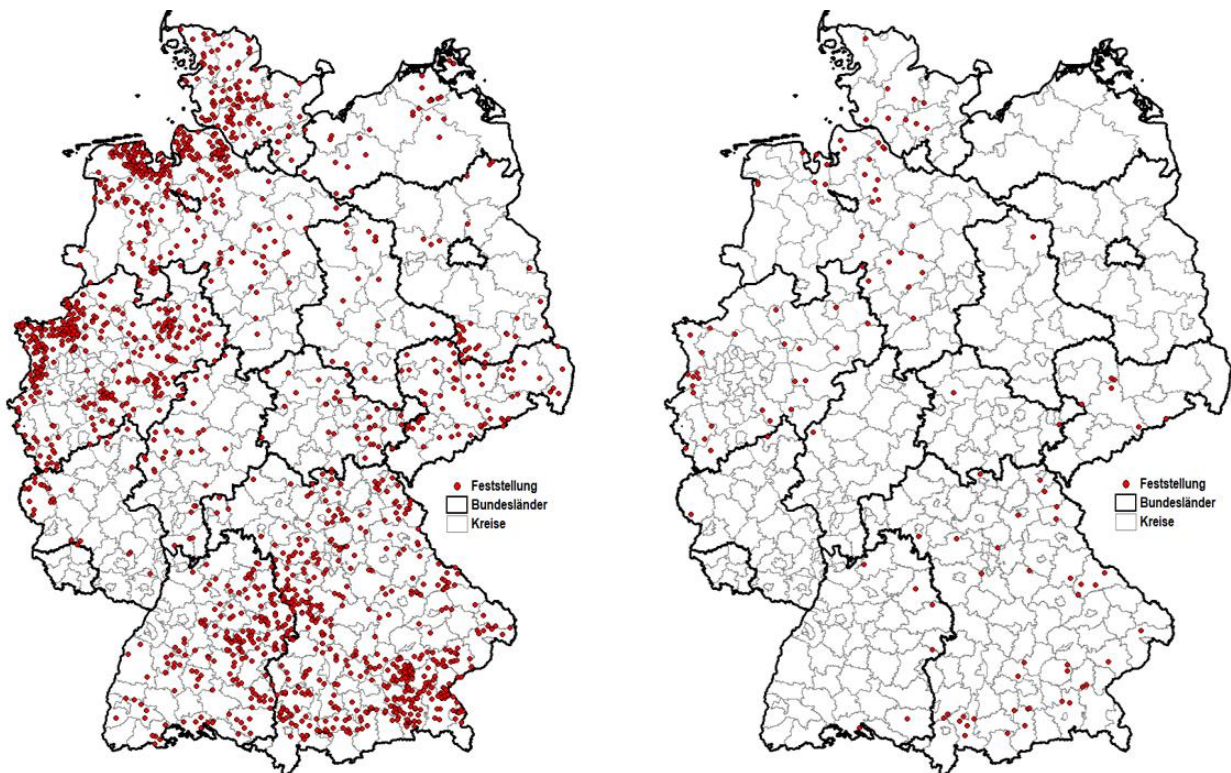


Abbildung 1: Geographische Verteilung der gemeldeten Fälle von Q-Fieber innerhalb der Jahre 2012 bis 2021 (links) und für das Jahr 2021 (rechts) (TSN; Stichtag 24.06.2022).

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. Since 10.04.2020, Blackleg of sheep and goats is no longer notifiable and is subject to mandatory reporting. Blackleg of cattle is still notifiable. 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 until the 1990ies and again from 2010 to 2020 (Tab.1, Tab. 2). In 2021 a total of 3 outbreaks were noted.

Zusammenfassung

Seit 1950, dem Beginn der statistischen Erfassung der Rauschbrandausbrüche in Deutschland war bis in die 1990er Jahre und erneut von 2010 bis 2020 ein Abwärtstrend in der jährlichen Zahl der Ausbrüche zu beobachten (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2021 wurden 3 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 Gasödemem in den großen Muskelpartien ist dabei charakteristisch. Erreger des Rauschbrandes ist *Clostridium (C.) chauvoei*. Der seuchenhafte Verlauf beim Rind begründet die vorrangige Bekämpfung des Rauschbrandes verglichen

mit anderen Clostridieninfektionen. In Deutschland tritt der Rauschbrand als bodengebundene Krankheit fast ausschließlich in den küstennahen Weidegebieten der norddeutschen Tiefebene und in der Voralpenregion auf. In den so genannten Rauschbranddistrikten kann die Krankheit beim Weidevieh jährlich unterschiedliche, in Ausnahmejahren auch erhebliche Verluste verursachen. Ausbrüche sind jedoch nicht ausschließlich auf Weidevieh beschränkt, auch Stallausbrüche können beobachtet werden. Nach dem Ende der Impfanordnung in Bayern konnte eine regionale Zunahme der Ausbrüche festgestellt werden (1995 bis 2014: 6 Ausbrüche, 2015 bis 2021: 19 Ausbrüche).

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). Die Identifikation von Isolaten mittels MALDI-TOF-MS ist ebenfalls möglich.

Statistische Angaben

Seit der statistischen Erfassung der Rauschbrand-Ausbrüche im Jahr 1950 ließ sich in den beiden Jahr-

zehnten von 1980 bis 1999 ein tendenzieller Rückgang der Neuausbrüche pro Jahr beobachten, von 1999 bis 2009 sank die Zahl im langjährigen Mittel nicht weiter. In den Jahren 2010 bis 2019 war ein

weiterer Rückgang der Neuausbrüche zu verzeichnen (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2021 wurden 3 Neuausbrüche von Rauschbrand angezeigt.

Tabelle 8: Rauschbrandausbrüche 1950 bis 2019

Rauschbrand	1950-1959	1960-1969	1970-1979	1980-1989	1990-1999	2000-2009	2010-2019
\bar{x} Neuausbrüche/Jahr	64,1	64,9	64,8	29,7	18,1	19,9	8,3

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 10.06.2022).

Tabelle 9: Rauschbrandausbrüche 2010 bis 2021

Rauschbrand	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
Neuausbrüche	22	13	10	6	6	3	7	8	6	2	3	4

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 01.12.2022).

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.

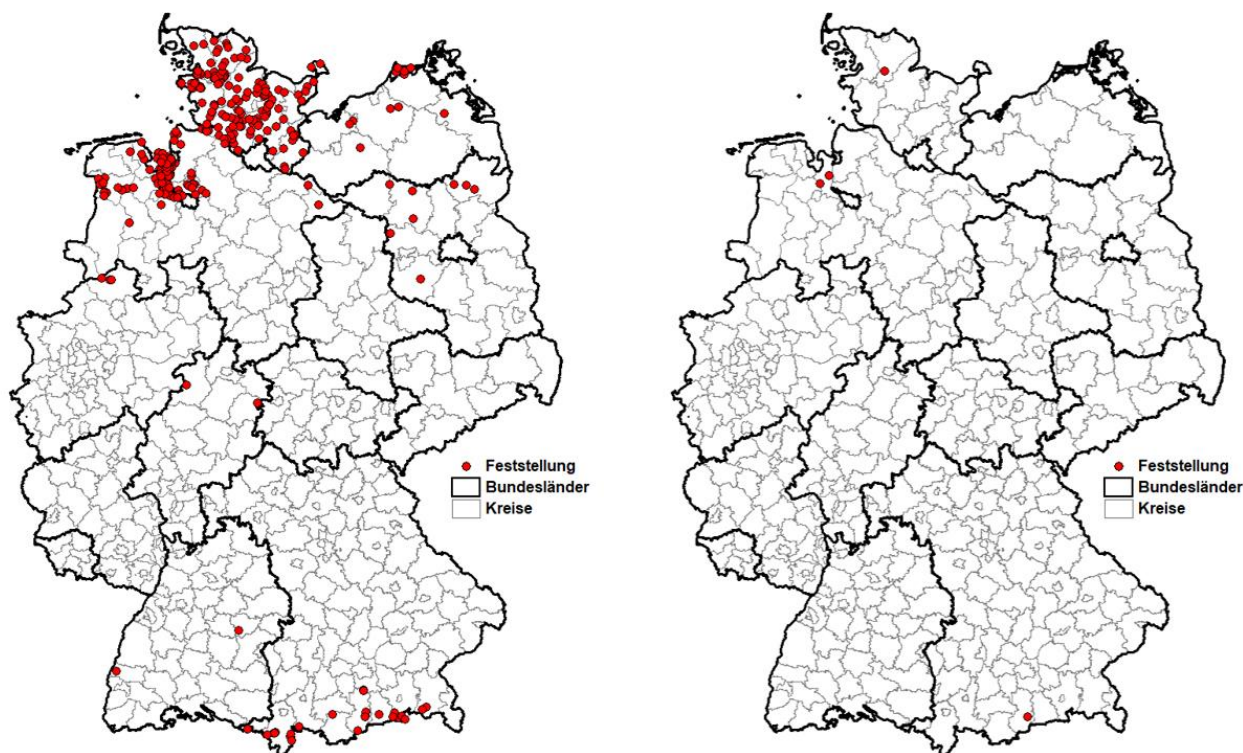


Abbildung 3: Räumliche Verteilung der Rauschbrandausbrüche bei Rindern ($n = 355$, 11 Ausbrüche bei Schafen und Ziegen im Zeitraum von 1995 bis 10.04.2020 im Vergleich zum Vorjahr nicht berücksichtigt) 01.01.1995 bis 31.12.2021 (linke Karte) und im Berichtszeitraum ($n = 4$) 01.01.2021 bis 31.12.2021 (rechte Karte)

Forschung

Ein wichtiges Forschungsziel ist die kontinuierliche Erweiterung der Stammsammlung.

Zur Verbesserung der molekularen Diagnostik aus infiziertem bzw. verdächtigem Gewebe sowie zur Identifikation von Isolaten wurde eine Real Time PCR zur Detektion von *C. chauvoei* und *C. septicum* entwickelt (Lange et al. 2010).

Um Typisierungsmethoden durch Gesamtgenom-Sequenzierungen zu evaluieren wurde eine vergleichende Genomanalyse von 64 *C. chauvoei*-Stämmen durchgeführt, von denen die meisten europäischen Ursprungs waren, neben einigen außereuropäischen und solchen unbekanntem Ursprungs. Die Pangenomanalyse ergab, dass die Art keine neue Gene erwirbt. Eine auf Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNP) basierende Phylogenie und Clusterbildung des Pangenoms ließ verschiedene Cluster erkennen, die mit der geografischen

Herkunft zusammenhängen. Die bekannten Virulenzfaktoren waren bei den Stämmen konserviert (Thomas et al., 2021). Zwei Typisierungsoptionen für die *C. chauvoei*-Stämme wurden genauer evaluiert. Dies war zum einen die Typisierung anhand einer CRISPR-Spacer-Sequenzmatrix (Rychener et al., 2017) und zum anderen eine neu entwickelte cgMLST (Thomas et al., 2021).

Dabei konnte die Anwendbarkeit von cgMLST bei der Typisierung von Stämmen ähnlicher geografischer Herkunft und bei der Untersuchung von Ausbrüchen gezeigt werden (Thomas et al., 2021). Der CRISPR-basierte Typisierungsansatz kann die genetische Verwandtschaft in einem allgemeineren Muster darstellen (Rychener et al., 2017).

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 Ermessensspielraum bei der Anordnung von Schutzmaßnahmen gegen den Rauschbrand vor. In den letzten Jahren wurde teilweise von der möglichen Anordnung der Impfung für Tiere, die auf so genannte Rauschbrandalpen oder -weiden in der Voralpenregion aufgetrieben werden sollten, Gebrauch gemacht. Seit 01.01.2015 wird die Rauschbrand-Impfung in Bayern nicht mehr angeordnet und die Kosten nicht mehr von der Bayerischen Tierseuchenkasse erstattet. Eine freiwillige Impfung wird empfohlen. Seit dem 10.04.2020 ist der Rauschbrand der Schafe und Ziegen nicht mehr anzeigepflichtig und unterliegt der Meldepflicht. Der Rauschbrand der Rinder ist weiterhin anzeigepflichtig.

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.

Literaturhinweise

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.

Rychener L, InAlbon S, Djordjevic SP, Chowdhury PR, Ziech RE, de Vargas AC, Frey J, Falquet L. *Clostridium chauvoei*, an Evolutionary Dead-End Pathogen. Front Microbiol. 2017 Jun 9;8:1054. doi: 10.3389/fmicb.2017.01054

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.

Thomas P, Abdel-Glil MY, Eichhorn I, Semmler T, Werckenthin C, Baumbach C, Murmann W, Bodenthin-Drauschke A, Zimmermann P, Schotte U, Galante D, Slavic D, Wagner M, Wieler LH, Neubauer H, Seyboldt C. Genome Sequence Analysis of *Clostridium chauvoei* Strains of European Origin and Evaluation of Typing Options for Outbreak Investigations. Front Microbiol. 2021 Sep 29;12:732106. doi: 10.3389/fmicb.2021.732106

Weatherhead JE, Tweardy DJ. Lethal human neutropenic enterocolitis 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 officially confirmed by the competent authority are notifiable. In 2021, 74 outbreaks of bovine salmonellosis were recorded (Table 1). The number of outbreaks in the federal states between 2017 and 2021 is shown in table 2. The regional distribution of salmonellosis outbreaks in cattle herds between 2018 and 2021 is presented in figure 1. While the serovar *Salmonella* (S.) Typhimurium caused ca. 50 % of the annually reported outbreaks of salmonellosis from 1995 to 2002 and thus represented the most important serovar, this percentage decreased in the following years to <40 %. After an increase of S. Typhimurium outbreaks in 2019, in 2021 a percentage of 33 % was reached (Table 3). The share of outbreaks caused by the host-adapted serovar S. Dublin amounted to 26 % in 2021. S. Enteritidis caused 13 % of all registered outbreaks. The summarised group of all other serovars was the reason for 28 % 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 is repeatedly cause of the majority of salmonellosis outbreaks in some other federal states is an indicator that this serovar is endemic in several regions.

Zusammenfassung

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2021 insgesamt 74 Ausbrüche (Stand: 15.04.2022) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die Anzahl der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2017 bis 2021 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 nachfolgenden Jahren auf unter 40 %. Nach einem leichten Anstieg der S.-Typhimurium-Ausbrüche in 2019 betrug der Anteil in 2021 wieder 33 %. Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 26 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Der Anteil der S.-Enteritidis-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, seit 2018 wurden jedoch ca. zehn Ausbrüche/Jahr durch diese Serovar angezeigt. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf, im Jahr 2020 wurden durch diese Gruppe 21 % und in 2021 sogar 28 % 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 2020 als auch 2021 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 anderen 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 anderen 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 NRL Salmonellose der Rinder in Jena durchgeführt. Im Jahr 2021 wurden insgesamt 330 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. In 2021 erschien eine Publikation zur epidemiologischen Situation von *Salmonella* Dublin in der Rinderpopulation in Deutschland (Microbiol Spectr. 2021 Oct 31;9(2): e0033221. Epub 2021 Sep 15.).

Darüber hinaus erfolgen durch das NRL Salmonellose der Rinder umfangreiche Chargenprüfungen sowie Untersuchungen zur Zulassung von Diagnostika. In 2021 wurden insgesamt 32 Chargenprüfungen von Tests zur Diagnostik von *Salmonella*-Infektionen beim Geflügel und beim Schwein sowie Untersuchungen im Rahmen von zwei Zulassungsverfahren durchgeführt.

Statistische Angaben

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2021 insgesamt 74 Ausbrüche (Stand: 15.04.2022) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche von 2017 bis 2021 ist in Abbildung 1 dargestellt. Der in Deutschland seit dem Jahr 2002 beobachtete Rückgang der angezeigten Ausbrüche der Salmonellose beim Rind erfolgte bis 2015. Von 2016 bis 2020 schwankte die Anzahl der Ausbrüche um den Wert 100. Im Jahr 2021 zeigte sich ein Rückgang auf 74 angezeigte Ausbrüche.

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 38 % bzw. 39 %. In den nachfolgenden Jahren stabilisierte sich dieser Wert, so dass gegenwärtig in Deutschland ca. 30 %-40 % aller Ausbrüche an Salmonellose der Rinder durch *S. Typhimurium* verursacht werden. Darüber hinaus kann festgestellt werden, dass *S. Typhimurium* die einzige alleinige Serovar ist, die mit seltenen Ausnahmen, in jedem Jahr in fast allen Bundesländern nachgewiesen wird (Tab. 4).

Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 26 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Die Anzahl der *S.-Enteritidis*-Ausbrüche beim Rind war in den letzten 15 Jahren stark rückläufig. Im Jahr 2014 wurden jedoch wieder fünf, in den Jahren 2016-2019 acht bis vierzehn und in 2021 wieder zehn Ausbrüche durch diese Serovar angezeigt. Daher kann festgestellt werden, dass ca. 10 % aller Salmonellose Ausbrüche in Deutschland durch die Serovar *S. Enteritidis* hervorgerufen werden. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf, in den Jahren 2019 und 2020 wurden durch diese Gruppe 16 % bzw. 21 % und in 2021 insgesamt 28 % der 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 fast 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 anderen Bundesländern seit Jahren den größten Anteil der gemeldeten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht, ist ein Hinweis darauf, dass diese Serovar in einigen Bundesländern nur ausnahmsweise oder gar nicht vorkommt, speziell in Bayern, Niedersachsen und Schleswig-Holstein jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen endemisch ist. Das wurde insbesondere durch den sehr starken Anstieg der *S.*-Dublin-Ausbrüche in Bayern in 2017 und in Schleswig-Holstein in 2018 und 2019 deutlich. Diese wiederholte Häufigkeit unterstreicht den endemischen Charakter von *S. Dublin* in diesen Bundesländern. Andere einzelne *Salmonella*-Serovaren scheinen keine besonderen Verbreitungsgebiete zu besitzen, da die Nachweisraten von z. B. *S. Enteritidis* in den letzten Jahren sowohl zwischen den Bundesländern als auch innerhalb der Bundesländer erheblichen Schwankungen unterliegen. Die Gruppe der anderen Serovaren verursachte nach einem Rückgang im Jahr 2014 auf nur 7 Ausbrüche im Jahr 2016 insgesamt 23, in 2018 nur 11, in 2020 und 2021 jedoch wieder 20 bzw. 21 Ausbrüche an Rinder-Salmonellose. Dabei traten jedoch starke jährliche Schwankungen zwischen den Bundesländern sowohl hinsichtlich der ausbruchsverursachenden Serovaren als auch deren prozentualer Anteile auf. Eine zunehmende Tendenz einzelner Serovaren aus dieser Gruppe ist nicht erkennbar.

Für die Immunprophylaxe von Kälbern gegen die Salmonellose des Rindes steht gegenwärtig noch ein kommerzieller *S.*-Typhimurium-Lebendimpfstoff zur Verfügung. Gegen *Salmonella*-Infektionen durch alle

anderen Serovaren bzw. für den Einsatz bei älteren oder adulten Tieren müssen bestands-spezifische Inaktivatimpfstoffe hergestellt werden. Aufgrund von Produktänderungen beim Hersteller der Impfstoffe für das Rind kann nicht ausgeschlossen werden, dass zukünftig nur noch die Möglichkeit besteht, 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 Rinderbeständen. Damit sollen auch allgemeingültige Erkenntnisse gewonnen werden, um eine bessere Beratungsfunktion gewährleisten zu können.

Im Jahr 2021 wurden durch das NRL Salmonellose der Rinder in Zusammenarbeit mit den zuständigen Veterinärbehörden und den Untersuchungsämtern nach einer entsprechenden Anfrage zahlreiche 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 beratend 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 Barriersysteme einzurichten. Es hat sich klar gezeigt, dass eine wirksame Bekämpfung der Salmonellose der Rinder eine kritische Analyse der hygienischen Bedingungen im Betrieb und die Etablierung bzw. Wieder-Etablierung von effektiven Hygieneregimen zur nachhaltigen Unterbrechung der betriebsinternen *Salmonella*-Ausbreitungswege erfordert.

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 2020 (8.703 Fälle) und 2021 (8.122 Fälle) nicht fortsetzte.

S. Typhimurium und *S. Enteritidis* sind nach wie vor die Serovaren mit der größten Bedeutung. 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. In 2021 kam es jedoch zu einem in mehreren Ländern nachgewiesenen Ausbruch durch *S. Enteritidis*-kontaminiertes Rindfleisch, das aus Deutschland stammt und in diese Länder exportiert wurde. Darüber hinaus wird regelmäßig über *S. Dublin*-Infektionen beim Menschen berichtet, die nachweislich von Rindern verursacht wurden.

Insbesondere zum Rohverzehr bestimmte Lebensmittel (Rohmilch, Rohkäse) aus Rinder-Beständen mit nachgewiesenen oder möglicherweise nicht erkannten *Salmonella*-Infektionen stellen ein hohes Gesundheitsrisiko, besonders für Risikogruppen (Kleinkinder, Schwangere, ältere Menschen, immunsupprimierte Personen) dar. Um das Infektionsrisiko für den Verbraucher so gering wie möglich zu halten, muss das Inverkehrbringen von Rohmilch aus mit Salmonellen infizierten Rinderbeständen ausgeschlossen werden.

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

2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
98	111	102	77	70	66	101	109	98	131	93	75

Tabelle 2: Anzahl angezeigter Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern (2017 bis 2021)

Bundesland	2017	2018	2019	2020	2021
Berlin	-	-	-	-	-
Brandenburg	5	4	10	3	3
Baden-Württemberg	15	15	17	14	19
Bayern	28	13	23	25	20
Hessen	3	5	8	5	5
Mecklenburg-Vorpommern	3	1	5	3	2
Niedersachsen	12	14	25	12	8
Nordrhein-Westfalen	7	9	8	4	4
Rheinland-Pfalz	4	2	2	1	1
Saarland	-	-	-	1	-
Schleswig-Holstein	16	27	18	15	5
Sachsen	10	3	10	7	5
Sachsen-Anhalt	5	2	3	2	1
Thüringen	1	3	2	-	1
Gesamt	109	98	131	93	74

Tabelle 3: Nachgewiesene Salmonella Serovaren bei Ausbrüchen in den Jahren 2019 bis 2021 in der Bundesrepublik Deutschland

Salmonella-Serovaren	2019		2020		2021	
	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%
Typhimurium	50	33	26	27	18	24
Dublin	33	25	23	24	15	20
Enteritidis	11	8	9	10	9	12
<i>Salmonella</i> ssp.	37	28	35	38	32	43

Tabelle 4: Anteil von Salmonella Serovaren an angezeigten Ausbrüchen in den Bundesländern in den Jahren 2020 und 2021

Bundes- land	Anzahl (n) Ausbrüche gesamt		<i>Salmonella</i> -Serovaren								
			Typhimurium		Dublin		Enteritidis		S. ssp.		
	2020	2021	2020	2021	2020	2021	2020	2021	2020	2021	
B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BB	4	3	1	1	-	1	-	-	3	1	
BW	14	19	7	8	-	-	4	4	3	7	
BY	25	20	8	3	9	8	1	3	7	6	
HE	5	5	-	1	-	-	2	1	3	3	
MV	3	2	-	-	-	1	2	-	1	1	
NI	12	8	4	2	4	1	-	-	4	5	
NW	4	4	2	-	-	-	-	-	2	4	
RP	1	1	-	-	-	-	-	-	1	1	
SL	1	-	-	-	-	-	-	-	1	-	
SH	15	5	1	-	9	3	-	1	5	1	
SN	7	5	3	3	1	1	-	-	3	1	
ST	2	1	-	-	-	-	-	-	2	1	
TH	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	
Gesamt	93	74	26	18	23	15	9	9	35	32	

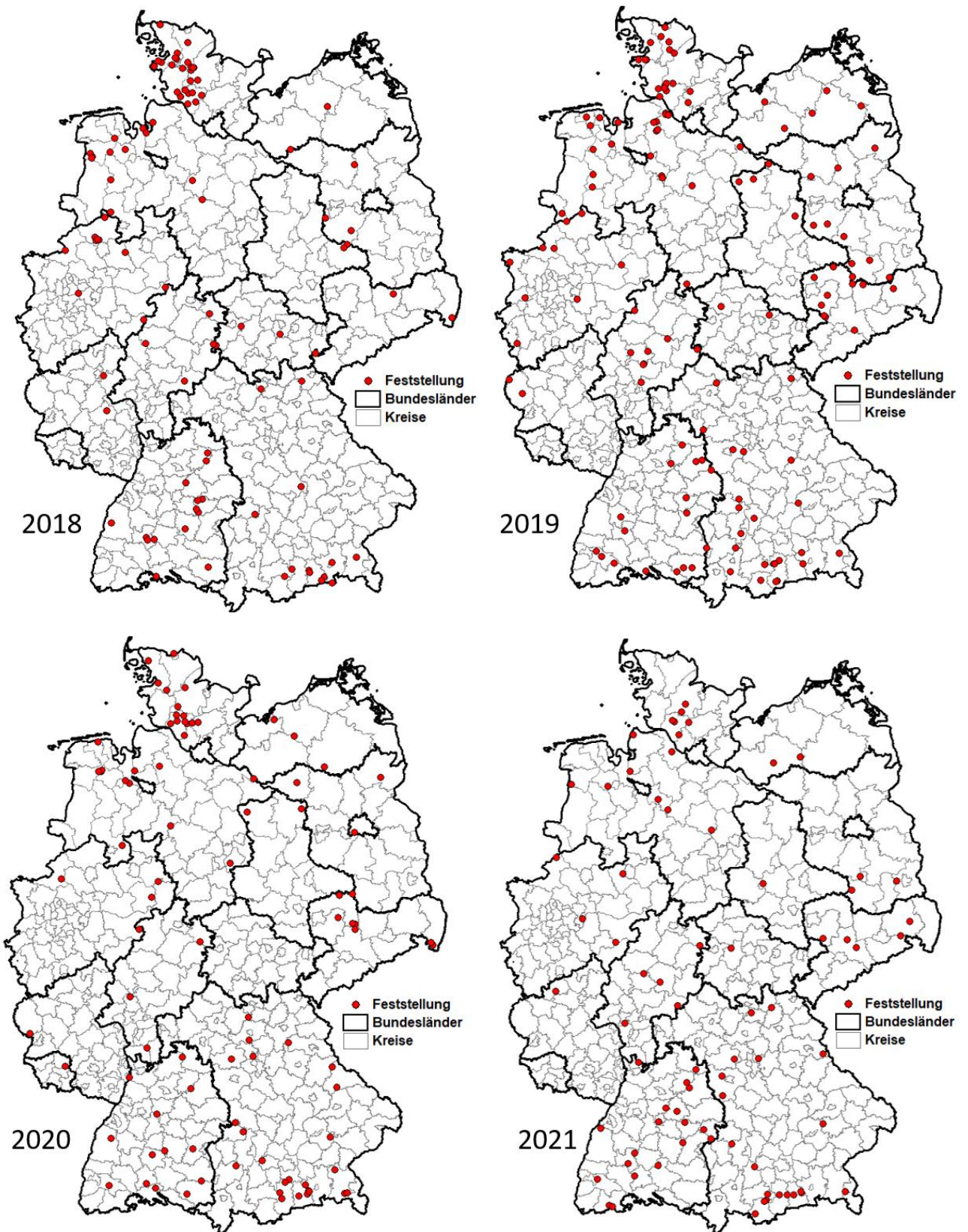


Abbildung 4: Regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in der Bundesrepublik Deutschland in den Jahren 2018 bis 2021

17. SARS-CoV-2 Infektionen bei gehaltenen Tieren - SARS-CoV-2 infections in kept animals

Keller, M. und Wernike, K.

Summary

Since the classification of SARS-CoV-2 infections in animals as a reportable disease and the establishment of the National Reference Laboratory (NRL) in August 2020, confirmatory testing of positive pre-tested samples from testing facilities and the veterinary laboratories has been carried out at the NRL. The tasks of the NRL also include the support of the veterinary laboratories in the performance of their tasks, the recommendation of investigation methods and the provision of reference materials.

In addition to the activities related to infection diagnostics, the Friedrich-Loeffler-Institut also carries out studies on the susceptibility of animal species that have close contact with humans. Both farm animals and domestic animals are included. The extent to which different variants prevail against each other in the animal models used for SARS-CoV-2 is also investigated. Furthermore, efficacy tests of substances against SARS-CoV-2 infection will be performed.

Zusammenfassung

Seit der Einführung der Meldepflicht für SARS-CoV-2 Infektionen bei gehaltenen Tieren und der Etablierung des Nationalen Referenz Labors (NRL) im August 2020 werden dort Bestätigungsuntersuchungen für positiv vorgetestete Proben aus Untersuchungseinrichtungen und den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern der Bundesländer durchgeführt. Zu den Aufgaben des NRL gehört auch die Unterstützung der veterinärmedizinischen Untersuchungsämter bei der Wahrnehmung ihrer Aufgaben, die Empfehlung von Untersuchungsmethoden und die Bereitstellung von Referenzmaterialien.

Neben den die Infektionsdiagnostik betreffenden Aktivitäten werden am Friedrich-Loeffler-Institut

Untersuchungen zur Empfänglichkeit von Tierspezies, die einen engen Kontakt zum Menschen haben, durchgeführt. Dabei werden sowohl landwirtschaftliche Nutztiere als auch Haustiere einbezogen. Ebenfalls untersucht wird, inwieweit sich unterschiedliche Varianten in den für SARS-CoV-2 genutzten Tiermodellen gegeneinander durchsetzen. Des Weiteren finden Wirksamkeitsprüfungen von Substanzen gegen eine SARS-CoV-2 Infektion statt.

Labordiagnostische Untersuchungen

Wie im Jahr der Einführung der Meldepflicht von SARS-CoV-2 Infektionen bei gehaltenen Tieren werden die entsprechenden Untersuchungen in den einzelnen Bundesländern von den staatlichen und privaten veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen durchgeführt und das NRL zur Absicherung positiver Befunde hinzugezogen. Die Durchführung der serologischen und molekularbiologischen Methoden ist in der amtlichen Methodensammlung niedergelegt und damit für alle relevanten Untersuchungsstellen einsehbar. Das Auftreten von neuen Varianten hat bislang keinen Einfluss auf die Methoden, wobei eine kontinuierliche Überprüfung ihrer Eignung stattfindet. Bei Auftreten von Varianten, die mit den etablierten Methoden nicht mehr eindeutig nachzuweisen wären, würden die Methoden der Situation angepasst und eine Aktualisierung der Methodensammlung vorgenommen.

Referenzmaterialien basierend auf den Varianten der Vergangenheit sowie der zur Zeit des Jahresberichts vorherrschenden Variante Omikron werden durch das NRL zur Etablierung und Validierung der empfohlenen Methoden zur Verfügung gestellt. Das FLI unterstützt weiterhin den Erfahrungsaustausch zwischen den Untersuchungsstellen.

Neben den diagnostischen Bestätigungsuntersuchungen ist das NRL für die Prüfung von *in vitro* Diagnostika zum Nachweis einer SARS-CoV-2 Infektion zuständig (gemäß §11 Abs.2 Tiergesundheitsgesetz). Im Jahr 2021 wurde ein kommerzielles *in vitro* Diagnostikum (Schnelltest) zur Zulassung empfohlen.

Statistische Angaben

Im Jahr 2021 wurden die Proben von 20 Tieren zur Bestätigungsuntersuchung mittels molekularbiologischer oder/und serologischer Diagnostik von den Untersuchungsstellen an das NRL für SARS-CoV-2 Infektionen bei gehaltenen Tieren eingesandt (Tabelle 1). Das NRL konnte zudem mit den entsprechenden Untersuchungen eine epidemiologische Studie zur Verbreitung von SARS-CoV-2 in Haushalten mit an COVID-19 erkrankten Tierhaltern unterstützen. Hierfür wurden 16 Tiere teils auch mehrfach beprobt und untersucht. Insgesamt konnte in den Tupferproben von drei Hunden sowie elf Katzen RNA von SARS-CoV-2, auch der Alpha-Variante [1] nachgewiesen werden. Serologisch wurde das Serum von acht Katzen und vier Hunden positiv befundet. Das Serum eines Hundes sowie das zweier Katzen wiesen ein Resultat im fraglichen Bereich des Tests auf.

Epidemiologische Untersuchungen

Berichte über das Vorkommen von SARS-CoV-2 Infektionen in amerikanischen Weißwedelhirschen (*Odocoileus virginianus*) initiierten 2021 Untersuchungen zu möglichen SARS-CoV-2 Einträgen in die heimische Wildwiederkäuerpopulation. Hierzu wurden 493 Blutproben von verschiedenen Wildwiederkäuern aus Jagden auf das Vorkommen von spezifischen Antikörpern mittels RBD-ELISA untersucht. 25 der untersuchten Proben zeigten eine Reaktivität in dem Test, die sich allerdings nicht in einem VNT bestätigen lässt, so dass hier das Vorhandensein kreuzreaktiver Antikörper gegen ein anderes, möglicherweise noch unbekanntes, Sarbecovirus als möglich erachtet wird, zumal eine entsprechende Reaktivität auch in Proben aus der Zeit vor dem Auftreten

von SARS-CoV-2 nachgewiesen werden kann und in gleicher Weise gegen die RBD von SARS-CoV-1 nachweisbar ist. Die Ergebnisse dieser Untersuchungen wurden 2022 publiziert [2]. In zwei weiteren im Jahr 2021 begonnenen Studien über das Vorkommen von SARS-CoV-2 in Wildtierpopulationen wurden Proben von Waschbären (*Procyon lotor*) untersucht. Als Kulturfolger haben diese Neozoen einen engen Kontakt mit Menschen und deren (Abfall-)Produkten. Eine Übertragung des Virus aus einem mit COVID-19 infizierten Haushalt auf die Waschbärpopulation scheint daher insbesondere in Gebieten mit einer hohen Dichte an Waschbären nicht ausgeschlossen. Die Untersuchung von 813 Lungen- und 211 Tupferproben mittels RT-qPCR konnte jedoch kein SARS-CoV-2 spezifisches Genom nachweisen. In untersuchten Blutproben konnten ebenfalls keine spezifischen Antikörper nachgewiesen werden, so dass davon ausgegangen werden kann, dass es bislang zu keinem Eintrag des Virus in die Waschbärpopulation mit einer Weitergabe des Virus gekommen ist [3, 4].

Forschung

Nachdem bereits 2020 Untersuchungen hinsichtlich der Empfänglichkeit verschiedener Tierspezies gegenüber dem neuartigen Coronavirus SARS-CoV-2 gezeigt haben, dass die in Deutschland in hohen Tierzahlen gehaltenen Nutztier/lebensmittelliefernden Tiere (z.B. Geflügel, Schwein, Rind) keine Rolle bei der Verbreitung von SARS-CoV-2 spielen oder als Infektionsquelle für den Menschen relevant sein könnten und die Empfänglichkeit von Hunden, Katzen, Kaninchen, Hamstern, Frettchen und Nerze nachgewiesen wurde [5-9], standen die unterschiedlichen Tiermodelle für die durch SARS-CoV-2 hervorgerufene Pathogenese im Mittelpunkt der Forschungsaktivitäten [10]. Hierbei werden die für den Vergleich mit der COVID-19 Erkrankung des Menschen geeigneten Tiermodelle Frettchen, Syrischer Goldhamster und transgene Mäuse (K18-hACE2) näher untersucht.

Neben den Pathogenesestudien finden Wirksamkeitsprüfungen von Substanzen gegen eine SARS-CoV-2 Infektion statt, da die Findung eines antiviralen Wirkstoffes eine entscheidende Rolle in der Bekämpfung der Pandemie spielen könnte [11].

Staatliche Maßnahmen

SARS-CoV-2 Infektionen bei gehaltenen Tieren sind in Deutschland gemäß der Dritten Verordnung zur Änderung der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten vom 8. Juli 2020 meldepflichtig. Weitergehende staatliche Maßnahmen zur Bekämpfung sind nicht vorgesehen.

Literaturhinweise

1. Keller, M., et al., Detection of SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 in a cat in Germany. *Res Vet Sci*, 2021. 140: p. 229-232.
2. Wernike, K., et al., Serological screening in wild ruminants in Germany, 2021/2022: No evidence of SARS-CoV-2, bluetongue virus or pestivirus spread but high seroprevalences against Schmallenberg virus. *Transbound Emerg Dis*, 2022. 69(5): p. e3289-e3296.
3. Hagag, I.T., et al., Molecular surveillance revealed no SARS-CoV-2 spillovers to raccoons (*Procyon lotor*) in four German federal states. *European Journal of Wildlife Research*, 2022. 68(5): p. 54.
4. Keller, M., et al., SARS-CoV-2 and West Nile Virus Prevalence Studies in Raccoons and Raccoon Dogs from Germany. *Viruses*, 2022. 14(11).

5. Freuling, C.M., et al., Susceptibility of raccoon dogs for experimental SARS-CoV-2 infection. *Emerg Infect Dis*, 2020. 26(12): p. 2982-2985.
6. Schlottau, K., et al., SARS-CoV-2 in fruit bats, ferrets, pigs, and chickens: an experimental transmission study. *Lancet Microbe*, 2020. 1(5): p. e218-e225.
7. Schulz, C., et al., Prolonged SARS-CoV-2 RNA shedding from therapy cat after cluster outbreak in retirement home. *Emerg Infect Dis*, 2021. 27(7).
8. Ulrich, L., et al., Experimental SARS-CoV-2 infection of bank voles. *Emerg Infect Dis*, 2021. 27(4): p. 1193-1195.
9. Ulrich, L., et al., Experimental infection of cattle with SARS-CoV-2. *Emerg Infect Dis*, 2020. 26(12): p. 2979-2981.
10. Michelitsch, A., et al., SARS-CoV-2 in animals: From potential hosts to animal models. *Adv Virus Res*, 2021. 110: p. 59-102.
11. Hoffmann, D., et al., CVnCoV and CV2CoV protect human ACE2 transgenic mice from ancestral B BavPat1 and emerging B.1.351 SARS-CoV-2. *Nat Commun*, 2021. 12(1): p. 4048.

Tabelle 1: Untersuchungsergebnisse am Nationalen Referenzlabor für SARS-CoV-2 Infektionen von gehaltenen Tieren im Jahr 2021

Tierart	RT-qPCR		Serologie			Gesamt
	positiv	negativ	positiv	fraglich	negativ	
Hund	3	4	4	1	1	13
Katze	11	15	8	2	9	45

18. 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 referred to as Verotoxin producing *E. coli* [VTEC], including enterohaemorrhagic *E. coli* [EHEC] associated with haemorrhagic colitis [HC] and haemolytic-uraemic syndrome [HUS]), are among the most important food-borne bacterial zoonotic infections. Cattle, other farmed ruminants, such as sheep and goats, and wildlife ruminants represent the main STEC/EHEC reservoir. Undercooked beef, raw milk and products thereof, non-pasteurized milk and other beef or dairy products are major sources of human infections. Food items such as cooked sausages secondarily contaminated by chilled products (meat) handled nearby, contaminated cold-pressed fruit juices and contaminated flour and vegetables are also reported sources of infection. Furthermore, pastures contaminated with faeces of ruminants shedding the pathogen and cultivable land fertilized with cattle manure, where STEC/EHEC strains can survive for several months, bathing waters or drinking water (wells) contaminated with STEC/EHEC, e.g. from neighbouring pastures, can pose a significant risk of infection as does 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 Stx2e subtype and expressing F18ab fimbriae are the causative agent of edema disease that occurs preferentially in piglets during the first two weeks after weaning. Edema disease occurs worldwide in intensive pig farming with significant economic impact.

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 causative 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-bildende *Escherichia coli* [STEC, syn. Verotoxin-bildende *E. coli* (VTEC)], zu denen auch die mit der hämorrhagischen Colitis (HC) und dem hämolytisch-urämisches Syndrom (HUS) assoziierten enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) gezählt werden, gehören zu den bedeutendsten durch Lebensmittel übertragenden bakteriellen Zoonosen. 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 übergangen, kontaminierte, kalt gepresste Fruchtsäfte sowie kontaminiertes Mehl oder 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-Stämme, 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 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 NRL für VTEC können *E. coli*-Isolate für eine weitere Charakterisierung bzw. Feintypisierung eingesandt werden. Das angebotene Methodenspektrum reicht von konventioneller PCR bis zur Genomsequenzierung. Für epidemiologische Fragestellungen werden Multi-Lokus-Sequenz-Typisierungen

(MLST), Restriktionsfragment-Muster-Analysen (RFLP) mittels Pulsfeld-Gelelektrophorese und Vollgenomanalysen (WGS) angeboten. Der Nachweis des Stx mittels ELISA bzw. Zytotoxizitätstest (Verozelltest) steht ebenfalls zur Verfügung.

Das NRL für VTEC sollte in Verfolgungsuntersuchungen in Tierbeständen, die im Zusammenhang mit humanen EHEC-Erkrankungen stehen, einbezogen werden. Das NRL am FLI stimmt sich bei Empfehlungen eng mit dem Nationalen Referenzzentrum für Salmonellen und anderen bakteriellen Enteritisserregern am Robert-Koch-Institut und dem Nationalen Referenzlabor für *Escherichia coli* einschließlich verotoxinbildende *E. coli* (VTEC) am Bundesinstitut für Risikobewertung ab.

Statistische Angaben

Im Jahr 2021 wurden STEC-Nachweise aus 126 Beständen in TSN gemeldet (Tabelle 1). Die häufigsten Nachweise erfolgten dabei in Schweinebeständen (n=72). Außerdem wurden in 13 Rinder-, zwei Schaf- und zwei Ziegenbeständen, sowie bei elf Pferden, zwei Eseln, sieben Hunden, zwei Katzen, einem Zootier und 14 Wildtieren (Feldhase, Wildkaninchen, Frischling, Damwild) STEC gefunden und gemeldet.

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

Tabelle 10: Übersicht über die in 2021 gemeldeten Nachweise von STEC bei Tieren (TSN; Stichtag 20.05.2022)

Bundesland	Anzahl gemeldete Fälle	betroffene Tierarten
Baden-Württemberg	6	Schwein
Bayern	30	Schwein, Ziege, Hund, Katze, Pferd, Esel
Hamburg	1	Schaf
Hessen	3	Rind, Hund
Mecklenburg-Vorpommern	3	Schwein, Pferd
Niedersachsen	18	Schwein, Rind, Schaf
Nordrhein-Westfalen	38	Schwein, Rind, Katze, Pferd, Zootier, Wildschwein, Feldhase, Damwild
Rheinland-Pfalz	8	Schwein, Rind, Ziege
Sachsen-Anhalt	10	Schwein, Rind, Pferd, Damwild
Schleswig-Holstein	7	Schwein, Hund
Thüringen	2	Schwein, Pferd
Gesamt	126	-

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 humanem 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 intensiver Rinderhaltung eher auf die Übertragung von bei Rindern sporadisch oder persistierend kolonisierenden Stämmen verursacht werden. 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 Klon-spezifischen Wirtszell-Antworten und der Wirts-induzierten bakteriellen Genexpression aufgeklärt werden. Dazu werden derzeit primäre intestinale Organoide (3D-Gewebemodelle) 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.

Zur Abklärung möglicher neuartiger Reservoirs für STEC in Deutschland wurden Neuweltkameliden (NWK; Alpakas und Lamas) untersucht, deren Beliebtheit hierzulande stetig zunimmt. Sie werden im neuen Tiergesundheitsgesetz als Nutztiere gelistet und in der Durchführungsverordnung 2018/1882 der EU-Kommission als Arten, die Seuchen auf Tiere und Menschen übertragen können. Obwohl sie häufig in engem Kontakt zu Nutztieren und Menschen gehalten werden und bekannt ist, dass sie und andere *Camelidae* als Reservoir für STEC dienen, gibt es kaum Daten über das Auftreten von STEC bei diesen Tieren. In einer Pilotstudie in Mitteldeutschland

(Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen) wurden daher Sammelkotproben von NWK auf STEC untersucht. Von 94 Proben aus 43 Betrieben waren 17 PCR-positiv für *stx1* und/oder *stx2*. Aus diesen Proben isolierte STEC-Stämme waren *eae*-negativ und gehörten nicht zu den Serovaren O157:H7, O26:H11, O45:H2, O103:H11, O111, O121:H19, O145 oder O104:H4. Obwohl die Gefährdung durch STEC gering zu sein scheint, sollten weitere Analysen zur Vergrößerung der Datenbasis durchgeführt werden, um die Bedeutung von NWK als Infektionsquelle für den Menschen besser einschätzen zu können.

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 08. Juli 2020, BGBl. I S. 1604) ebenfalls meldepflichtig.

In der Verordnung (EU) 2016/429 vom 9. März 2016 („Tiergesundheitsrecht“) waren Infektionen mit Verotoxin bildenden *E. coli* in Anhang II (Seuchen für die die spezifischen Bestimmungen zur Prävention und Bekämpfung der Verordnung gelten) zunächst gelistet. Artikel 2 Absatz 2 der Verordnung sieht vor, dass sie für Seuchen, einschließlich Zoonosen, unbeschadet der Bestimmungen des Beschlusses Nr. 1082/2013/EU, der Verordnung (EG) Nr. 999/2001, der Richtlinie 2003/99/EG und der Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 gilt. Da jedoch unter anderem Infektionen mit Verotoxin bildenden *E. coli* bereits durch sektorspezifische Vorschriften abgedeckt sind, wurden sie durch die Delegierte Verordnung (EU) 2018/1629 vom 25. Juli 2018 wieder aus der Liste in Anhang II der Verordnung (EU) 2016/429 gestrichen. In der Durchführungsverordnung (EU) 2018/1882 vom 3. Dezember 2018 über die Anwendung bestimmter Bestimmungen zur Seuchenprävention und -bekämpfung auf Kategorien gelisteter Seuchen und zur Erstellung einer Liste von Arten und Artengruppen, die ein erhebliches Risiko für die Ausbreitung dieser gelisteten Seuchen darstellen, sind Infektionen mit STEC/EHEC/VTEC beim Tier entsprechend nicht als kategorisierte Tierseuche geführt.

Literaturhinweise

Barth, SA, M Weber, K Schaufler, C Berens, L Geue, C Menge. Metabolic traits of bovine Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC) strains with different colonization properties. *Toxins*. 2020. 12:414. doi: 10.3390/toxins12060414.

Barth, SA, R Bauerfeind, C Berens, C Menge. STEC in animals - detection, characterization and virulence assessment. In Stephanie Schüller and Martina Bielaszewska (eds.): *Shiga Toxin-Producing Escherichia coli: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology*. 2021. 2291:19-86. doi: 10.1007/978-1-0716-1339-9_2.

González Santamarina B, C Schnee, H Köhler, M Weber, U Methner, C Seyboldt, C Berens, C Menge. Survey on shedding of selected pathogenic, zoonotic or antimicrobial resistant bacteria by South American

camelids in Central Germany. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift*. 2022. 135. doi: 10.2376/1439-0299-2021-21.

Gwida, M, A Awad, M El-Ashker, H Hotzel, S Monnecke, R Ehricht, E Müller, A Reißig, SA Barth, C Berens, SD Braun. Microarray-based detection of resistance and virulence factors in commensal *Escherichia coli* from livestock and farmers in Egypt. *Veterinary Microbiology*. 2020. 240:108539. doi: [10.1016/j.vetmic.2019.108539](https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108539).

Menge, C. Molecular biology of *Escherichia coli* Shiga toxins' effects on mammalian cells. *Toxins*. 2020. 12:345. doi: 10.3390/toxins12060345

Menge, C. The role of *Escherichia coli* Shiga toxins in STEC colonization of cattle. *Toxins*. 2020. 12:607. doi: 10.3390/toxins12090607.

19. Toxoplasmose - Toxoplasmosis

Schares G.

Summary

Toxoplasmosis is a reportable animal disease in Germany. In 2021, a total of 67 cases were reported (40 in cats; 2 in sheep; 1 in a goat; 1 in a cow; 16 in dogs; 1 in a marten; 1 in a fox; 1 in a raccoon; 1 in a pelican; 2 in a non-classified zoo animal). However, there are indications of under-reporting. The regional distribution of the reported cases is similar to earlier published data for *T. gondii* positive feline fecal samples (HERRMANN et al. 2010).

Einleitung

Die Toxoplasmose zählt zu den meldepflichtigen Tierkrankheiten. Sie ist eine Infektionskrankheit, die durch den einzelligen Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen wird. *T. gondii* vermehrt sich obligat intrazellulär. Die Endwirte von *T. gondii* sind Feliden. Sie können mit dem Kot umweltresistente Stadien (Oozysten) des Parasiten ausscheiden, die 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 für Toxoplasmose gesendete Gewebe infizierter Zwischenwirte und verdächtige Kotproben wurden mit Hilfe der PCR auf *T. gondii* untersucht und die darin nachgewiesenen *T. gondii*-Stadien mittels PCR-RFLP-Verfahren typisiert (HERRMANN et al. 2010, 2012 a, b). Das Nationale Referenzlabor für Toxoplasmose hat sich an internationalen Studien beteiligt, um eigene serologische Verfahren zu validieren (PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012; MORÉ et al., 2012).

Labordiagnostische Untersuchungen

Infektionen lassen sich bei der histologischen oder koproscopischen 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 Nationalen Referenzlabor für Toxoplasmose werden vorzugsweise der Immunfluoreszenztest und ein Immunblot, der auf affinitätschromatographisch gereinigtem Antigen (TgSAG1) basiert, zur serologischen Diagnose eingesetzt. Die Untersuchungszahlen aus dem Jahr 2021 sind in der nachfolgenden Tabelle angegeben.

	Anzahl
Einsendungen	100
Erregernachweise	35 von 72
Antikörpernachweise	4 von 28

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 2021 wurden 67 Fälle gemeldet (41 bei Katzen; 2 bei Schafen; 1 bei einer Ziege; 1 bei einem Rind; 16 bei Hunden; 1 bei einem Marder; 1 bei einem Fuchs; 1 bei einem Waschbären; 1 bei einem Pelikan; 1 in einer anderen Zootierart ohne Zuordnung). 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; MORÈ et al., 2012; PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012; STELZER et al., 2019). Serologische und direkte Nachweisverfahren werden weiterentwickelt (HERRMANN et al. 2011). Das NRL Toxoplasmose beschäftigt sich ferner mit der Typisierung von *T. gondii* und mit der Identifizierung und Validierung von Markern, die Aussagen über die Virulenz genetisch verschiedener *T. gondii*-Isolate zulassen (HERRMANN et al. 2010, 2012 a, b).

Staatliche Maßnahmen

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

Zoonosepotential

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

Literaturhinweise

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* or *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 taxonomically are 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 declared officially free of bovine tuberculosis

(Commission decision 97/76/EC) which means that at least 99.9 % of the cattle holdings per year are TB-free and since then this status was maintained.

Nine outbreaks were reported in 2021, five of them in farms in Bavaria and four in farms in Lower Saxony. The Bavarian herds were all affected by strains of the species *M. caprae*, while in Lower Saxony three of four outbreaks were caused by strains of the species *M. bovis*.

Zusammenfassung

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 (Abb. 1). Dem MTC gehören außerdem auch *M. tuberculosis* und *M. africanum* (Tuberkulose des Menschen), *M. microti* (Tuberkulose der Maus) und *M. pinnipedii* (Tuberkulose der Robben) an. Mit *M. orygis* (Antilope), *M. suricattae* (Erdmännchen), *M. mungi* (Mungo) und dem Dassie bacillus (Klippschliefer) wurden in jüngerer Zeit weitere exotische Mitglieder des MTC beschrieben.

Durch konsequente Bekämpfung auf Basis der Tuberkulin-Reaktion wurde in Deutschland zwischen den Jahren 1952 und 1961 (West) bzw. 1959 und 1978 (Ost) der Status der amtlich anerkannten Freiheit von Tuberkulose erreicht. Nach der Vereinigung im Jahr 1990 wurde der Status am 17. Dezember 1996 durch EU-Entscheidung (Entscheidung der Kommission 97/76/EG) bestätigt. Deutschland ist auf Grund dieser Entscheidung seit dem 1. Juli 1996 amtlich anerkannt frei von Rindertuberkulose, da pro Jahr

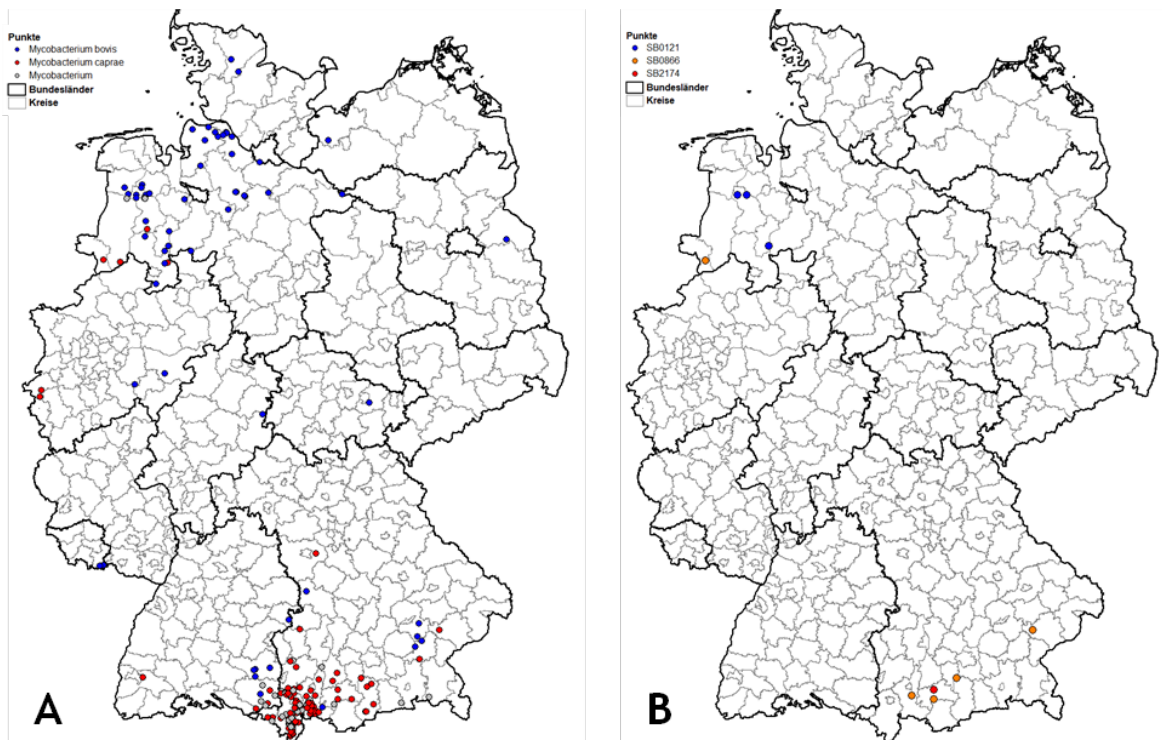


Abb. 1: Geographische Verteilung der gemeldeten Ausbrüche der Tuberkulose der Rinder (A) in den Jahren 2005 bis incl. 2021 (n=212) und (B) für das Jahr 2021 mit weitergehender Typisierung des Erregers (TSN, Stichtag 18.05.2022 und eigene Analysen).

in weniger als 0,1 % der Rinderhaltungsbetriebe Tuberkulose amtlich festgestellt wird.

Statistische Angaben

Zum Stichtag 03.11.2021 wurden in Deutschland 11.039.662 Rinder in 131.163 Betrieben gezählt (Statistisches Bundesamt). Im Vergleich zu den Jahren 2019 und 2020 mit 3 bzw. 10 Ausbrüchen blieb die Anzahl der Ausbrüche mit 9 im Jahr 2021 auf ähnlichem Niveau (Tabelle 1). Die Ausbrüche verteilten sich auf Bayern (n=5) und Niedersachsen (n=4). Als Erreger wurden in Niedersachsen in drei der vier Ausbrüche die Spezies *M. bovis* und einmal *M. caprae*, sowie in Bayern ausschließlich die Spezies *M. caprae* identifiziert.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,007 %. Dies liegt weit unterhalb des 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 %.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchung auf Rindertuberkulose erfolgt in den einzelnen Bundesländern durch die dort ansässigen veterinärmedizinischen Untersuchungsämter bzw. beauftragten Untersuchungsstellen. Hierbei kommen insbesondere real-time PCR- und kulturell-bakteriologische Verfahren zum Einsatz, deren Methoden in der amtlichen Methodensammlung niedergelegt sind. Das NRL steht zur Absicherung des Befundes zur Verfügung.

Tabelle 1: Tuberkulose-Ausbrüche bei Rindern in den Jahren 2005 bis 2021 (TSN Abfrage, 18.05.2022)

MTC-Spezies	Anzahl Ausbrüche je Jahr und Erregerspezies																
	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
<i>M. bovis</i>	2	4	3	15	9	6	3	4	4	3	3	-	-	-	1	-	3
<i>M. caprae</i>	2	1	7	8	10	4	1	5	27	10	7	2	3	5	2	10	6
Nicht typisiert	1	1	2	-	4	1	1	20	9	-	2	-	-	1	-	-	-
Gesamt	5	5	12	23	23	11	5	24	46	13	12	2	3	6	3	10	9

Neben der Rindertuberkulose werden auch Tuberkuloseverdachtsfälle bei anderen Tierarten untersucht, bei welchen immer wieder Erreger des MTC, aber auch andere, nicht tuberkulöse Mykobakterienspezies nachgewiesen werden. Alle im NRL vorhandenen animalen MTC-Isolate werden einer molekulargenetischen Feintypisierung unterzogen, um die epidemiologische Nachverfolgung zu unterstützen. Im Vordergrund stehen hierbei die Spoligotypisierung, DNS-Sequenzanalysen einzelner Gene, PCR-Reaktionen (u.a. RD [region of difference]-Typisierung) und die Analyse der MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit/ variable number of tandem repeat)-Sequenzen. Die Sequenzierung ganzer Genome bzw. der SNPs (single nucleotide polymorphisms) auf dem Gesamtgenom zur Beantwortung molekular-epidemiologischer Fragestellungen gewinnt jedoch mehr und mehr an Bedeutung. In Ausnahmefällen werden Interferon-Gamma-Freisetzungstests (IGRA) mit Blutproben, sowie Antikörpernachweise (nicht beim Rind) durchgeführt.

Die Tabelle 2 listet das im NRL eingegangene Probenmaterial auf und in der Tabelle 3 sind die Ergebnisse der Untersuchungen dargestellt.

Tabelle 2: An das NRL eingeschicktes Probenmaterial im Jahr 2021

Eingesandte Proben	Anzahl
Gewebe, Kot, Spül-, Tupferproben	147
DNS-, Formalin-, Paraffinproben	54
Stämme zur Typisierung	28
Blut-, Serum-, Plasmaproben	9
Gesamt	238

Epidemiologische Untersuchungen

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

Für 2021 zeigte sich, dass nach Spoligotypisierung die 10 positiven Herden in drei Cluster eingeteilt werden konnten (Abb. 1B). Ein Ausbruch in Bayern (Typ SB2174) stand dabei mit Ausbruchsgeschehen aus 2020 in Zusammenhang. Die übrigen vier Ausbrüche in Bayern, sowie der durch *M. caprae* verursachte Ausbruch in Niedersachsen wurden einem Cluster (Typ SB0866) zugeordnet, die übrigen drei *M. bovis*-verursachten Infektionsgeschehen (Typ SB0121) in Niedersachsen bildeten ebenfalls ein eigenes Cluster. Zwei humane *M. caprae*-Isolate sollten durch Feintypisierung auf Übereinstimmung mit bovinen Isolaten überprüft werden. Ein Isolat erwies sich dabei als *M. africanum* und das zweite Isolat konnte

als *M. caprae* bestätigt werden, wies aber ein Feintypisierungsprofil auf, das bisher bei bovinen Isolaten in Deutschland noch nicht nachgewiesen wurde.

Tabelle 3: Untersuchung von Probenmaterial zum kulturellen und/oder molekulargenetischen Nachweis von Mykobakterien im Jahr 2021

Eingesandte Proben nach Tierart	Anzahl untersuchte Proben/Tiere		Anzahl Tiere ohne Nachweis von Mykobakterien	Anzahl positive Tiere [#]			
				MTC	<i>M. avium</i> ssp. <i>hominissuis</i>	<i>M. avium</i> ssp. <i>avium</i>	andere Mykobakterien
Rind	59	30	4	25 ^a	-	-	1 ^e
Schaf	1	1	1	-	-	-	-
Schwein	1	1	-	1 ^b	-	-	-
Pferd	2	1	-	-	1	-	-
Kameliden ¹	16	4	3	-	-	-	1 ^f
Geflügel/Vogel	64	28	8	-	5	10	6 ^g
Katze	7	5	2	-	1	1	1 ^h
Hund	5	4	4	-	-	-	-
Zootiere ²	58	24	17	-	1	-	6 ⁱ
Heimtiere ³	2	1	-	-	1	-	-
Reptilien ⁴	4	2	2	-	-	-	-
Wild ⁵	8	6	2	3 ^c	1	-	-
Mensch ⁶	2	2	-	2 ^d	-	-	-
Gesamt	229	109	43	31	10	11	15

[#]) teilweise Doppelinfektionen. **Untersuchte Tierarten:** 1) Alpaka, Lama, Trampeltier; 2) Elefant, Känguru, Nutria, Antilope, Rothirsch; 3) Kaninchen; 4) Schildkröte, Waran; 5) Biber, Waschbär, Rotwild; 6) humane Isolate zur Feintypisierung. **Identifizierte Mykobakterienspezies:** a) *M. bovis*, *M. caprae*; b) *M. tuberculosis*; c) *M. caprae*, *M. microti*; d) *M. caprae*, *M. africanum*; e) *M. nonchromogenicum*; f) *M. holsaticum*; g) *M. genavense*, *M. interjectum*; h) *M. lepraemurium*; i) *M. barrassiae*, *M. boenickei*, *M. elephantis*, *M. fortuitum*, *M. smegmatis*.

Forschung

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

Ein Wildtierreservoir, das sich durch Vorkommen von *M. caprae* vor allem bei Rotwild manifestiert, besteht im Allgäu und angrenzenden Gebieten der österreichischen Alpen. 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.

Staatliche Bekämpfungsmaßnahmen

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 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 wird.

Zoonosepotential

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. Durch die Einführung der Pas-

teurisierung 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 Gehege-Wild, in neuerer Zeit auch Neuweltkameliden darstellen, die unerkannt infiziert in engem dauerhaftem Kontakt mit dem Menschen leben. Unter ungünstigen Bedingungen ist auch eine Übertragung von Mensch zu Mensch möglich. Je nachdem, ob es sich um die klassische Tröpfchen-Infektion oder den oralen Infektionsweg handelt, kann es eher zur Lungentuberkulose oder zu einer extrapulmonalen Manifestation kommen.

Tabelle 4: Nach IfSG gemeldete Fälle humaner Tuberkulose in den Jahren 2011 bis 2021

Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 18.05.2022

Mykobakterien Spezies	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
<i>M. bovis</i> / <i>M. caprae</i>	48	51	49	51	56	64	51	65	55	41	46
<i>M. tuberculosis</i>	3.043	3.034	3.124	3.131	3.874	3.955	3.687	3.672	3.184	2.868	2.582
andere bzw. nicht spezifizierte Mykobakterien	1.233	1.152	1.190	1.386	2.038	2.096	1.974	1.818	1.641	1.312	1.354
Gesamt	4.324	4.237	4.363	4.568	5.968	6.115	5.712	5.555	4.880	4.221	3.982

Literaturhinweise

- Barth SA, Menge C, Hillemann D, Lauda A, Pfleghaar S (2020) Tuberculosis in a pet ferret (*Mustela putorius furo*). Tierärztl. Praxis Kleintiere/Heimtiere. 48:50-55. doi: 10.1055/a-1069-6630
- Kohl TA, Kranzer K, Andres S, Wirth T, Niemann S, Moser I (2020) Population Structure of *Mycobacterium bovis* in Germany: a Long-Term Study Using Whole-Genome Sequencing Combined with Conventional Molecular Typing Methods. J. Clin. Microbiol. 58(11):e01573-20. doi: 10.1128/JCM. 01573-20
- Marcordes S, Lüders I, Grund L, Sliwa A, Maurer FP, Hillemann D, Möbius P, Barth SA (2021) Clinical symptoms and diagnostic methods of atypical mycobacteriosis due to *Mycobacterium avium* ssp. *hominissuis* in a group of captive Lowland tapirs (*Tapirus terrestris*). Transbound. Emerg. Dis. 68: 1305-1313. doi: 10.1111/tbed.13786
- Marcordes S, Lüders I, Grund L, Sliwa A, Kuehn-Velten WN, Hillemann D, Maurer FP, Barth SA (2021) Treatment of mycobacteriosis caused by *Mycobacterium avium* ssp. *hominissuis* in a group of captive Lowland tapirs (*Tapirus terrestris*). Journal of Zoo and Wildlife Medicine. 52(3): 939-948. doi: 10.1638/2020-0198
- Barth SA, Schulze C, Möbius P, Ochs A, Bock S, Winterhoff N (2021) *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* INMV51 infection in a red-crested turaco (*Tauraco erythrolophus*). Berliner und Münchner Tierärztliche Wochenschrift. 134: 1-7. doi: 10.2376/1439-0299-2020-39
- Belakehal F, Barth SA, Menge C, Mossadak HT, Malek N, Moser I (2022) Evaluation of the discriminatory power of spoligotyping and 19-loci Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit-Variable Number of Tandem Repeat analysis of *Mycobacterium bovis* strains isolated from cattle in Algeria. PLOS ONE. 17(1): e0262390. doi: 10.1371/journal.pone.0262390

21. Tularämie - Tularemia

Tomaso, H., Linde, J., 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.

Whole-Genome-Sequencing allows high-resolution typing which is robust, reproducible and allows the identification of highly closely related strains. Genomically highly similar strains are often found in local foci but may also spread over large distances. Compared to the previous year no strain of a so far novel canonical subclade was detected.

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.

Die Gesamtgenomsequenzierung ermöglicht eine hochauflösende Typisierung, ist robust, reproduzierbar und ermöglicht die Identifizierung und Unterscheidung sehr eng verwandter Stämme. Genomisch sehr ähnliche Stämme kommen häufig in lokalen Gebieten vor, können sich aber auch über weite Strecken verbreiten.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Tularämie werden in den Untersuchungsämtern bzw. vergleichbaren Einrichtungen der Bundesländer durchgeführt. Dem NRL werden Isolate zur Bestätigung der Identifikation und weiteren Charakterisierung zugesandt. Die hierbei verwendeten mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ der WOAH aufgeführt.

Statistische Angaben

Gegenüber dem Vorjahr stieg die Zahl der gemeldeten Fälle pro Jahr bei Menschen und Tieren (Tabelle 1). Im Vergleich zum Vorjahr wurde kein Stamm detektiert, der einer bisher unbekanntem Subklade angehört.

Forschung

Im letzten Jahr war der Schwerpunkt weiterhin auf der bioinformatischen Analyse von Gesamtgenomdaten, um die molekulare Epidemiologie besser abklären zu können. Eine bioinformatische Pipeline zur Genotypisierung von *Francisella tularensis* wurde publiziert und ist öffentlich kostenlos zugänglich.

Tabelle 1: Zahl gemeldeter Fälle von Tularämie in Deutschland (2011 bis 2021)

Jahr	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
Tularämie-Fälle bei Tieren	12	38	44	119	97	63	56	75	208	146	155
Tularämie-Fälle beim Menschen	17	22	20	23	34	43	56	58	74	65	119

(Quellen: TSN und SurvStat, RKI; Stichtag: 1.6.2022)

Tabelle 2: In 2021 durchgeführte Untersuchungen

Probeneingänge/Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen gesamt	Isolate/Gewebe/DNA/Serum	143
Positiver Erregernachweis	Polymerase-Kettenreaktion	82
Kulturelles Wachstum		53
Negativer Antikörpernachweis	SLA	2
Zulassungsuntersuchungen/ Char- genprüfungen		0
Abgabe Referenzmaterial	Isolate/DNA/ Positivkontrollserum	0
Ringtests	Teilnahme an Ringversuch	3
	Organisation Laborvergleichsstudie	1

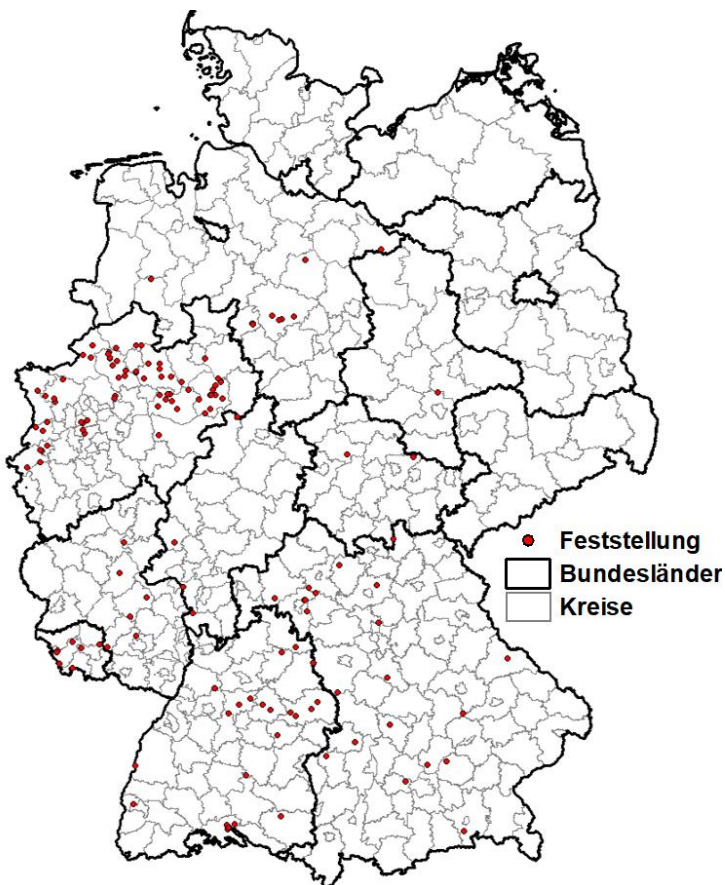


Abbildung 1: Geografische Verteilung der 2021 gemeldeten Tularämie Fälle (155 Feststellungen), Quelle: TSN, 02.12.2022

22. Usutu-Virus-Infektion - Usutu virus infection

Ziegler, U., 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 first 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 and the virus was detected nationwide for the first time. In 2019, the outbreak intensity was significantly lower, but even here, USUV detection was nationwide. In 2020 and 2021, case numbers continued to decline.

Zusammenfassung

Das Usutu-Virus (USUV) ist ein Arbo-Virus (Abkürzung für „*arthropod borne*“), mit einzelsträngiger RNA und zugehörig zur Japan-Enzephalitis-Virus-Serogruppe in der Familie der *Flaviviridae*. Nach dem 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 zu einem besonders heftigen USUV-Ausbruch unter Wild- und Zoovögeln und das Virus wurde erstmalig bundesweit nachgewiesen. In 2019 war die Ausbruchsintensität deutlich geringer,

jedoch auch hier waren die USUV-Nachweise nahezu bundesweit verbreitet. Im Jahr 2020 und 2021 gingen die Fallzahlen weiter zurück.

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 25 Jahren hat es sich inzwischen in Europa etabliert sowie seit über 10 Jahren ist das Virus in Deutschland präsent.

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 dient als natürliche Wirte und das Virus kursiert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf.

USUV-Infektionen verlaufen bei den meisten Vögeln symptomlos, jedoch tritt bei hochempfindlichen 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).

USUV wurde bisher nur ein marginales zoonotisches Potenzial zugeschrieben, es gibt aber Berichte über vereinzelt neurologische Komplikationen (Pecorari et al. 2009, Grottola et al. 2017, Simonin et al. 2018). In Deutschland sind bisher keine klinischen USUV-Erkrankungen beim Menschen bekannt, auch nicht bei immunsupprimierten Patienten. Jedoch wurden bei Untersuchungen von Blutspenden im Raum Aachen ein gesunder Blutspender im September 2016 USUV-RNA positiv getestet (Cadar et al. 2017a). Im Jahr 2018 konnten bei 5 Blutspendern positive USUV-RNA Nachweise festgestellt werden (RKI-Epidemiologisches Bulletin 25/2020). Erstmals im Jahr 2020 wurde eine Doppelinfection mit West-Nil-Virus (WNV) und USUV bei einem Blutspender in Deutschland festgestellt (Frank et al. 2022).

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).

USUV breitete sich in den Folgejahren 2011 bis 2013 besonders in Südwestdeutschland unter Wildvögeln, vorrangig Amseln, aus. Auch zahlreiche Zoovögel, vorrangig 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-Linie Afrika 2).

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. 2017b). Ein weiteres vermehrtes separates Auftreten von 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 Ost-Deutschland dar, mit nachweislich drei gleichzeitig zirkulierenden USUV-Linien in einem Gebiet (USUV-Linie Europa 3, USUV-Linie Afrika 2, USUV-Linie Afrika 3 „like“) (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 getesteten Vögeln (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,

mit nie bisher dagewesenem Ausmaß. Hierbei sind bisher schätzungsweise mehrere zehntausende 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 mit bestätigter Labordiagnostik beziffert sich auf 1.183 Fälle (Quelle FLI + BNITM).

Die phylogenetische Analyse ergab die erste Entdeckung der USUV-Linie Europa 2 in Deutschland (Raum Leipzig) und die Verbreitung der USUV-Linien Europa 3 und Afrika 3 bis nach Norddeutschland. Das deutschlandweite Netzwerk zum 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 erstmals 2018 hohe Seroprävalenzen beobachtet, die in einem engen Zusammenhang mit dem ersten Auftreten von USUV in dieser Region stehen (Michel et al. 2019). Weiterhin konnten kürzlich bei sechs verendeten Vögeln eine Ko-Infektion mit USUV und WNV im Ausbruchsgeschehen 2018/2019 festgestellt werden, wobei hier bei einem Vogel wiederum die USUV-Linie Europa 2 im Raum Dresden ermittelt wurde (Santos et al. 2021).

Die Auswertung der Wildvogelproben der Jahre 2019 und 2020 ergab, dass sie die USUV-RNA-Zirkulation in verschiedenen Regionen Deutschlands gefunden wurde, mit einem Schwerpunkt auf die USUV-Linien Europa 3 und Afrika 3. Verstärkte Hinweise auf die USUV-Linie Europa 2 wurde in Ostdeutschland festgestellt (Abbildung 1). In beiden Jahren lag die USUV-Seroprävalenz in den drei untersuchten Regionen (Nord-/Nordwestdeutschland, Ostdeutschland und Mittel- bzw. Süddeutschland) nur zwischen 3% und 7% (Ziegler et al. 2022).

Besonders wichtige Hinweise hierzu bietet die Datenauswertung aus der im Jahr 2019 eingeführten „Westnilfieber Datenbank“ (<https://westnilfieber.fli.de>), zum Zweck der Erfassung aller bundesweit untersuchten Vögel bezüglich USUV und WNV und deren geografischen Herkunft. Nach anfänglichen Schwierigkeiten beim Start und der zunächst nur händischen Eingabe der Labordaten, konnte nun durch die Einführung von sinnvollen Schnittstellen zwischen LIMS und der Dateneinspeisung in die WNF-Datenbank dies deutlich verbessert werden. Mittlerweile haben alle Untersuchungsämter die Datenübermittlung für die Jahre 2019 und 2020 abgeschlossen und hierzu konnte eine Übersichtskarte kürzlich publiziert werden (Ziegler et al. 2022).

Wir bitten weiterhin alle Untersuchungseinrichtungen um eine zeitnahe Dateneinspeisung der neuen Ergebnisse aus dem Jahr 2021 und aller folgenden Jahre (wünschenswert vierteljährlich), damit auch weiterhin das Ausbruchsgeschehen von USUV jährlich verfolgt werden kann.

Ausblick

Gemeinsam mit den o.g. Kooperationspartnern führt das FLI weiterführende Überwachungsstudien an Wildvögeln durch, um die Ausbreitung bekannter Arboviren und ein erstmaliges Auftreten anderer Arboviren rechtzeitig aufzudecken. Seit dem Jahr 2018 wurden die Standorte zur Sammlung von Wildvogelblutproben deutlich ausgeweitet und ein sog. deutschlandweites Wildvogelnetzwerk im Rahmen eines DZIF-Projektes systematisch ausgebaut. Weiterhin wurden in den letzten Jahren auch die systematische jährliche Untersuchung von Zoovögeln in dieses Netzwerk eingebunden.

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, die Verbreitung und die Zirkulation der USUV-Linien soll aber auch zukünftig mit dem

deutschlandweiten Wild- und Zoovogelnetzwerk und in Kombination mit der „Westnilfieber Datenbank“ überwacht 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 können eine mögliche Erhöhung des zoonotischen Potenzials aufzeigen.

Literatur

Becker N, Jöst H, Ziegler U, Eiden M, Höper D, Emerich P, Fichet-Calvet E, Ehichioya DU, Czajka C, Gabriel M, Hoffmann B, Beer M, Tenner-Racz K, Racz P, Günther S, Wink M, Bosch S, Konrad A, Pfeffer M, Groschup MH, Schmidt-Chanasit J. Epizootic emergence of Usutu virus in wild and captive birds in Germany. *PLoS One* 2012; 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 WE, Hutschenreuter G, Wessiepe M, Schmidt-Chanasit J. Blood donor screening for West Nile virus (WNV) revealed acute Usutu virus (USUV) infection, Germany, September 2016. *Euro Surveill.* 2017a 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 BB, Bosch S, Tannich E, Linden A, Schmidt V, Koopmans MP, Rijks J, Desmecht D, Groschup MH, Reusken C, Schmidt-Chanasit J. Widespread activity of multiple lineages of Usutu virus, western Europe, 2016. *Euro Surveill.* 2017b Jan 26;22(4). pii: 30452. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.4.30452.

Frank C, Schmidt-Chanasit J, Ziegler U, Lachmann R, Preußel K, Offergeld R. West Nile Virus in Germany: An Emerging Infection and Its Relevance for Transfusion Safety. *Transfus Med Hemother.* 2022:1-12.

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 MH, Günther S, Becker N, Schmidt-Chanasit J. Isolation of Usutu virus in Germany. *Am J Trop Med Hyg* 2011; 85:551-53.

Michel F, Fischer D, Eiden M, Fast C, Reuschel M, Müller K, Rinder M, Urbaniak S, Brandes F, Schwehn R, Lühken R, Groschup MH, Ziegler U. 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.

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 TW, Groschup MH, Ziegler U. Evidence for West Nile Virus and Usutu Virus infections in wild and resident birds in Germany, 2017 and 2018. *Viruses* 2019, 11(7), 674.

Pecorari M, Longo G, Gennari W, Grottola A, Sabbatini A, Tagliazucchi S et al.: First human case of Usutu virus neuroinvasive infection, Italy, August-September 2009. *Euro Surveill.* 2009;14(50).

RKI-Epidemiologisches Bulletin: Autochthone Infektionen mit dem West-Nil-Virus in Deutschland 2018 und 2019 (25/2020). Online verfügbar unter https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/Epi-dBull/Archiv/2020/Ausgaben/25_20.pdf, zuletzt aktualisiert am 18.06.2020, zuletzt geprüft am 29.11.2022.

Santos PD, Michel F, Wylezich C, Höper D, Keller M, Holicki CM, Szentiks CA, Eiden M, Muluneh A, Neubaum-Juric A, Thalheim S, Globig A, Beer M, Gro-

schup MH, Ziegler U (2021). Co-infections: Simultaneous detections of West Nile virus and Usutu virus in birds from Germany. *Transbound Emerg Dis*.

Sieg M, Schmidt V, Ziegler U, Heenemann K, Rückner A, Nieper H, Muluneh A, Groschup MH, Vahlenkamp TW. First Outbreak and Co-circulation of Three Different Usutu Virus Strains in Eastern Germany. *Vector Borne Zoonotic Dis*. 2017 Sep;17(9):662-664.

Simonin Y, Sillam O, Carles MJ, Gutierrez S, Gil P, Constant O et al.: Human Usutu Virus Infection with Atypical Neurologic Presentation, Montpellier, France, 2016. *Emerg Infect Dis*. 2018;24(5):875-878.

Weissenböck H, Bakonyi T, Rossi G, Mani P, Nowotny N. Usutu virus, Italy, 1996. *Emerg Infect Dis* 2013. 19:274-7.

Ziegler U, Jöst H, Müller K, Fischer D, Rinder M, Tietze DT, Danner KJ, Becker N, Skuballa J, Haman HP, Bosch S, Fast C, Eiden M, Schmidt-Chanasit J, Groschup MH. 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, Fast C, Eiden M, Bock S, Schulze C, Höper D, Ochs A, Schlieben P, Keller M, Zielke DE, Luehken R, Cadar D, Walther D, Schmidt-Chanasit J. Evidence for an independent third Usutu virus introduction into Germany. *Vet Microbiol*. 2016 Aug 30;192:60-6.

Ziegler U, Bergmann F, Fischer D, Müller K, Holicki CM, Sadeghi B, Sieg M, Keller M, Schwehn R, Reuschel M, Fischer L, Krone O, Rinder M, Schütte K, Schmidt V, Eiden M, Fast C, Günther A, Globig A, Conraths FJ, Staubach C, Brandes F, Lierz M, Korb R, Vahlenkamp TW, Groschup MH. Spread of West Nile Virus and Usutu Virus in the German Bird Population, 2019-2020. *Microorganisms*. 2022;10:807.

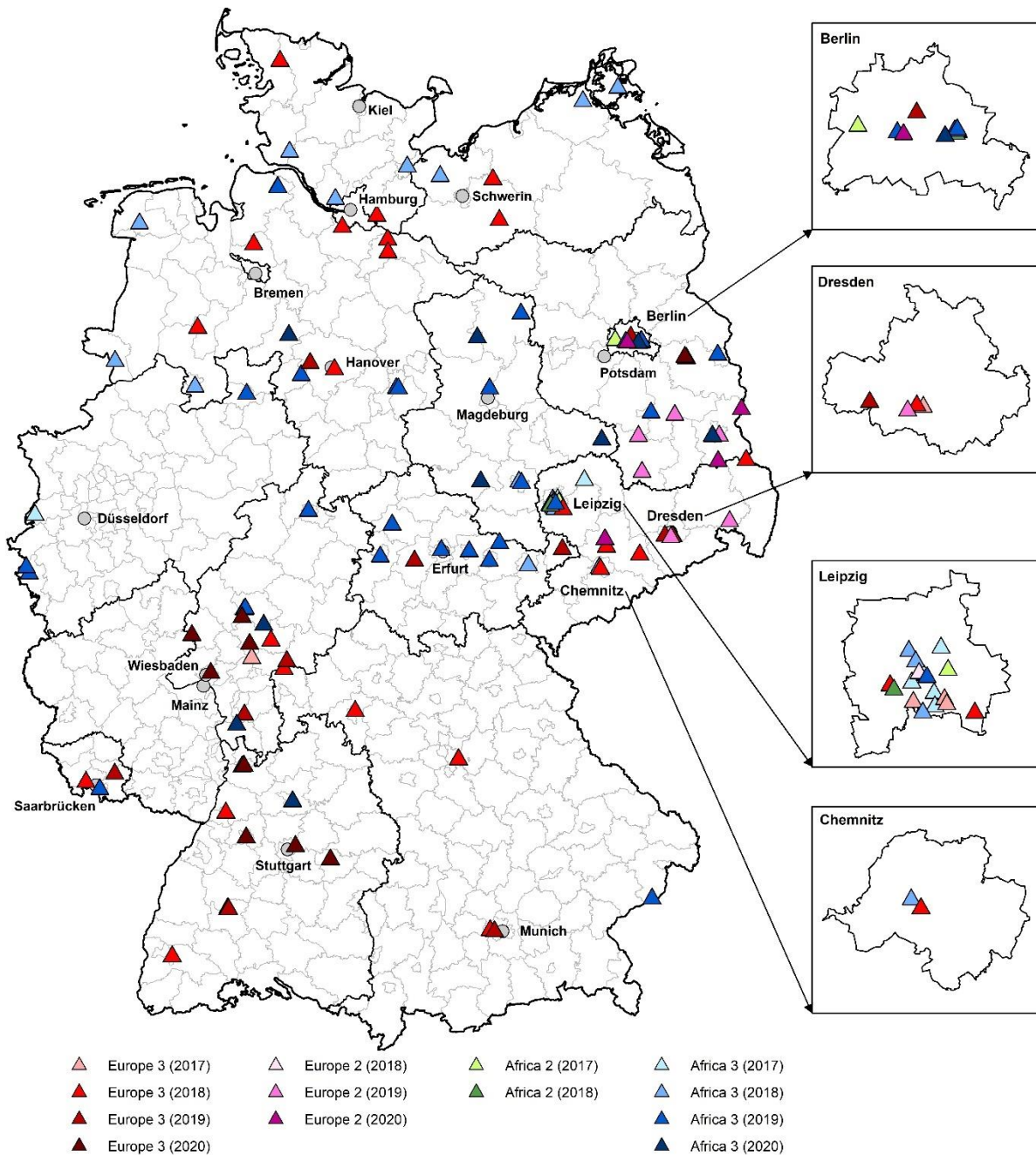


Abbildung 1: Verbreitung der verschiedenen USUV-Linien in Deutschland in den Jahren 2017 bis 2020. Die verschiedenen USUV-Linien sind als farbige Dreiecke dargestellt: rot = USUV-Linie Europa 3, blau = USUV-Linie Afrika 3, grün = USUV-Linie Afrika 2 und lila = USUV-Linie Europa 2. Die unterschiedlichen Farbschattierungen zeigen die jährlichen Nachweise der jeweiligen USUV-Linien an (aus Ziegler et al. 2022)

23. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN) - Viral Haemorrhagic Septicaemia and Infectious Haematopoietic Necrosis

Schütze, H.

Summary

Viral haemorrhagic septicaemia (VHS) and infectious haematopoietic necrosis (IHN) are rhabdoviral diseases of salmonids. Worldwide, IHN and VHS are listed as notifiable diseases. According to Commission Delegated Regulation (EU)2018/1882, IHN and VHS are listed as category C+D+E diseases. The "National Reference Laboratory (NRL) for VHS and IHN" at the Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) on the island of Riems publishes an annual report on the scope and structure of aquaculture with information on epidemiology, 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. Weltweit gelten IHN und VHS als anzeigepflichtige Seuchen. Entsprechend der Delegierten Verordnung (EU)2018/1882 der Kommission sind die IHN und VHS als Seuchen der Kategorie C+D+E gelistet. 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 Epidemiologie, Diagnostik und Bekämpfung der VHS und IHN sowie zum Umfang und zu den Ergebnissen der Laboruntersuchungen bezüglich virusbedingter Fischkrankheiten erarbeitet (§ 27 Tiergesundheitsgesetz, TierGesG).

Der seit 2015 beobachtete Rückgang der Fisch produzierenden Aquakulturbetriebe setzte sich auch 2021 fort. (Abb. 2). Laut Statistischem Bundesamt

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, 2) 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 auf Erhebungen des statistischen Bundesamtes (1) zurückgegriffen.

Allgemeine Angaben

Im Jahr 2021 wurden etwa 32.668 Tonnen (t) Aquakulturprodukte, wie Fische, Muscheln, Krebse, Kaviar und Rogen produziert. Im Vergleich zum Vorjahr stiegen die Muschelerträge um 5,8 % und die Erzeugung von Rogen und Kaviar um 11,3 %. Die Fischproduktion war auch im Jahr 2021 mit -1,8 % leicht rückläufig.

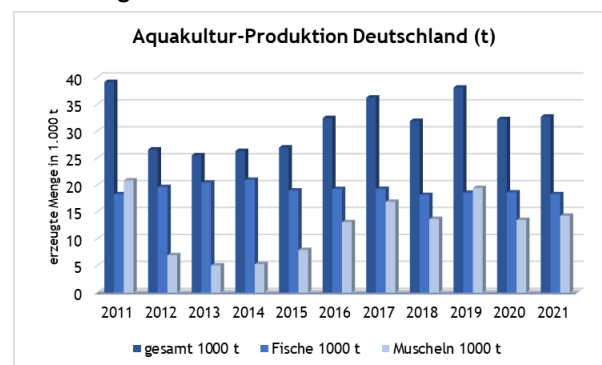


Abb. 1: Erzeugte Mengen Fisch und Muscheln aus Aquakultur von 2011-2021

wurden im Jahr 2021 insgesamt 2208 Fisch produzierende Aquakulturbetriebe des Süßwassers registriert. Dies entspricht einem weiteren Rückgang um ca. 2,17 % (1).

Die deutsche Aquakulturlandschaft ist geprägt von kleinen bis mittleren Betrieben, die teilweise im Nebenerwerb bewirtschaftet werden. Etwa 71 % der Aquakulturbetriebe Deutschlands befinden sich in Bayern. Obwohl diese Betriebe insgesamt mit etwa 5.336 t ca. 29,7 % der Fische in Deutschland erzeugen, ist die durchschnittliche Fischerzeugung mit ca. 3 t pro Betrieb im Vergleich zum Bundesdurchschnitt am niedrigsten. Die höchste Fischproduktion je Betrieb wurde in Mecklenburg-Vorpommern mit etwa 58 t registriert. In diesem Bundesland wurden im Jahr 2021 in nur 16 Betrieben rund 938 t Fisch erzeugt.

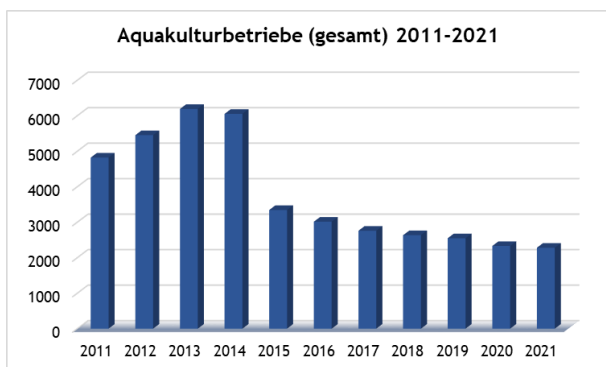


Abb. 2: Aquakulturbetriebe mit Fischerzeugung von 2011 bis 2021 (1)

Insgesamt wurden in Deutschland im Jahr 2021 rund 18.267 t Fisch produziert (Abb. 1).

Die Rückgänge in der Produktion von Regenbogenforellen (-4,13 %) und Bachsaibling (-12,91 %) wurden durch den Zuwachs von Lachsforellen (+7,18 %), Bachforellen (+2,33 %) und Elsässer Saiblingen (+12,33 %) ausgeglichen, so dass die Gesamtproduktion von Salmoniden im Jahr 2021 mit 10.438 t in etwa dem Vorjahresniveau entspricht.

Haupterwerbsquelle in der Fischproduktion Deutschlands sind die Regenbogenforellen mit 5.786 t gefolgt von den Karpfen mit etwa 4.610 t erzeugter Menge (Abb. 3).

Führend in der Fischerzeugung sind nach wie vor die Bundesländer Bayern (5.302 t), Baden-Württemberg (2.577 t), Niedersachsen (2.661 t) und Sachsen (2.214 t).

Anhand der Datenerhebungen des Statistischen Bundesamtes sind regionale Unterschiede hinsichtlich der gehaltenen Fischarten erkennbar.

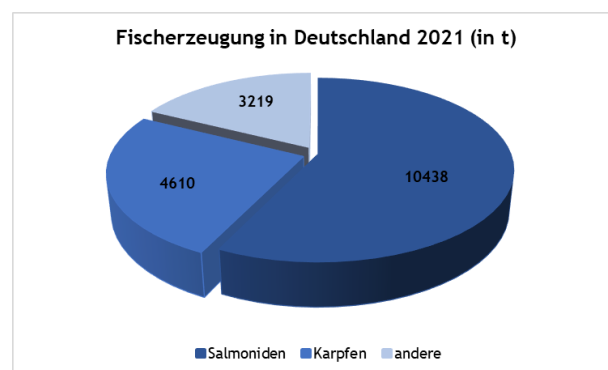


Abb. 3: Fischproduktion in Tonnen (t) in Deutschland im Jahr 2021 (1)

Karpfenwirtschaften werden vorrangig in den Bundesländern Bayern und Sachsen betrieben. Im Bundesland Bayern wurden 2021 ca. 3.320 t (+4,9 %) Salmoniden und 1.727 t Karpfen (-2,2 %) erzeugt. In Sachsen blieb die Erzeugung von Karpfen mit 1.696 t nahezu unverändert. Die Salmonidenproduktion erhöhte sich in diesem Bundesland auf 120 t (+8,11 %). Niedersachsen und Baden-Württemberg produzierten 1.284 bzw. 2.491 t Salmoniden (+9,5 bzw. -4,6 %) und 83 bzw. <1 t Karpfen (-7,77 bzw. -96,4 %).

Maßnahmen der EU zur Bekämpfung und Verhinderung der Ausbreitung von Tierseuchen wurden mit der Verordnung (EU) 2016/429 (Tiergesundheitsrecht; gültig seit 21.04.2021) einschließlich der entsprechenden Tertiärrechtsakte (Delegierte Verordnungen, Durchführungsverordnungen und Durchführungsbeschlüsse) neu festgelegt. Ziel ist

es, die Gesundheit der Fische beim Inverkehrbringen von Tieren aus Aquakultur und deren Erzeugnissen zu schützen. Gemäß der Delegierten Verordnung (EU)2020/689 werden die Fischhaltungsbetriebe entsprechend ihres Gesundheitsstatus bewertet. Unterschieden wird dabei in Fischhaltungsbetriebe, die anerkannt seuchenfrei sind, einem Tilgungs-/Bekämpfungsprogramm unterliegen, an einem freiwilligen Überwachungsprogramm teilnehmen, sowie nicht anerkannt seuchenfrei sind und keinem Tilgungs- und/oder Bekämpfungsprogramm unterliegen.

Laut Umfrage des EU Referenzlabors für Fischkrankheiten waren in Deutschland im letzten Jahr insgesamt 13.231 Fischhaltungsbetriebe (einschließlich Kleinstbetriebe und Anlagen) registriert.

Die meisten Fischhaltungsbetriebe Deutschlands sind nicht anerkannt seuchenfrei und unterliegen auch keinem Tilgungs- und Bekämpfungsprogramm. Laut EU-Abfrage waren im Berichtszeitraum in Bezug auf IHN 6.689 Betriebe und auf VHS 7.037 Fischhaltungsbetriebe nicht anerkannt seuchenfrei (Abb. 4).

Im Rahmen eines freiwilligen Überwachungsprogramms wurden 83 bzw. 73 Betriebe zur Erlangung des IHN- bzw. des VHS-Freiheitsstatus untersucht. Programme zur Tilgung und Bekämpfung der IHN bzw. VHS wurden in 4 bzw. 13 Fischhaltungsbetrieben durchgeführt. 2021 waren in Deutschland 151 bzw. 178 Fischhaltungsbetriebe mit empfänglichen Arten anerkannt seuchenfrei von IHN-bzw. VHS.

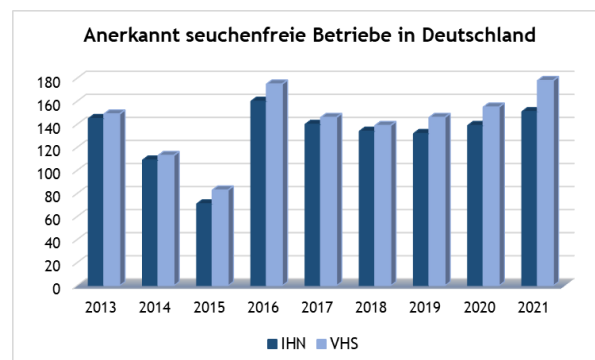


Abb. 4: Anzahl der in Bezug auf IHN- und VHS anerkannt seuchenfreie Betriebe (bis 2020 Kategorie I) in Deutschland von 2013 bis 2021

In Deutschland zugelassene Schutzgebiete (Zonen und Kompartimente) mit dem Status „seuchenfrei“ nach Artikel 38 der Verordnung (EU) 2016/429 hinsichtlich der IHN und/oder VHS werden regelmäßig im TierSeuchenInformationssystem (TSIS) durch das Referat „Tiergesundheit“ (Referat 322) des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft veröffentlicht.

Mit der Verordnung (EU) 2016/429 wurden die Kriterien für die Seuchenprävention und Bekämpfung neu definiert. Entsprechend der Delegierten Verordnung (EU)2018/1882 der Kommission (2) sind die IHN und VHS als Seuchen der Kategorie C+D+E gelistet. Arten und Artengruppen, die nach derzeitigem Kenntnisstand empfänglich für IHN und/oder VHS sind oder diese Erkrankungen übertragen können, sind in den Delegierten Verordnungen (EU) 2018/1882 und 2022/925 aufgeführt. Da die gelisteten Arten ein erhebliches Risiko bei der Verbreitung der Seuchen darstellen, sind geeignete Maßnahmen zur Prävention und Bekämpfung, d. h., auch im Rahmen der Diagnostik, auf diese gelisteten Arten (Empfänger und Überträger) anzuwenden. 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 Epidemiologie

Im Mai 2021 wurde die IHN erstmals im zuvor anerkannt seuchenfreien Mitgliedsstaat Dänemark festgestellt. Auffällig war die fehlende Klinik bei den betroffenen Fischen. Grund für die Untersuchungen in Dänemark war die Feststellung der IHN in einem in Deutschland zuvor anerkannt seuchenfreien Betrieb nach Import von Forellen aus Dänemark. Der epidemiologische Zusammenhang der Feststellung der IHN in Deutschland nach Einfuhr der Tiere aus Dänemark wurde zweifelsfrei geklärt. Auf Grund des bisherigen seuchenfreien Status der Aquakulturbetriebe war Dänemark ein großer Hauptlieferant von Forellen für viele EU-Mitgliedsstaaten. Das IHN-Ausbruchsgeschehen in Dänemark führte dazu, dass zahlreiche Betriebe in Deutschland nach dem Import von Forellen aus Dänemark auf IHN überprüft wurden. Im Berichtszeitraum wurde die IHN insgesamt in 81 Fischhaltungsbetriebe Deutschlands amtlich festgestellt (Abb. 5 und 6). Davon betroffen waren sechs zuvor anerkannt seuchenfreie Betriebe in Bezug auf IHN. Die Tierseuche wurde in den Bundesländern Baden-Württemberg (6x), Bayern (15x), Hessen (1x), Niedersachsen (23x), Nordrhein-Westfalen (19x), Rheinland-Pfalz (5x), Schleswig-Holstein (3x), Sachsen (4x), Sachsen-Anhalt (3x) und Thüringen (2x) festgestellt (Abb. 6).

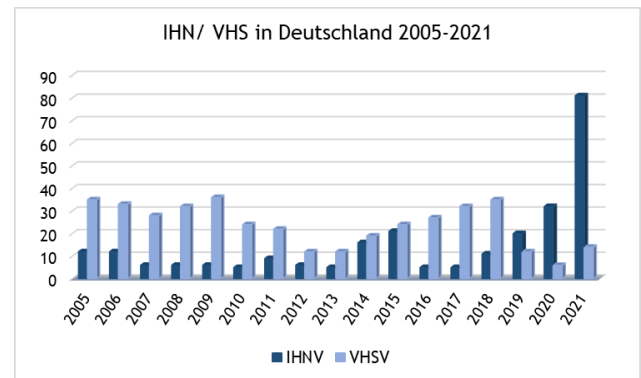
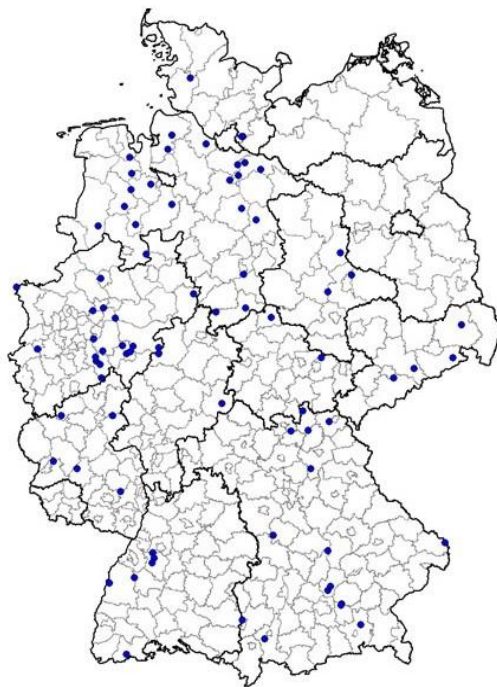


Abb. 5: Anzahl der IHN und VHS Meldungen in Deutschland von 2005 bis 2021 (2)

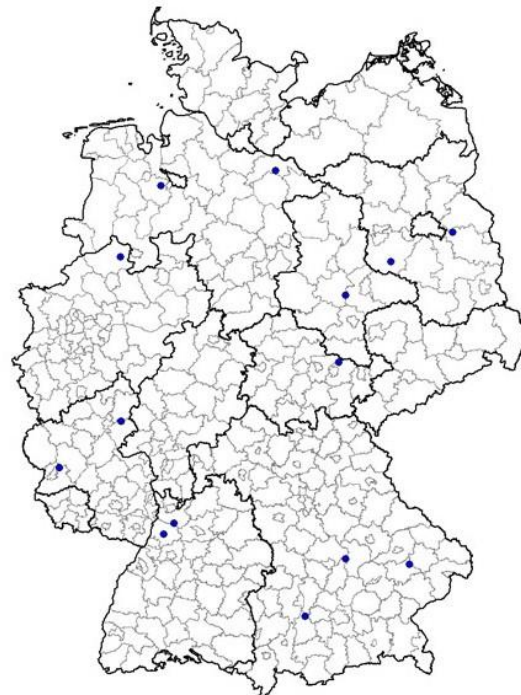
23 der im TSN registrierten IHN-Geschehen wurden als Primärausbruch deklariert.

Erreger der VHS wurden 2021 nach klinischem Verdacht, im Rahmen der Überwachung klinisch gesunder Bestände oder im Zusammenhang mit epidemiologischen Untersuchungen in Kontaktbeständen nachgewiesen.



◆ Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden [IHN]
 □ Bundesländer
 □ Kreise

Abb. 6: Feststellung der IHN in Deutschland 2021



◆ Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden [VHS]
 □ Bundesländer
 □ Kreise

Abb. 7: Feststellung der VHS in Deutschland 2021

Die amtliche Feststellung der VHS hat im Berichtszeitraum zu seuchenrechtlichen Maßnahmen in 14 Aquakulturbetrieben geführt (Abb. 5 und 7). Von der VHS betroffen waren Fischhaltungsbetriebe in den Bundesländern Brandenburg (2x), Baden-Württemberg (2x), Bayern (3x), Niedersachsen (2x), Nordrhein-Westfalen (1x), Rheinland-Pfalz (2x), Sachsen-Anhalt (1x) und Thüringen (1x). Acht VHS-Feststellungen wurden im TSN als Primärausbruch deklariert. In zwei Fischhaltungsbetrieben führte der VHS-Nachweis zum Verlust des zuvor anerkannt seuchenfreien Status in Bezug auf VHS nach Artikel 38 der Verordnung (EU) 2016/429.

Labordiagnostische Untersuchungen

Grundlage für die Probenahme und Diagnosemethoden zur Bestätigung des Vorliegens oder zur Ausräumung eines Verdachts der als Kategorie C+D+E gelisteten Fischseuchen IHN und VHS ist die Delegierte Verordnung (EU) 2020/689 Anhang VI Teil II Kapitel 1.

Das Auftreten von IHN und/oder VHS gilt als bestätigt, wenn eine oder mehrere Diagnosemethoden positive Befunde für den Erregernachweis ergeben. Als Diagnosemethode zulässig sind 1) der Virusnachweis, d.h., die Isolierung des Erregers in der Zellkultur mit Bestätigung durch immunochemische oder molekularbiologische Nachweisverfahren oder 2) der Genomnachweis mittels RT-qPCR. Der erste Fall der IHN und/oder VHS in einem zuvor anerkannt seuchenfreien Aquakulturbetrieb muss durch den Virusnachweis oder den Genomnachweis einschließlich

der Sequenzierung des Amplifikationsproduktes bestätigt werden. Die entsprechend zugelassenen Diagnosemethoden sind detailliert in der amtlichen Methodensammlung des FLI veröffentlicht.

Die Diagnostik erfolgt prinzipiell in den von den zuständigen Behörden mit der Untersuchung von IHN und/oder VHS beauftragten Laboratorien der Bundesländer. Die Klärung fraglicher Befunde, insbesondere im Rahmen von Untersuchungen eines Betriebes mit dem bisherigen Status „anerkannt seuchenfrei“ in Bezug auf IHN und/oder VHS, erfolgt am FLI nach den gesetzlichen Vorgaben. Zur Unterstützung epidemiologischer Nachforschungen der IHN und/oder VHS werden entsprechende Virusisolate vom NRL für IHN und VHS genetisch charakterisiert. Gemäß §27 des TierGesG organisierten die NRL für gelistete Fischseuchen im Jahr 2021 den jährlichen Ringvergleich zur Diagnostik der viralen Erreger der als Kategorie C+D+E gelisteten Krankheiten. Ziel des Ringvergleichs war u.a. die Diagnostik von IHN- und/oder VHS-Erregern auf Grundlage der Delegierten Verordnung EU EU2020/689 und der amtlichen Methodensammlung des FLI. Am nationalen Ringtest beteiligten sich 17 in Deutschland für die Diagnostik der IHN und VHS benannte und zugelassene Labore der Bundesländer und die NRL (3x) für gelistete Fischseuchen am FLI. Die teilnehmenden Labore wählten dabei selbst, ob der Erregernachweis mittels Zellkulturverfahren und anschließender Bestätigung durch immunhistochemische Techniken und/oder mittels Genomnachweis des Erregers durchgeführt wurde. In 15 Laboren erfolgte der Virusnachweis der IHN- und VHS-Erreger. Mittels Titration wurde der Virusgehalt im Probenmaterial in 10 Laboren bestimmt. Der Genomnachweis mittels RT-qPCR erfolgte in 19 der insgesamt 20 teilnehmenden Labore.

Die Ergebnisse des 2021 vom FLI durchgeführten nationalen Ringvergleiches bestätigen, dass die Untersuchungseinrichtungen in Deutschland eine sehr gute Diagnostik etabliert haben. Alle teilnehmenden

Labore identifizierten entsprechend ihrer Akkreditierung die Erreger korrekt. Die Verfahren zum Genomnachweis von IHNV und VHSV sind inzwischen in allen akkreditierten Laboren erfolgreich etabliert. Unterschiede bestehen, wie in den letzten Jahren auch, bei der Bestimmung des Virusgehaltes mittels Titration und RT-qPCR (Abb. 8).

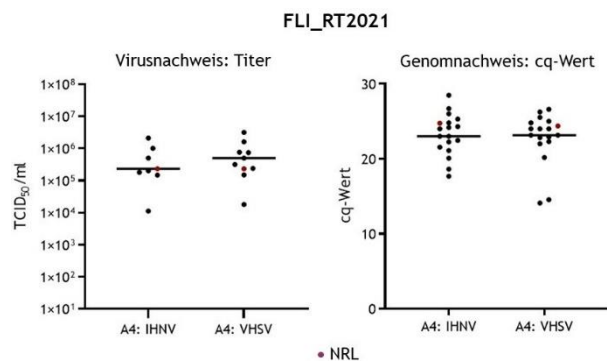


Abb. 8: Ergebnisse des Ringtests FLI_RT2021 zur Bestimmung des Virusgehaltes von IHNV- und VHSV in der Probe 4 mittels Titration und RT-qPCR

Im Vergleich zum Vorjahr hat sich in Deutschland das Probenaufkommen zur Diagnostik von IHNV und VHSV deutlich erhöht. In den von den Bundesländern benannten Untersuchungseinrichtungen wurden fast 5.000 Proben auf das Vorhandensein von IHNV und ca. 3.000 auf VHSV untersucht. 661 Proben wurden positiv auf IHNV und 103 positiv auf VHSV bzw. deren Genom getestet. Der diagnostische Nachweis einer IHNV- bzw. VHSV-Infektion erfolgte in den Untersuchungssämtern vorrangig mittels RT-qPCR. Ein positives Ergebnis wurde in den meisten Fällen durch die Erregerisolierung in den regionalen Laboren und/oder RT-PCR mit anschließender Sequenzierung am 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 viralen Genomnachweis sinnvoll. Das NRL für IHN und VHS am FLI untersuchte im Jahr 2021 insgesamt 280 Proben von 160 Einsendungen auf IHNV und/ oder VHSV.

Der Verdacht einer VHSV-Infektion wurde in zwölf von 15 Einsendungen eindeutig bestätigt. In Proben von zwei Einsendungen war die Viruslast zu gering, so dass der positive VHSV-Genomnachweis nicht durch eine Virusisolierung oder Sequenzierung des Amplifikates bestätigt werden konnte. In einem Fall wurde der Verdacht einer VHSV-Infektion nicht bestätigt. Im Probenmaterial von sechs Einsendungen mit VHS-Verdacht wurde eine Doppelinfektion mit IHNV und VHSV nachgewiesen. In einem Fall wurde eine Dreifachinfektion mit IHNV, VHSV und IPNV festgestellt.

Das FLI erhielt etwa 150 Einsendungen von Proben mit Verdacht einer IHN-Infektion. Material von ca. 140 Einsendungen stammte von Probenahmen aus Aquakulturbetrieben, bei denen ein direkter oder indirekter Zusammenhang mit Transporten aus Dänemark bestand. Im Material von acht Einsendungen wurde der Verdacht einer IHN-Infektion nicht bestätigt. Im Probenmaterial von 142 Einsendungen wurde in der RT-qPCR eindeutig IHNV-Genom nachgewiesen. Die Befundbestätigung des positiven Genomnachweises mittels RT-qPCR erfolgte am FLI durch Amplifizierung und anschließende Sequenzierung eines Genombereiches, der für das Nukleoprotein-Gen (N-Gen) kodiert. Im Berichtszeitraum wurde der IHN-Befund für insgesamt 75 Ausbrüche durch Sequenzierung des partiellen IHNV N-Gens bestätigt. Ein Vergleich dieser Teilsequenz ermöglicht zum einen die Zuordnung des Erregers in die Genogruppe einschließlich einer ersten allgemeinen Einschätzung zur genetischen Verwandtschaft und zum anderen auch die Identifizierung von Mutationen im N-Gen Bereich, um die diagnostische RT-qPCR zeitnah entsprechend diesen Veränderungen anzupassen.

Genetische Charakterisierung der Erreger

Auf Grundlage der Verordnung (EU) 2016/429 wurden zur Aufklärung der IHN- bzw. VHS- Krankheitsgeschehen in den entsprechenden Bundesländern epidemiologische Nachforschungen eingeleitet. Die Untersuchungen zur Ermittlung von Verbreitungs-

und Einschleppungs-wegen der Erreger wurden durch die genetische Charakterisierung der Isolate am FLI unterstützt. Das Interesse an diesen Analysen ist bei den Mitarbeitern der Fischgesundheitsdienste und den Behörden der Bundesländer sehr hoch. Für diese detaillierten 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.

VHSV

Die im Berichtszeitraum nachgewiesenen VHS-Erreger sind innerhalb der Genogruppe la drei unterschiedlichen Subgruppen zuzuordnen.

Auf Grund der ermittelten 100 bis 99,7 %-igen Homologie der Erreger, d.h., maximal drei Nukleotidaustausche innerhalb des G-Gens, erhärtet sich ein epidemiologischer Zusammenhang der VHS-Ausbruchsgeschehen in den Bundesländern Brandenburg (TSN-SO 21-801-00005, 21-801-00013) und Sachsen-Anhalt. Genetisch verwandte Erreger wurden erstmals 2012 in Niedersachsen und in den Folgejahren in Brandenburg, Sachsen-Anhalt, Sachsen und Bayern nachgewiesen.

Die VHS-Viren, die in einer Anlage in Brandenburg (TSN-SO 21-801-00005) zunächst im Zuge der Abklärung des Seuchengeschehens und später im Rahmen der Überwachungs- und Ausschlussuntersuchung identifiziert wurden, unterscheiden sich in drei Nukleotiden innerhalb des Glykoprotein-Gens. Auf Grund der ermittelten Mutationsrate wurde vermutlich ein genetisch verwandter Erreger mit dem Neubesatz in die Anlage eingetragen.

Eine weitere Gruppe von genetisch verwandten VHS-Viren führte zu VHS-Ausbrüchen in Baden-Württemberg (TSN-SO: 21-801-00003) und Niedersachsen (TSN-SO: 21-801-00007 und 21-801-00008). Die VHS-Viren der beiden Ausbrüche in Niedersachsen sind genetisch identisch. Sie wurden im Zusammenhang mit epidemiologischen Untersuchungen nach Transport von IHNV-infizierten Fischen aus Dänemark in

den betreffenden Beständen nachgewiesen (TSN-SO 21-027-00027 und 21-027-00023). D.h., in diesen Anlagen wurde eine Doppelinfektion von IHN und VHS festgestellt. Während die VHS-Viren dieser Ausbrüche in Niedersachsen identisch sind, unterscheiden sich die IHN-Erreger im analysierten Bereich in zwei Nukleotiden. Insofern sind verschiedene Eintragsquellen zu vermuten. Die VHS-Viren in Baden-Württemberg und Niedersachsen unterscheiden sich im G-Gen in vier Nukleotiden. Mit einer Identität von 99,5-99,7% wurde ein genetisch verwandter Erreger bereits 2017 in Baden-Württemberg (TSN-SO 17-801-00017) nachgewiesen. Die genetische Identität zu anderen bislang charakterisierten Viren dieser Gruppe ist mit ca. 98 % relativ gering. In wie weit ein epidemiologischer Zusammenhang der aktuellen VHS-Ausbrüche in Niedersachsen und Baden-Württemberg mit dem VHS-Fall in Baden-Württemberg im Jahr 2017 besteht oder der Erreger erneut nach Deutschland eingeschleppt wurde, ist abzuklären. Von einer Anlage in Baden-Württemberg wurde nach Feststellung der VHS (TSN-SO: 21-801-00009) der Erreger von verschiedenen Proben in der Zellkultur isoliert. In einer Probe wurde zusätzlich zu VHSV erneut IHNV nachgewiesen (TSN-SO: 20-027-00033). Die VHS-Viren sind genetisch identisch. Die höchste ermittelte Identität besteht mit nur 99,08 % zu VHS-Erregern, die 2016 in Frankreich bzw. 2017 in Rheinland-Pfalz identifiziert wurden. Auf Grund der vorliegenden Daten sollte die Herkunft des VHSV in diesem Betrieb durch umfassende epidemiologische Untersuchungen abgeklärt werden.

IHNV

Auf Grund des erhöhten Probenaufkommens im Berichtszeitraum erfolgte die genetische Charakterisierung der aktuellen IHN-Erreger in der Regel von nur einer Probe je Betrieb/ Anlage. Von insgesamt 62 IHN-Ausbrüchen im Jahr 2021 wurden die Erreger im Detail genetisch charakterisiert. Zusätzlich wurde IHNV-positives Probenmaterial untersucht, das im

Rahmen von Kontrolluntersuchungen nach Sanierung und Neubesatz sichergestellt wurde.

Der Erreger vom Erstnachweis der IHN in Deutschland nach Import von Forellen aus Dänemark ist im analysierten Bereich genetisch identisch mit den Viren, die in Dänemark isoliert wurden (pers. Mitteilung des EURL). Der Sequenzvergleich aller in Deutschland im Berichtszeitraum nachgewiesenen Erreger verdeutlicht eine hohe Übereinstimmung der meisten aktuellen IHN-Viren (Abb. 9). Der Vergleich der genetischen Daten zeigt aber auch, dass nicht alle IHN-Ausbrüche durch einen Erregereintrag aus Dänemark verursacht wurden.

Alle im Berichtszeitraum identifizierten IHN-Erreger sind der europäischen Genogruppe E zuzuordnen. Basierend auf der Analyse des vollständigen Glykoprotein-Gens können die IHN-Viren aus dem Jahr 2021 in fünf verschiedene phylogenetische Gruppen eingeteilt werden.

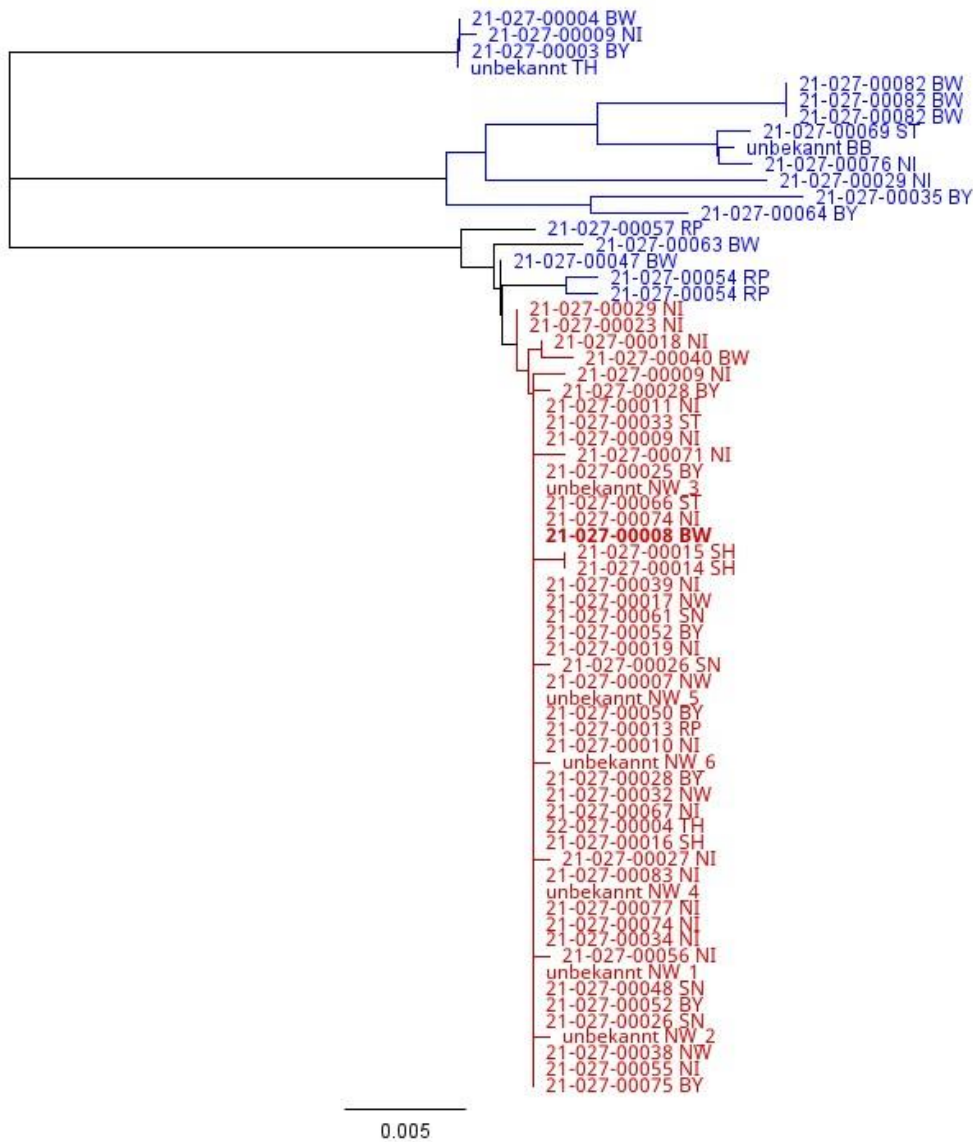


Abb. 9: Phylogenetische Analyse der aktuellen IHNV basierend auf dem Glykoprotein-Gen (1.527 nt). Angegeben sind die entsprechenden TSN-Seuchenobjektnummern (TSN-SO) und das jeweilige Bundesland (BW: Baden-Württemberg, BY: Bayern, BB: Brandenburg, HE: Hessen, NI: Niedersachsen, NW: Nordrhein-Westfalen, RP: Rheinland-Pfalz, SH: Schleswig-Holstein, SN: Sachsen, ST: Sachsen-Anhalt, TH: Thüringen). Rot gekennzeichnet sind die TSN-SO, bei denen von einem direkten oder indirekten Zusammenhang mit Lieferungen von Forellen aus Dänemark auszugehen ist. Der erste IHN-Fall in Deutschland nach Import von Fischen aus Dänemark ist fett hervorgehoben. In Blau sind jene TSN-SO aufgeführt, bei denen eine Verbindung zu dänischen Betrieben auszuschließen ist.

In der Gruppe 1 sind Erreger zusammengefasst, die nach Import mit IHNV infizierten Forellen aus Dänemark in Deutschland identifiziert wurden (Abb. 10). Insgesamt wurde für 35 Ausbrüche in Deutschland der bestehende epidemiologische Zusammenhang durch die genetische Analyse der Erreger eindeutig bestätigt. Basierend auf den genetischen Analysen ist die Herkunft des Erregers von 14 IHN-Ausbrüchen

nicht zweifelsfrei zu klären. Mit einer Identität von 99,9 - 99,8 % sind die entsprechenden Erreger genetisch sowohl mit Viren aus Deutschland der Jahre 2019 und 2020 als auch des Jahres 2021 nach Fischimporten aus Dänemark sehr eng verwandt. In Bayern und Sachsen (TSN-SO 21-027-00028 und 21-027-00026) wurden je IHN-Ausbruch zwei Erreger isoliert, die sich in einem Nukleotid pro Ausbruch

unterscheiden. Im Bundesland Rheinland-Pfalz wurden von einem IHN-Ausbruch (TSN-SO 21-027-00054) zwei Erreger nachgewiesen, die sich innerhalb des G-Gen in vier Nukleotiden voneinander unterscheiden. Beide Erreger sind mit einer Identität von 99,6 - 99,5 % eher mit IHN-Viren aus den Jahren 2019 und 2020 verwandt. Ein zweifacher Eintrag von IHN-Erregern ist in diesem Fall zu prüfen.

Bei Untersuchungen nach Sanierung und Neubesatz wurde in zwei Fällen der identische Erreger isoliert (TSN-SO 21-027-00052 und 21-027-00074), d.h., entweder wurde die Sanierung nicht erfolgreich durchgeführt oder der identische Erreger wurde auf Grund der aktuellen Verbreitung in Deutschland durch den

Neubesatz wieder eingetragen. In zwei Aquakulturbetrieben in Niedersachsen (TSN-SO 00009 und 21-027-00029) wurde im Rahmen der Kontrolluntersuchungen jeweils ein anderes IHN-Virus nachgewiesen, das nach erfolgreicher Sanierung des Bestandes durch den Neubesatz mit Fischen eingetragen wurde.

Genetisch verwandte IHN-Viren der Gruppe 1 wurden erstmals 2013 in Deutschland nachgewiesen. Die Herkunft konnte nicht geklärt werden. In den Jahren 2015 und 2019 verursachten genetisch eng verwandte Erreger massive IHN-Ausbrüche mit hohen Verlusten.



Abb. 10: Genetische Verwandtschaft der IHNV aus der Gruppe 1 basierend auf dem IHNV G-Gen. Angegeben sind die entsprechenden TSN-Seuchenobjektnummern (TSN-SO) und das jeweilige Bundesland (BW: Baden-Württemberg, BY: Bayern, BB: Brandenburg, HE: Hessen, NI: Niedersachsen, NW: Nordrhein-Westfalen, RP: Rheinland-Pfalz, SH: Schleswig-Holstein, SN: Sachsen, ST: Sachsen-Anhalt, TH: Thüringen). Rot gekennzeichnet sind die TSN-SO, bei denen von einem direkten bzw. indirekten Zusammenhang mit Lieferungen von Forellen aus Dänemark auszugehen war. Der erste IHN-Fall in Deutschland nach Import von Fischen aus Dänemark ist fett hervorgehoben. In Blau sind jene TSN-SO aufgeführt, bei denen eine Verbindung zu dänischen Betrieben auszuschließen ist. Genetisch verwandte Erreger aus den Jahren 2013 bis 2020 sind in schwarz unter Angabe des jeweiligen Bundeslandes und des Jahres abgebildet. Unter Deutschland 2015/2016 sind genetisch identische Erreger zusammengefasst, die zwischen 2015 und 2016 in verschiedenen Bundesländern nachgewiesen wurden.

Der aktuelle Erreger der Gruppe 2 wurde erstmals Ende letzten Jahres in Bayern (TSN-SO 20-027-00035) nachgewiesen (Abb. 11). Im Januar 2021 wurde die IHN in Bayern (TSN-SO 21-027-0003) und in Baden-Württemberg (TSN-SO 21-027-00004) von demselben Erreger verursacht. Im November 2021 wurde dieser Erreger auch in einem Fischhaltungsbetrieb in Thüringen nachgewiesen, der als Kontaktbetrieb zu den IHN-Ausbrüchen in Dänemark überprüft wurde. Basierend auf der identifizierten Sequenz dieses Erregers und den vorliegenden Informationen zum IHN-Geschehen in Dänemark kann derzeit ein Zusammenhang mit den IHN-Ausbrüchen in Dänemark im Jahr 2021 ausgeschlossen werden.

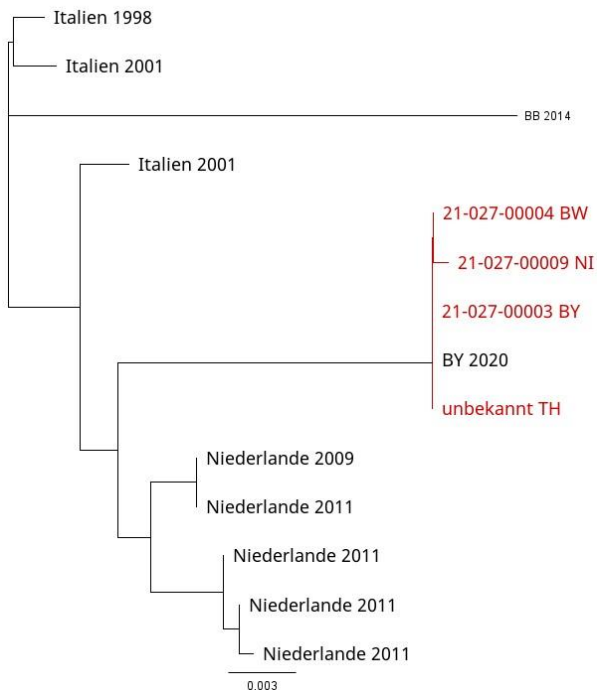


Abb. 11: Genetische Verwandtschaft der IHNV aus der Gruppe 2 basierend auf dem IHNV G-Gen.

In Rot hervorgehoben sind die aktuellen IHN-Erreger aus Deutschland unter Angabe der entsprechenden TSN-Seuchenobjektnummern (TSN-SO) und des betroffenen Bundeslandes (BW: Baden-Württemberg, BY: Bayern, NI: Niedersachsen, TH: Thüringen).

In Niedersachsen (TSN-SO 21-027-00009) wurde im Rahmen der Kontrolluntersuchung nach Reinigung und Desinfektion und Neubesatz im Mai 2022 nicht mehr der ursprüngliche Erreger aus der oben beschriebenen Gruppe 1, sondern jener Erreger aus der Gruppe 2 isoliert, der in Bayern, Baden-Württemberg und Thüringen die IHN verursachte. Die Herkunft des Erregers ist bis heute ungeklärt.

Das Virus unterscheidet sich in 15 Nukleotiden von einem IHN-Erreger, der nur im Jahr 2014 in Brandenburg nachgewiesen wurde. Phylogenetisch verwandte IHN-Viren wurden zwischen 2009 und 2011 in den Niederlanden (Differenz von 26 bis 31 Nukleotiden) sowie 1998 und 2001 in Italien (27-31 Nukleotidaustausche) nachgewiesen. Ob der Erreger mehrfach nach Deutschland eingetragen, durch Transporte von Bayern innerhalb von Deutschland verteilt wurde oder von einer noch nicht identifizierten Quelle in Deutschland stammt, bleibt vorerst offen.

Im Dezember 2021 wurde im Rahmen des Monitorings in Baden-Württemberg (TSN-SO 21-027-00082) ein IHNV nachgewiesen, welches sich im analysierten Bereich des G-Gens in 6 - 11 Nukleotiden von Erregern aus Bayern der Jahre 2018 und 2019 bzw. in 13 - 15 Nukleotiden von Viren aus Baden-Württemberg des Jahres 2014 unterscheidet (Gruppe 3, Abb. 12). Bei einer Mutationsrate von 0 - 2 nt pro Jahr innerhalb des G-Gens kann der IHN-Ausbruch in Baden-Württemberg sowohl durch bekannte Erreger aus Baden-Württemberg oder Bayern als auch durch Viren unbekannter Herkunft verursacht worden sein.

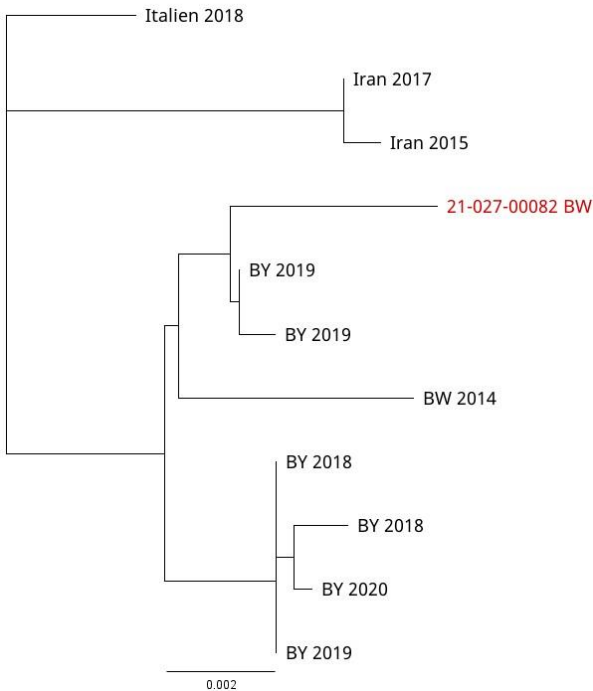


Abbildung 12: Genetische Verwandtschaft der IHNV aus der Gruppe 3 basierend auf dem IHNV G-Gen. In Rot hervorgehoben ist der aktuelle IHN-Erreger aus Deutschland unter Angabe der entsprechenden TSN-Seuchenobjektnummern (TSN-SO) und des betroffenen Bundeslandes (BW: Baden-Württemberg).

Die aktuellen IHN-Erreger der Gruppe 4 wurden in den Bundesländern Brandenburg (TSN-SO 21-027-00003 und unbekannt), Niedersachsen (TSN-SO 21-027-00076) und Sachsen-Anhalt (TSN-SO 21-027-00069) nachgewiesen. Die entsprechenden Erreger sind mit einer Identität von 99,9 - 99,7 % untereinander genetisch eng verwandt. D.h., die aktuellen IHN-Viren dieser Gruppe unterscheiden sich minimal in einem bis maximal vier Nukleotiden voneinander (Abb. 13).

Basierend auf den verfügbaren Einträgen in internationalen und nationalen Datenbanken wurde für die aktuellen IHN-Viren dieser Gruppe eine Identität von 99,6 - 99,5 % zu Erregern ermittelt, die 2013 sowohl in Bayern (TSN-SO 13-027-00004) als auch in Italien nachgewiesen wurden. Weitere genetisch verwandte Erreger wurden zwischen 2014 und 2019 in Frankreich, Italien und dem Iran nachgewiesen. Auf Grund der ermittelten phylogenetischen Verwandtschaft der aktuellen IHNV dieser Gruppe, ist

auch in diesen Fällen ein Neueintrag nach Deutschland nicht auszuschließen.

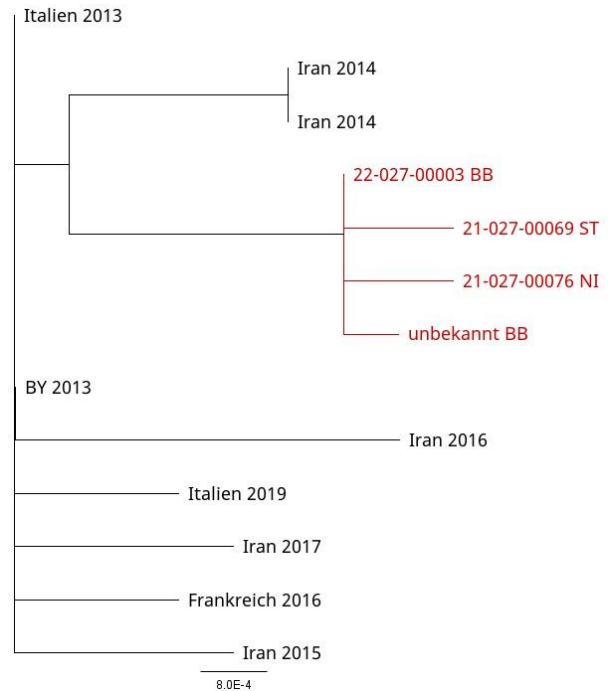


Abbildung 13: Genetische Verwandtschaft der IHNV aus der Gruppe 4 basierend auf dem IHNV G-Gen. In Rot hervorgehoben sind der aktuellen IHN-Erreger aus Deutschland unter Angabe der entsprechenden TSN-Seuchenobjektnummern (TSN-SO) und des betroffenen Bundeslandes (BW: Baden-Württemberg, BB: Brandenburg, NI: Niedersachsen, ST: Sachsen-Anhalt).

Ebenfalls ungeklärt ist die Herkunft der Erreger in der Gruppe 5, die 2021 in Bayern (TSN-SO 21-027-00035 und 21-027-00064) isoliert wurden (Abb. 14). Beide Erreger unterscheiden sich im analysierten Bereich in 19 Nukleotiden voneinander, was einer Identität von 98,9 % entspricht. Die nächste genetische Verwandtschaft wurde mit einer Identität von 99,2 % zu Erregern ermittelt, die in Italien 2015 bzw. 2018 isoliert wurden. Ebenfalls kann ein Zusammenhang mit IHN-Viren, die 2014 in Bayern und Baden-Württemberg nachgewiesen wurden, nicht ausgeschlossen werden.

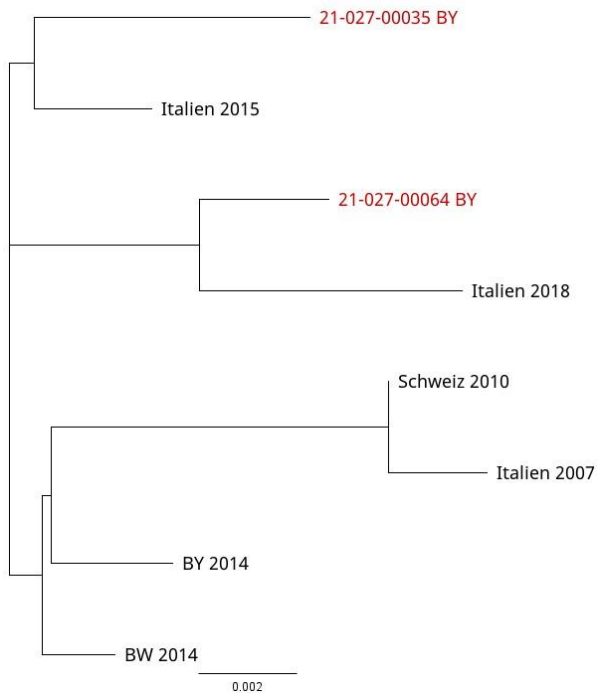


Abb. 14: Genetische Verwandtschaft der IHNV aus der Gruppe 5 basierend auf dem IHNV G-Gen.

Rot hervorgehoben sind die aktuellen IHN-Erreger aus Deutschland unter Angabe der entsprechenden TSN-Seuchenobjektnummern (TSN-SO) und des betroffenen Bundeslandes (BW: Baden-Württemberg, BY: Bayern)

Das Auftreten der IHN in Dänemark verdeutlicht, wie schnell Seuchen auch in der Aquakultur durch den Handel mit infizierten, jedoch klinisch unauffälligen Fischen verbreitet werden können. Auf Grund seiner zentralen geographischen Lage führen zahlreiche Transportrouten durch Deutschland. In der Regel erfolgen die Lieferungen von Fischen durch dafür spezialisierte Unternehmen. Diese tragen im Rahmen der Seuchenprävention eine besonders hohe Verantwortung. Im Zusammenhang mit der IHN in Dänemark und deren Verbreitung in Europa sowie der erstaunlich hohen Zahl von IHN- und VHS-Erregern ungeklärter Herkunft im Jahr 2021 in Deutschland, sind auch die Hygienepraktiken der Transportunternehmen kritisch zu hinterfragen und zu prüfen. Durch das Auftreten der IHN in Dänemark ist die Aquakultur in Deutschland in mehrfacher Hinsicht von dessen Folgen betroffen. Zum einen wurden zahlreiche IHN-Ausbrüche in Deutschland festgestellt. Zum anderen war Dänemark bislang ein

Hauptlieferant von Forellen aus anerkannt seuchenfreien Gebieten in Bezug auf die IHN und VHS. Der Neubesatz mit Fischen aus anerkannt IHN und VHS seuchenfreien Gebieten ist eine wichtige Voraussetzung für die künftige Seuchenfreiheit von Aquakulturbetrieben. Der Verlust der Seuchenfreiheit dänischer Zulieferer ist für die deutschen Aquakulturbetriebe ein enormes Problem. Mit dem neuen Tiergesundheitsrecht (Verordnung (EU) 2016/426) ist u.a. auch die Veröffentlichung seuchenfreier Gebiete, Kompartimente und Zonen geregelt. Eine Liste von Mitgliedstaaten und Teilen von Mitgliedstaaten, die frei von bestimmten Wassertierkrankheiten sind und nicht unter Artikel 9(1) der Verordnung (EU) 2016/429 oder unter ein Tilgungsprogramm fallen, wurde im Durchführungsbeschluss (EU) 2021/260 veröffentlicht. Da einige Mitgliedstaaten (u.a. Dänemark, Finnland, Italien, Irland, Portugal und Slowenien) freie Zonen oder Kompartimente benannt haben, müssen die entsprechenden Anlagen I und II für die gelisteten Seuchen der Land- und/oder Wassertiere jedoch noch angepasst werden.

Weil darüber hinaus Informationen zu anerkannt seuchenfreien Zonen und Kompartimenten in Bezug auf IHN und/oder VHS von anderen Mitgliedsstaaten noch nicht öffentlich verfügbar sind, ist es derzeit sehr schwer, seuchenfreie Besatzfische entsprechend den gesetzlichen Vorgaben zu beziehen. Insofern ist das gehäufte Auftreten der IHN und/oder VHS mit Erregern ungeklärter Herkunft im Jahr 2021 nachvollziehbar.

Der vorliegende Bericht bestätigt erneut die Notwendigkeit einer regelmäßigen Überwachung von Aquakulturbetrieben im Rahmen der Seuchenbekämpfung. Nur durch regelmäßige Kontrollen und Probenahmen können anzeigepflichtige Erkrankungen in klinisch unauffälligen Beständen rechtzeitig erkannt und eliminiert werden.

Gefährdung des Menschen

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

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

Quellen

- 1) Statistisches Bundesamt (Destatis), 2021
- 2) Tierseuchennachrichtensystem des FLI (TSN)

24. Vibrionenseuche der Rinder - Bovine genital campylobacteriosis

EL-ADAWY, H. H.

Summary

Bovine genital campylobacteriosis is a venereal disease characterised by infertility, early embryonic death, and abortion in cattle. *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* is the causative agent of this sexually transmissible disease. A second subspecies *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* can be recovered from intestinal tract of ruminants but has also zoonotic potential for humans. Both subspecies have to be diagnosed by phenotypic methods and/or subspecies-specific PCRs. A third subspecies, *Campylobacter fetus* subsp. *testudinum*, was described and is primarily isolated from reptiles (Fitzgerald et al., 2014)

Bovine genital campylobacteriosis is a notifiable disease in Germany. In 2021 *C. fetus* subsp. *venerealis* was not reported in Germany.

Zusammenfassung

Bei der Vibrionenseuche der Rinder handelt es sich um eine venerische Erkrankung der Rinder, die in Deutschland selten diagnostiziert wird und der Anzeigepflicht unterliegt. Das verursachende Agens ist *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis*. Dieses Bakterium ist wegen unterschiedlicher Epidemiologie und klinischer Bedeutung und der daraus resultierenden Konsequenzen durch geeignete Diagnostikmethoden von *C. fetus* subsp. *fetus* zu unterscheiden. Eine dritte Subspezies, *Campylobacter fetus* subsp. *testudinum*, wurde 2014 beschrieben und wird hauptsächlich bei Reptilien nachgewiesen (Fitzgerald et al., 2014).

Im Jahr 2021 wurde *C. fetus* subsp. *venerealis* in Deutschland nicht gemeldet.

Labordiagnostische Untersuchungen

Es wurde eine Arbeitsanleitung zur Diagnostik der bgC erarbeitet, welche in der amtlichen Methodensammlung des FLI zu finden ist. Das Untersuchungsmaterial (Präputialspülproben, Vaginaltupfer etc.)

muss frisch sein und nach spätestens 6 h sollte die Kultivierung auf Skirrow-Medium oder Mueller-Hinton-Agar mit Zusatz von 10% Schafblut begonnen werden. Die Anzucht erfolgt bei 37°C mikroaerophil (85% N₂, 10% CO₂, 5% O₂) über 5 bis 7 Tage.

Die traditionelle Differenzierung der Subspezies von *C. fetus* basiert auf ihrer unterschiedlichen Toleranz gegenüber 1% Glycin (Schulze et al., 2006). Alternativ wird zur phänotypischen Differenzierung die PCR verwendet. Mit einer konventionellen Duplex-PCR wird zum einen die Spezies *C. fetus* identifiziert, zum anderen ist es möglich, eine Subspezies-Differenzierung von *C. fetus* subsp. *fetus* und *C. fetus* subsp. *venerealis* durchzuführen (Hum et al., 1997). Eine weitere Möglichkeit zur Differenzierung der beiden *Campylobacter-fetus*-Subspezies *fetus* und *venerealis* bietet eine PCR basierend auf dem Nachweis des *C.-venerealis*-spezifischen Insertionselementes ISCfe1 (Abril et al., 2007).

Die Sequenzierung des gesamten Genoms kann für die Subtypisierung von *Campylobacter fetus* verwendet werden (Abdel-Glil et al., 2020). Entsprechend den Ergebnissen von Abdel-Glil et al., 2020 wurde zur Auswertung von Gesamtgenomsequenzen eine bioinformatische Toolbox (https://gitlab.com/FLI_Bioinfo/cfvcatch/-/issues/1) durch das NRL zur Verfügung gestellt.

Gesamtgenom-Sequenzierung mit anschließender bioinformatischer Datenanalyse ist in vielen Ländern bereits Standard bei der Isolat-basierten Feintypisierung, für Ausbruchsanalysen und zur Charakterisierung von *Campylobacter fetus*. Während Sequenzierung mittels Verfahren der zweiten Generation (next generation sequencing) etabliert ist, befinden sich Verfahren der dritten Generation in der Validierungsphase. DNS-Isolation und Erstellung von Libraries sollten nach Herstellerangaben durchgeführt werden. Die Datenanalyse beginnt mit einer Qualitätskontrolle. Dabei sollten mindestens

80% der Basen einer Probe einen Qualitätswert (Phred Score) 30 aufweisen. Quantitativ sollte eine Coverage von mindestens 30 angestrebt werden, wobei mindestens 70% der Reads taxonomisch dem Genus *Campylobacter* zugeordnet werden sollten. In der Datenanalyse folgt nun meist die Assemblierung der Reads zur Vorhersage von Contigs. Die assemblierten Genome sollten eine Größe von $\sim 1.8 \text{ Mbp} \pm 25\%$ und einen N50-Wert von 15kB aufweisen. Zur Typisierung ist das klassische MLST (7 Gene), basierend auf der Genomsequenz, möglich. Hochauflösende Phylogenie ist durch die Bestimmung von Einzelnukleotidänderungen (SNPs) möglich.

Statistische Angaben

Die bgC stellt eine in Deutschland nur selten auftretende Tierseuche dar. Die Zahl der Neuausbrüche dieser Tierseuche war in den letzten Jahren immer kleiner als zehn (Tab. 1). Im Jahr 2021 wurde kein Fall einer Infektion durch *C. fetus* subsp. *venerealis* gemeldet. Die Verdachtsproben erwiesen sich alle als *C. fetus* subsp. *fetus*.

Epidemiologische Untersuchungen

Die Vibrionenseuche der Rinder ist eine durch Infertilität, frühe embryonale Mortalität und Abort charakterisierte, venerische Erkrankung. Heute wird sie als bovine genitale Campylobacteriose (bgC) bezeichnet. Der Erreger der bgC ist *Campylobacter* (*C.*) *fetus* subsp. *venerealis* (enzootischer Abort). Es ist ein Bakterium mit ausgeprägtem Tropismus für den Genitaltrakt des Rindes. Der Präputialsack klinisch gesunder Bullen ist das natürliche Reservoir für den Erreger. Abzugrenzen von der bgC sind Infektionen mit *C. fetus* subsp. *fetus*, der seinen natürlichen Standort im Intestinaltrakt von Rindern hat und gleichfalls Aborte auslösen kann. Eine dritte Subspezies stellt *C. fetus* subsp. *testudinum* dar, welche aus Mensch und Reptilien isoliert wurde (Fitzgerald et al., 2014).

Die Erregerübertragung beim Rind erfolgt hauptsächlich durch den natürlichen Deckakt. Bullen zeigen meist keine Krankheitsanzeichen. Da der Erreger im Samen enthalten sein kann, besteht die Gefahr der Übertragung durch künstliche Besamung. Bei weiblichen Tieren sind die Hauptsymptome Fruchtbarkeitsstörungen, Aborte in jedem Trächtigkeitsstadium und Sterilität.

Die Unterschiede in der Epidemiologie und der klinischen Bedeutung der Subspezies von *C. fetus* erfordern eine exakte Identifizierung und Differenzierung. Bei Aborten sind differentialdiagnostisch Brucellose, Trichomoniasis und Salmonellose auszuschließen.

Forschung

Einige deutsche Isolate der *Campylobacter fetus*-Subspezies *fetus* und *venerealis* und unterschiedlicher Wirte wurden in eine phylogenetische Untersuchung durch Gesamtgenom-Sequenzierung aufgenommen, um die Epidemiologie beider Subspezies zu charakterisieren. Insgesamt wurden 182 Isolate aus 17 Ländern, die über einen Zeitraum von mehr als 60 Jahren gesammelt wurden, in die Analyse einbezogen. Der Mensch wird als ursprünglicher Wirt für *C. fetus* angesehen. Häufig kann der Erreger in der intestinalen Mikrobiota nachgewiesen werden. Beginnend mit der Domestizierung vor etwa 10.000 Jahren begann die Kolonisierung des Rindes durch *C. fetus* und dieses Bakterium wurde dort als venerisches Pathogen adaptiert (Iraola et al., 2017).

Ein weiteres Ziel ist die kontinuierliche Erweiterung der Stammsammlung, welche möglichst alle deutschen *C. fetus*-Isolate, die im Zusammenhang mit veterinärmedizinischen Untersuchungen in den Landesbehörden anfallen, umfassen soll.

Staatliche Maßnahmen

Bei der bgC handelt es sich um eine anzeigepflichtige Tierseuche. Rechtsgrundlage der Untersuchungen zum Vorkommen von *C. fetus* subsp. *venerealis* sind die Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen und die Verordnung zum Schutz gegen übertragbare Geschlechtskrankheiten der Rinder vom 3. Juni 1975 (Deckinfektionen-Verordnung - Rinder) in der jeweils geltenden Fassung.

Zoonosepotential

Im Gegensatz zu *C. fetus* subsp. *fetus* und *C. fetus* subsp. *testudinum*, welchen zoonotisches Potential zugeschrieben wird, fehlt dieses der Subspezies *venerealis*. Diese Subspezies wurde bisher ausschließlich bei Rindern nachgewiesen.

Tabelle 11: Zahl der Ausbrüche der bgC in Deutschland in den Jahren 2006 bis 2021 (Stand 24.06.2022)

Jahr	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021
bgC	6	7	9	6	-	1	3	3	2	2	-	-	-	-	-	-

Literaturhinweise

Abdel-Glil MY, Hotzel H, Tomaso H, Linde J. Phylogenomic analysis of *Campylobacter fetus* reveals a clonal structure of insertion element ISCfe1 positive genomes. *Front Microbiol* 2020; 11, 585374. doi: 10.3389/fmicb.2020.585374

Abril C, Vilei EM, Brodard I, Burnens A, Frey J, Miserez R. Discovery of insertion element ISCfe1: a new tool for *Campylobacter fetus* subspecies differentiation. *Clin Microbiol Inf* 2007;13:993-1000.

Fitzgerald C, Tu ZC, Patrick M, Stiles T, Lawson AJ, Santovenia M, Gilbert MJ, van Bergen M, Joyce K, Pruckler J, Stroika S, Duim B, Miller WG, Loparev V, Sinnige JC, Fields PI, Tauxe RV, Blaser MJ, Wagenaar JA. *Campylobacter fetus* subsp. *testudinum* subsp. nov., isolated from humans and reptiles. *Int J Syst Evol Microbiol* 2014;64:2944-2948.

Hum S, Quinn K, Brunner J, On SLW. Evaluation of a PCR assay for identification and differentiation of *Campylobacter fetus* subspecies. *Aust Vet J* 1997;75:827-831.

Iraola G, Forster SC, Kumar N, Lehours P, Bekal S, García-Peña FJ, Paolicchi F, Morsella C, Hotzel H, Hsueh PR, Vidal A, Lévesque S, Yamazaki W, Balzan C, Vargas A, Piccirillo A, Chaban B, Hill JE, Betancor L, Collado L, Truysers I, Midwinter AC, Dagi HT, Mégraud F, Calleros L, Pérez R, Naya H, Lawley TD.

25. West-Nil-Virus-Infektion - 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, owls and raptors are highly susceptible to the infection and may develop fatal encephalitis, while other bird species only go through subclinical infection. Humans and horses are dead-end-hosts and can develop disease post infection, ranging from mild febrile illness (West Nile fever) to encephalitis with fatal outcome.

WNV was detected in Germany for the first time in 2018. Since then, it has occurred annually with varying intensity and spatially limited. Also in 2021, a large number of infected birds and horses were detected in the known endemic areas in the eastern part of Germany. Extensive molecular phylogenetic and serological investigations have been carried out since then and the results are presented in various publications or summarized in the text below.

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.

Einige Vogelarten wie z. B. Raben, Eulen 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.

Erstmals wurde das West-Nil-Virus im Jahr 2018 in Deutschland nachgewiesen. Seitdem ist es jährlich mit unterschiedlicher Intensität und räumlich begrenzt aufgetreten. Auch im Jahr 2021 wurde eine Vielzahl von infizierten Vögeln und Pferden in den bekannten Endemiegebieten im östlichen Teil Deutschlands detektiert. Umfangreiche molekular-phylogenetische und serologische Untersuchungen sind seitdem erfolgt und die Ergebnisse hierzu sind in verschiedenen Publikationen dargestellt bzw. nachfolgend auszugsweise im Text erläutert.

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-Meningo-enzephalitis-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 Arbo-Viren (Abkürzung für „arthropod-borne“) gezählt.

Epidemiologie / Klinische Symptomatik

Bei **Vögeln** bleibt eine Infektion mit WNV in den meisten Fällen symptomlos. Eine Reihe von Vogelarten ist jedoch sehr empfänglich für WNV, so dass es zu massiven Epidemien mit Todesfällen kommt. Hierbei sind besonders Sperlingsvögel (Passeriformes), darunter vor allem die Rabenvögel (*Corvidae*), aber auch einige Greifvogelarten aus der Ordnung

der Accipitri-/Falconiformes sowie verschiedene Eulenarten (Strigiformes) zu nennen.

Die Mehrzahl der **Pferde**, die mit WNV infiziert werden, entwickeln ähnlich dem Menschen keinerlei klinische Symptomatik. Einige Tiere hingegen reagieren jedoch mit deutlichen zentralnervösen Ausfallerscheinungen aufgrund von Meningitiden oder Enzephalitiden. Zu den klinisch auffälligen zentralnervösen Störungen zählen Stolpern, Nachhandlähmungen, Ataxien, allgemeine Schwäche, Muskelzittern (Tremor) und Lähmungen bis zum Festliegen der Tiere. Die erkrankten Pferde zeigen seltener fiebrige Allgemeinerkrankungen, diese treten nur in ungefähr einem Viertel der infizierten Fälle auf. Pferde mit klinischen Anzeichen können die Infektion zwar überleben, behalten aber oft lebenslang neurologische Schäden zurück. Eine spezifische Behandlungsmöglichkeit existiert nicht, nur eine symptomatische Therapie ist möglich. Bei bis zu 40 Prozent der infizierten Tiere kann die Erkrankung tödlich verlaufen.

Labordiagnostische Untersuchungen / Forschung

Die seit vielen Jahren am FLI durchgeführten virologischen und serologischen Untersuchungen von Wildvögeln auf das Vorkommen von WNV und anderen Arboviren werden jährlich fortgeführt. Hierbei wurden in den letzten Jahren auch verstärkt Zoovögel in diese Untersuchungen einbezogen.

Nach dem Eintrag von WNV im Jahr 2018 nach Deutschland kam es zu jährlich wiederkehrenden Erkrankungsfällen bei Vögeln, Pferden und Menschen. Hauptverbreitungsgebiete sind hierbei vorrangig die östlichen Gebiete Deutschlands (Ziegler et al. 2019, Ziegler et al. 2020). Diese häufig betroffenen Regionen mit den bestätigten Nachweisen von West-Nil-Virus-Infektionen bei Vögeln und Pferden von 2018 bis 2021 sind in der Abbildung 1 auf Landkreisebene dargestellt. Hotspots sind hierbei in Sachsen, Sachsen-Anhalt, Brandenburg und Berlin zu verzeichnen. Dabei konnten neben der Zunahme der Fallzahlen bei Wild- und Zoovögeln sowie Pferden auch erstma-

lig humane Erkrankungsfälle verzeichnet werden (Pietsch et al. 2020, Frank et al. 2022). Bei Vögeln und Pferden wurden in den Jahren 2019 und 2020 auch eine Erkrankungshäufigkeit in diesen Gebieten aufgezeigt, obwohl dies nur die Spitze des Eisbergs darstellt, denn viele WNV-infizierte Vögel und Pferde werden nicht erkannt. Für das Jahr 2021 wurden 34 Infektionen im Vogel (Tabelle 1) und 19 Infektionen im Pferd registriert (Abbildung 2). Ebenso ist es auch für die humanen Erkrankungen, die in der Mehrzahl asymptomatisch verlaufen und nur weniger als 1% der Infizierten neurologisch auffällig werden. Im Jahr 2019 gelang es erstmals WNV in *Culex pipiens* Stechmücken im Raum Berlin nachzuweisen (Kampen et al. 2020). Kürzlich erfolgte der Beleg, dass WNV erfolgreich in adulten Stechmücken in Deutschland überwintern kann (Kampen et al. 2021).

Tabelle 1: Nachweise von WNV-Infektionen in Vögeln im Jahr 2021 und Auflistung der infizierten Vogelspezies mit Zuordnung zur Haltungform und der betroffenen Bundesländer.

Vogelspezies	Lateinischer Name	Haltung	Anzahl WNV- infizierter Vögel	Nachweise Bundesland
Blaukehlguan	<i>Pipile cumanensis</i>	Zoo	1	BE
Blaumeise	<i>Parus caeruleus</i>	Wildvogel	1	SN
Chileflamingo	<i>Phoenicopterus chilensis</i>	Zoo	1	BE
Elster	<i>Pica pica</i>	Wildvogel	1	BE
Gerfalke	<i>Falco rusticolus</i>	Privatvoliere	1	ST
Habicht	<i>Accipiter gentilis</i>	Wildvogel	17	BE, ST
Humboldt-Pinguin	<i>Spheniscus humboldti</i>	Zoo	2	ST, SN
Jendayasittich	<i>Aratinga jandaya</i>	Zoo	1	BE
Kanarienvogel	<i>Serinus canaria forma domestica</i>	Privatvoliere	4	ST
Kernbeißer	<i>Coccothraustes coccothraustes</i>	Wildvogel	1	BB
Roter Sichler	<i>Eudocimus ruber</i>	Zoo	1	SN
Schneeeule	<i>Bubo scandiacus</i>	Zoo	2	BE, ST
Sperbergeier	<i>Gyps rueppellii</i>	Zoo	1	ST

BB: Brandenburg; BE: Berlin; SN: Sachsen; ST: Sachsen-Anhalt

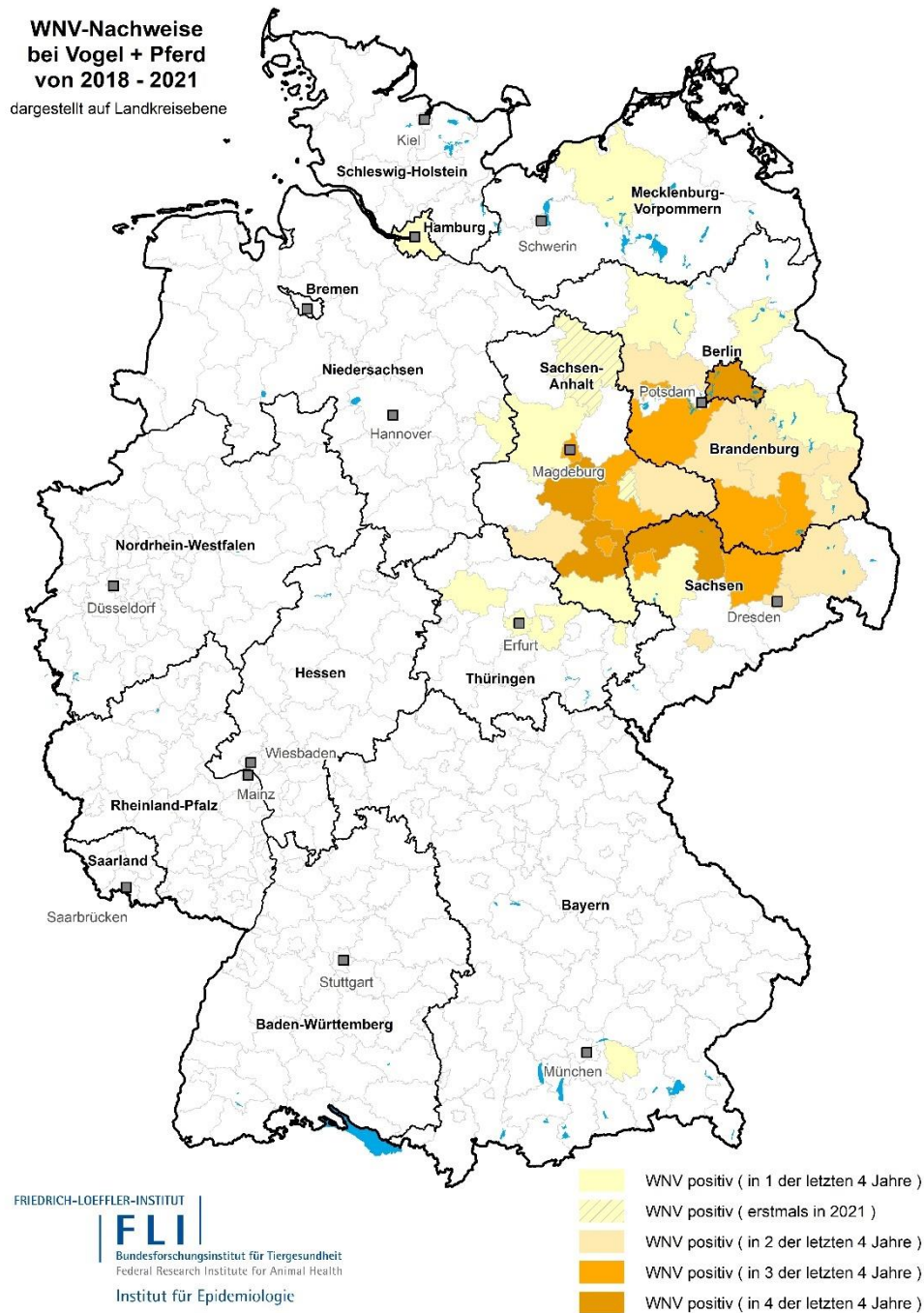


Abbildung 1: Geographische Verbreitung der WNV-Nachweise bei Vögeln und Pferden seit 4 Jahren (2018 bis 2021), dargestellt auf Landkreisebene.

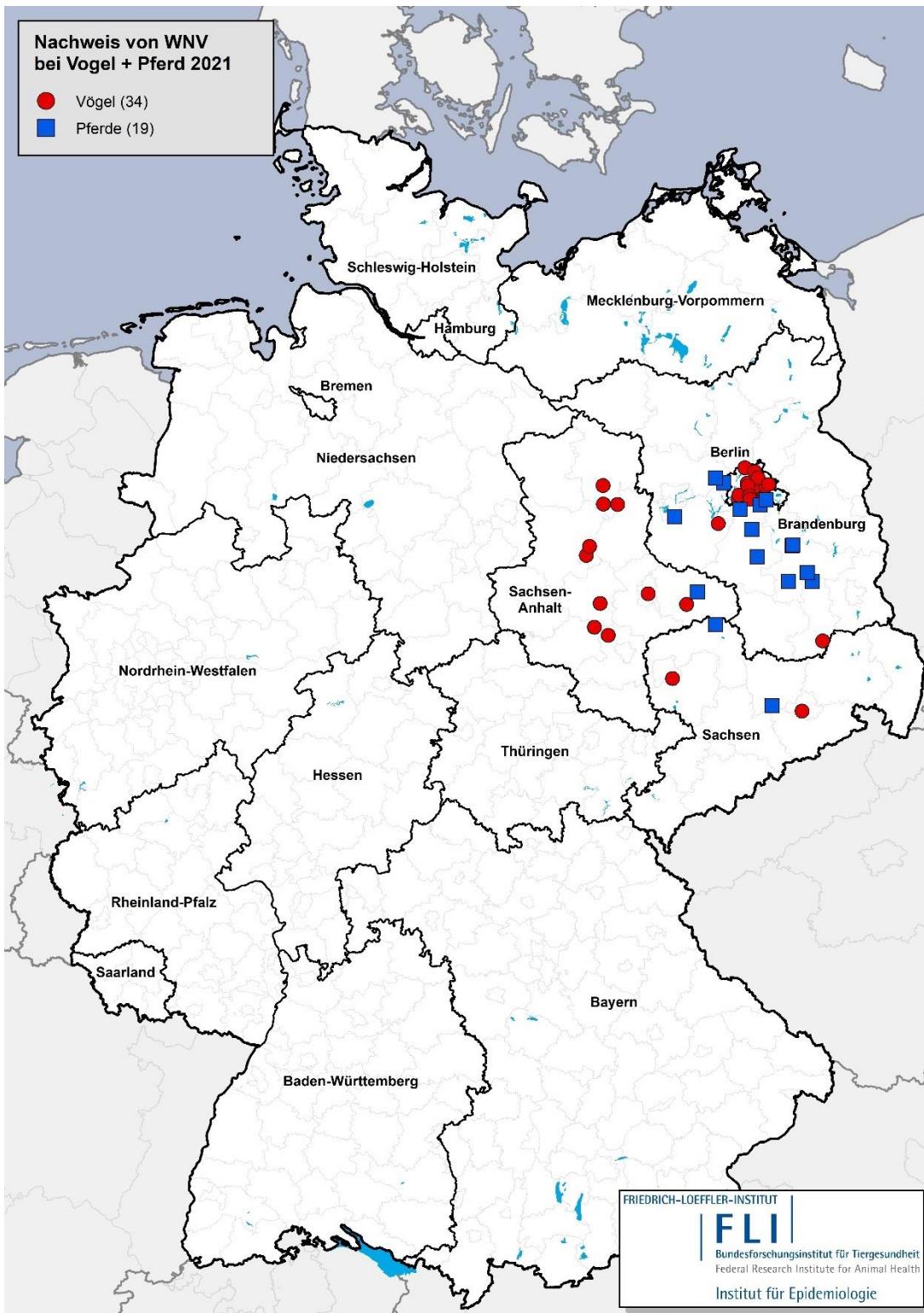


Abbildung 2: Geographische Verbreitung der WNV-Nachweise bei Vögeln und Pferden im Jahr 2021.

In Gebieten, wo sowohl WNV als auch USUV in der Vektorpopulation vorkommen, kann ein hoher Infektionsdruck durch beide Viren in einem räumlich sehr dichten Gebiet mit vielen empfänglichen Vogelarten zeitgleich auftreten. Prädisponiert sind hierbei zoologische Gärten und Tierparks. Für diese konnten erstmals Nachweise von Ko-Infektionen mit beiden Arboviren in fünf Zoovögeln und einem Wildvogel ermittelt und molekularbiologisch/ phylogenetisch sowie serologisch belegt werden (Santos et al. 2021).

Dass WNV bisher nur in den östlichen Gebieten und in Mitteldeutschland auftritt, untermauern die kürzlich durchgeführten Seroprävalenzstudien in der deutschen Pferdepopulation. In einer Publikation konnte belegt werden, dass in der Region Berlin/Brandenburg deutliche WNV-Seroprävalenzen zwischen 8,16% und 13,77% zu verzeichnen sind. Jedoch für das Vorkommen von WNV in Nordrhein-Westfalen besteht kein Hinweis (Bergmann et al. 2022). Die andere Studie zeigte in den untersuchten Gebieten von Mitteldeutschland im Jahr 2020 eine Seroprävalenz von 5,8% bezüglich WNV in den untersuchten Pferden auf (Ganzenberg et al. 2022).

Auch das Wildvogelmonitoring der Jahre 2019 und 2020 belegt das Vorkommen von WNV-Genom und WNV-spezifischen Antikörpern in der Standvogelpopulation in den östlichen Gebieten. Jedoch erste Hinweise in Standvögeln und Teilziehern zeigen eine Ausbreitung in westlicher und südwestlicher Richtung auf, allerdings bisher nur auf serologischer Ebene ohne Virusgenomnachweis (Ziegler et al. 2022).

Erste molekularbiologische Untersuchungen der Isolate aus 2018 zeigten, dass es sich um ein WNV der Linie 2 handelt (Ziegler et al. 2019). Eine neuere detaillierte phylogenetische Studie der Isolate von 2018 und 2019 lässt erkennen, dass in Deutschland mehrere WNV-Eintragsereignisse stattfanden. Dabei dominierten in den Jahren 2018 und 2019 die

Stämme einer bestimmten phylogenetischen Clade (Eastern German WNV clade) die Virusvarianten, die als einzelnes Eintragsereignis in Deutschland eingeführt wurde. Die phylogenetischen Analysen belegen ferner, dass WNV den Winter 2018/19 unbeschadet überstanden hat (Ziegler et al. 2020). Für 9 humane Isolate aus dem Raum Leipzig konnte gezeigt werden, dass diese wiederum der WNV-Linie 2 und hier speziell der „Eastern German WNV clade (EGC)“ zugeordnet werden, was auf eine endemische saisonale Zirkulation dieser Viren in dieser Region hindeutet (Pietsch et al. 2020). Auch die phylogenetischen Analysen von 44 Vogelisolaten und zwei Pferden aus dem Jahr 2020 zeigten, dass nur ein dominantes WNV-Subcluster (entspricht EGC) zur enzootischen Aufrechterhaltung dieses Infektionsgeschehens in Deutschland führte (Santos et al. 2022).

Die Infektion mit dem WNV bei einem Vogel oder Pferd ist eine anzeigepflichtige Tierseuche in Deutschland. Gemäß dem seit 21. April 2021 anzuwendenden EU-Tiergesundheitsrechtsaktes (Verordnung EU 2016/429) wird WNV als gelistete Seuche der Kategorie „E“ eingestuft, d.h. eine Überwachung innerhalb der EU muss erfolgen. Bisher gibt es national hierzu keine weiteren Regelungen (Stand November 2022).

Bleiben die Bedingungen für das Virus weiterhin günstig - d.h. empfängliche Vögel als Reservoirwirte, einheimische Stechmücken als kompetente Vektoren und für den Vermehrungszyklus in der Mückensaison und die spätere Überwinterung günstige Temperaturen (feuchtes Frühjahr, überdurchschnittlich heiße Sommer verbunden mit warmen Wintern) sind eine Etablierung in den betroffenen Regionen und eine weitere Ausbreitung von WNV innerhalb Deutschlands in den nächsten Jahren nicht auszuschließen. Die Erfahrungen mit WNV in süd- und südosteuropäischen Ländern unterstützen diese Vermutungen.

Die Ständige Impfkommission Veterinärmedizin (StIKo Vet) empfahl bereits im Oktober 2018 eine Impfung von Pferden, die sich vorübergehend oder dauerhaft in einem WNV-betroffenen Gebiet in Deutschland befinden. Dabei wird empfohlen, die Impfung jährlich vor der Mückensaison im Frühjahr zu wiederholen, um in der Zeit der wahrscheinlichsten Virusübertragung durch Stechmücken die höchsten Antikörpertiter zu erzielen. Die StIKo Vet bekräftigte diese Empfehlung auch für die Saison 2020 und 2021. Sollten Pferde im Herbst immunisiert worden sein, kann erwogen werden, das Impfintervall einmalig zu verkürzen, um dann im Frühjahr einen jährlichen Impfrhythmus aufzunehmen (siehe unter <https://stiko-vet.fli.de/de>).

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.

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	Boehringer Ingelheim	lebend

Ausblick

Um das Risiko im Hinblick auf Infektionen beim Menschen und Tieren sowie die Verbreitung von WNV und USUV besser einschätzen zu können, wird das seit vielen Jahren am Institut für neue und neuartige

Tierseuchenerreger (INNT) des FLI bestehende Wildvogel-Monitoring Projekt jährlich weitergeführt (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. Dieses Wildvogelnetzwerk dient auch dazu neue WNV-Hot-Spots regional und zeitlich schneller aufzuzeigen, um damit das Gefährdungspotential für den Menschen in bestimmten Gebieten zeitlich schneller und besser abschätzen zu können.

Der weitere Verlauf der WNV-Erkrankung unter den Vögeln und Pferden und der Erkrankungshäufigkeit beim Menschen in Deutschland ist derzeit nicht vorherzusagen. Die Erfahrungen mit WNV in süd- und südosteuropäischen Ländern lassen aber vermuten, dass das Virus in Deutschland jährlich auftreten und sich sehr wahrscheinlich in den nächsten Jahren weiter ausbreiten wird.

Rechtsvorschriften

Gemäß dem seit 21. April 2021 anzuwendenden EU-Tiergesundheitsrechtsaktes (Verordnung EU 2016/429) wird WNV als gelistete Seuche der Kategorie „E“ eingestuft, d.h. eine Überwachung innerhalb der EU muss erfolgen. Bisher gibt es national hierzu keine weiteren Regelungen und die bisherige Anzeigepflicht bleibt derzeit in Deutschland bestehen (Stand November 2022).

Literaturhinweise

- Bergmann F, Trachsel DS, Stoeckle SD, Bernis Sierra J, Lübke S, Groschup MH, Gehlen H, Ziegler U. Sero-epidemiological Survey of West Nile Virus Infections in Horses from Berlin/Brandenburg and North Rhine-Westphalia, Germany. *Viruses*. 2022;14:243.
- Frank C, Schmidt-Chanasit J, Ziegler U, Lachmann R, Preußel K, Offergeld R. West Nile Virus in Germany: An Emerging Infection and Its Relevance for Transfusion Safety. *Transfus Med Hemother*. 2022:1-12.
- Ganzenberg S, Sieg M, Ziegler U, Pfeffer M, Vahlenkamp TW, Hörügel U, Groschup MH, Lohmann KL. Seroprevalence and Risk Factors for Equine West Nile Virus Infections in Eastern Germany, 2020. *Viruses*. 2022;14:1191.
- Kampen H, Holicki CM, Ziegler U, Groschup MH, Tews BA, Werner D. West Nile Virus Mosquito Vectors (Diptera: Culicidae) in Germany. *Viruses*. 2020;12.
- Kampen H, Tews BA, Werner D. First Evidence of West Nile Virus Overwintering in Mosquitoes in Germany. *Viruses*. 2021;13.
- Pietsch C, Michalski D, Münch J, Petros S, Bergs S, Trawinski H, Lübbert C, Liebert UW (2020). Autochthonous West Nile virus infection outbreak in humans, Leipzig, Germany, August to September 2020. *Euro Surveill*. 2020, 25, 2001786.
- Santos PD, Michel F, Wylezich C, Höper D, Keller M, Holicki CM, Szentiks CA, Eiden M, Muluneh A, Neubauer-Juric A, Thalheim S, Globig A, Beer M, Groschup MH, Ziegler U (2021). Co-infections: Simultaneous detections of West Nile virus and Usutu virus in birds from Germany. *Transbound Emerg Dis*.
- Santos, P. D., Günther, A., Keller, M., Homeier-Bachmann, T., Groschup, M. H., Beer, M., Ziegler, U. (2022): An advanced sequence clustering and designation workflow reveals the enzootic maintenance of a dominant West Nile virus subclade in Germany. *Virus Evolution*, under review, (see also the preprint version under bioRxiv <https://doi.org/10.1101/2022.10.05.509209>).
- 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.
- Ziegler U, Santos PD, Groschup MH, Hattendorf C, Eiden M, Hoper D, Eisermann P, Keller M, Michel F, Klopffleisch R, Müller K, Werner D, Kampen H, Beer M, Frank C, Lachmann R, Tews BA, Wylezich C, Rinder M, Lachmann L, Grunewald T, Szentiks CA, Sieg M, Schmidt-Chanasit J, Cadar D, Lühken R. West Nile Virus Epidemic in Germany Triggered by Epizootic Emergence, 2019. *Viruses* 2020; 12.
- Ziegler U, Bergmann F, Fischer D, Müller K, Holicki CM, Sadeghi B, Sieg M, Keller M, Schwehn R, Reuschel M, Fischer L, Krone O, Rinder M, Schütte K, Schmidt V, Eiden M, Fast C, Günther A, Globig A, Conraths FJ, Staubach C, Brandes F, Lierz M, Korb R, Vahlenkamp TW, Groschup MH. Spread of West Nile Virus and Usutu Virus in the German Bird Population, 2019-2020. *Microorganisms*. 2022;10:807.

26. Zoonotische Bornaviren - Zoonotic Borna Viruses

Rubbenstroth, D., Allendorf, V., Ulrich, R.G., Wysocki, P., Homeier-Bachmann, T., Beer, M.

Summary

Bornaviruses can cause persistent infections in mammals and birds and eventually lead to severe to fatal neurological diseases. Borna disease virus 1 (BoDV-1) is of particular veterinary importance as the causative agent of "Borna disease" in horses, sheep, New World camelids and other domestic mammals. In recent years, it has also been shown that both, BoDV-1 and the variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1), which occurs in exotic squirrels, have a high zoonotic potential and can cause fatal encephalitis in humans. In order to improve the availability of data on the occurrence of the two pathogens and the risk of infection for humans and animals, the obligation to report infections of bornaviruses in mammals was introduced on 31 March 2020 and the National Reference laboratory (NRL) for bornavirus infections of animals at the FLI was established

Zusammenfassung

Bornaviren lösen bei Säugetieren und Vögeln persistente Infektionen und mitunter schwere bis tödliche neurologische Erkrankungen aus. Das Borna disease virus 1 (BoDV-1) ist als Verursacher der „Borna´schen Krankheit“ bei Pferden, Schafen, Neuweltkameliden und anderen Haussäugetieren von besonderer veterinärmedizinischer Bedeutung. In den vergangenen Jahren konnte zudem gezeigt werden, dass sowohl das BoDV-1 als auch das bei exotischen Hörnchen vorkommende Bunthörnchen-Bornavirus 1 (variegated squirrel bornavirus 1, VSBV-1) ein großes zoonotisches Potential besitzen und beim Menschen tödliche Enzephalitiden hervorrufen können. Um eine bessere Datenlage zum Vorkommen der beiden Erreger und zum Infektionsrisiko für Mensch und Tier zu erreichen, wurde zum

31. März 2020 die Meldepflicht für Bornavirusinfektionen bei Säugetieren eingeführt (Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten in der Fassung vom 08.07.2020) und das Nationale Referenzlabor (NRL) für Bornavirusinfektionen der Tiere am FLI eingerichtet.

Erreger und Epidemiologie

Das Virus der Borna´schen Krankheit (Borna disease virus 1, BoDV-1; Virus-Spezies *Orthobornavirus bornaense*) und das Bunthörnchen-Bornavirus 1 (variegated squirrel bornavirus 1, VSBV-1; *Orthobornavirus sciuri*) sind zusammen mit dem ebenfalls zur Spezies *Orthobornavirus bornaense* gehörenden Borna disease virus 2 (BoDV-2) die einzigen bisher bei Säugetieren bekannten Bornaviren. Die Viren beider Spezies sind phylogenetisch eng miteinander verwandt und bilden gemeinsam mit Bornaviren von Vögeln und Reptilien die Gattung *Orthobornavirus* innerhalb der Familie *Bornaviridae*.

Sowohl für BoDV-1 als auch für VSBV-1 fungieren Kleinsäuger als Reservoirwirte. Kennzeichnend für die natürlichen Reservoirwirte der Bornaviren ist, dass sie bei einer Infektion mit Bornaviren nicht erkranken. Vielmehr siedelt sich das Virus hier nicht nur im zentralen Nervensystem (ZNS), sondern auch in Zellen anderer Körpergewebe an und vermehrt sich offenbar, ohne vom Immunsystem effektiv 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 virushaltigen Ausscheidungen mit Schleimhäuten insbesondere der oberen Atemwege, wie z.B. der Nasenschleimhaut.

Nach Übertragung auf einen Fehlwirt infizieren VSBV-1 und BoDV-1 praktisch ausschließlich das Nervengewebe und dringen entlang der Nervenbahnen bis in das ZNS vor. Dort wird ihre Anwesenheit und Vermehrung vom Immunsystem des Fehlwirts erkannt und bekämpft, wodurch es zu einer meist tödlich verlaufenden (Meningo-)Enzephalitis kommt. Durch ihre weitgehende Beschränkung auf das ZNS werden Bornaviren von Fehlwirten nach heutigem Wissensstand nicht ausgeschieden. Sie stellen für das Virus daher Sackgassenwirte („dead end host“) dar.

Statistische Angaben

Borna disease virus 1, BoDV-1

Das BoDV-1 ist als Erreger der „Borna´schen Krankheit“ schon lange bekannt. Die Erkrankung ist gekennzeichnet durch eine nicht-eitrige Enzephalitis mit einer großen Bandbreite neurologischer Krankheitszeichen. Sie wird vor allem bei Equiden, Schafen und Neuweltkameliden diagnostiziert, aber auch andere Haussäuger und der Mensch sind empfänglich. Krankheitsverläufe beim Menschen ähneln denen beim Tier.

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. Aufgrund des sehr ortstreuen Verhaltens von Feldspitzmäusen sind die Verbreitungsgebiete von BoDV-1 regional stark begrenzt. Die bekannten Endemiegebiete umfassen Teile Ost- und Süddeutschlands, Österreichs, der Schweiz sowie Liechtenstein (vgl. Abb. 1). Der Nachweis von BoDV-1 in seinem Reservoirwirt, der Feldspitzmaus, gelang bisher spora-

disch. In der Literatur wurden bestätigte Infektionen bei 36 Tieren beschrieben, deren räumliche und zeitliche Verteilung jedoch stark von dem Bestehen von Forschungsaktivitäten abhängig und daher wenig repräsentativ ist. Das Wissen über das Verbreitungsgebiet des Virus basiert daher vor allem auf dem Auftreten der Borna´schen Krankheit bei BoDV-1-infizierten Fehlwirten, insbesondere dem Pferd. Systematisch erhobene Daten aus der Vergangenheit liegen aufgrund der für lange Zeit fehlenden Meldepflicht nicht vor.

Seit dem 31. März 2020 ist der direkte Nachweis von Bornaviren bei Säugetieren meldepflichtig. Nach der Einführung der Meldepflicht wurden für das Jahr 2020 vier Fälle gemeldet. Zwei zusätzliche Fälle aus 2020 waren vor Einführung der Meldepflicht durch das NRL bestätigt worden. Im Jahr 2021 wurden insgesamt 12 Fälle gemeldet. Ein weiterer Fall wurde durch das NRL bestätigt, ohne dass eine Meldung erfolgt war. Diese insgesamt 19 aufgenommenen Fälle aus den Jahren 2020 und 2021 traten bei 11 Pferden, sechs Alpakas und zwei Schafen auf. Alle Tiere stammten aus bekannten Endemiegebieten des BoDV-1 (14x Bayern, je 2x Sachsen-Anhalt und Brandenburg und 1x Baden-Württemberg). Alle infizierten Tiere waren verendet oder wurden als Folge der Erkrankung euthanasiert.

Es ist weiterhin von einer deutlich höheren Zahl nicht erfasster Fälle auszugehen, da längst nicht alle klinischen und serologischen Verdachtsfälle tatsächlich molekular diagnostisch abgeklärt und im Falle eines erfolgreichen Virusnachweises auch gemeldet werden

Tabelle 1. BoDV-1-Infektionen bei Haussäugetieren seit Wiedereinführung der Meldepflicht 2020 *

Jahr	Fälle *	Betroffene Tierarten		
		Pferd	Alpaka	Schaf
2020	6	4	2	0
2021	13	7	4	2
Gesamt	19	11	6	2

*) Enthält durch das NRL validierte TSN-Meldungen sowie zusätzliche durch das NRL bestätigte Fälle, für die bislang keine Meldung erfolgte.

Beim Menschen sind bislang seit der ersten Veröffentlichung im Jahr 2018 insgesamt 24 bestätigte BoDV-1-Infektionen beschrieben worden (Stand: 01.07.22). Bei 23 dieser Patient*innen wurde eine akute bis subakute, progressive Enzephalitis diagnostiziert, die in 22 Fällen tödlich endete. Die Mehrzahl dieser aus den Jahren 1996 bis 2021 stammenden Fälle wurde erst 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 die Patienten unabhängig voneinander infiziert haben, zumeist in ihrer jeweiligen Heimatregion. Auch beim Menschen gilt seit 2020 die gesetzliche Meldepflicht für den Direktnachweis von humanpathogenen Bornaviren. Dem Robert-Koch-Institut (RKI) wurden insgesamt sechs im Jahr 2021 aufgetretene Fälle humaner BoDV-1-Infektionen mit Direktnachweis gemeldet sowie zusätzlich ein auf einem positiven serologischen Befund basierender Verdachtsfall. Alle diese sieben Erkrankungen verliefen tödlich.

Bunthörnchen-Bornavirus 1 (variegated squirrel bornavirus 1, VSBV-1)

VSBV-1 wurde erstmals 2015 bei in Deutschland gehaltenen exotischen Hörnchen beschrieben. Am häufigsten wurde das Virus in aus Südostasien stammenden Prevost-Hörnchen (*Callosciurus prevostii*) und den aus Mittel- und Südamerika stammenden

Bunthörnchen (*Sciurus variegatoides*) nachgewiesen, aber auch bei einzelnen Individuen anderer exotischer Arten. Während in Deutschland in den Jahren 2015 bis 2017 noch insgesamt 25 infizierte Tiere aus neun verschiedenen Haltungen detektiert wurden, konnte VSBV-1 seither nur noch in einem einzigen Prevost-Hörnchen im Jahr 2019 diagnostiziert werden. Nachweise aus anderen Ländern beschränken sich auf je eine Haltung in den Niederlanden und Kroatien im Jahr 2016.

Das natürliche Reservoir des VSBV-1, sein ursprüngliches Verbreitungsgebiet und der Weg der Einschleppung in die europäischen Hörnchenhaltungen sind noch unbekannt. In einheimischen Eurasischen Eichhörnchen (*Sciurus vulgaris*) wurde VSBV-1 bislang nicht nachgewiesen.

In insgesamt fünf Fällen kam es nach nachgewiesener Übertragung auf den Halter bzw. das Tierpflegepersonal zu einer immunvermittelten Enzephalitis mit tödlichem Krankheitsverlauf. Bei einem weiteren Halter VSBV-1-infizierter Hörnchen konnte eine Serokonversion festgestellt werden. Bei zwei weiteren, bereits in den 2000er Jahren verstorbenen Hörnchenhaltern besteht 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.

Borna disease virus 2, 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

Das NRL für Bornavirusinfektionen der Tiere am FLI führt Bestätigungsuntersuchungen bei Verdachtsfällen von BoDV-1-Infektionen beim Tier durch. Für den

Nachweis von VSBV-1 ist auch eine Primärdiagnostik durch das NRL möglich. Weiterführende Bornavirusdiagnostik für die Humanmedizin erfolgt unter anderem am Bernhard-Nocht-Institut für Tropenmedizin (BNITM) in Hamburg.

Bei Reservoirwirten (Feldspitzmaus für BoDV-1, Hörnchen für VSBV-1) kann Bornavirus-RNA mittels geeigneter RT-qPCR-Tests in den Ausscheidungen infizierter Tiere (z.B. Maultupfer, Kotproben) und in vielen Organen nachgewiesen werden, wobei die höchsten Viruslasten in der Regel im Gehirn zu finden sind. Zudem sind Bornavirus-Antigene durch Immunhistochemie oder Immunfluoreszenztests in infizierten Organen nachweisbar.

Bei Nicht-Reservoirwirten ist der Nachweis der Infektion insbesondere am lebenden Tier ungleich schwerer. Bornaviren sind bei diesen Wirten weitgehend auf das ZNS beschränkt, wo sowohl virale RNA als auch Virusantigen in großen Mengen nachweisbar sind. Nur selten ist das Virus auch in peripheren Nervenfasern zu finden, eine Ausscheidung findet jedoch nicht statt und auch der Nachweis von Virus-RNA oder -Antigen im Blut ist nicht möglich. Bei einem kleinen Teil der Fälle können geringe Mengen von Bornavirus-RNA in Liquorproben nachgewiesen werden. Ein negatives Ergebnis ist jedoch nicht aussagekräftig.

Die *intra vitam*-Diagnostik bleibt daher weitgehend auf die Serologie beschränkt. Für den Nachweis Bornavirus-reaktiver Antikörper stellt der indirekte Immunfluoreszenztest aktuell das Mittel der Wahl dar. Zu beachten ist, dass zum Teil mit unspezifischen serologischen Reaktionen gerechnet werden muss. Zudem besteht eine beträchtliche Kreuzreaktivität zwischen den Vertretern der Gattung *Orthobornavirus*, zu der alle bekannten Bornaviren von Säugetieren und Vögeln gehören. Serologische Befunde allein erlauben daher nur eine Verdachtsdiagnose, die der Bestätigung durch den direkten Virusnachweis bedarf

Maßnahmen

Das NRL führt im Fall gemeldeter Bornavirusinfektionen weiterführende Untersuchungen durch. Diese dienen bei VSBV-1-Infektionen in Hörnchenhaltungen vor allem der Analyse des Tierverkehrs zur Identifikation möglicher Kontaktbestände. Bei BoDV-1-Infektionen stehen die Suche nach möglichen Infektionsquellen und die Identifikation von Risikogebieten im Mittelpunkt. Aufgrund der mehrere Wochen bis mitunter Monate dauernden Inkubationszeit ist unter anderem abzuklären, ob zwischen Infektion und Ausbruch der Krankheit ein Standortwechsel des betroffenen Tieres stattgefunden haben könnte. Für detaillierte molekulare Analysen der Epidemiologie bittet das FLI um die Einsendung geeigneter Organproben aus bestätigten BoDV-1-Fällen (in der Regel Gehirn oder Auge) an das NRL. Auch die Einsendung von Spitzmaus-Totfunden ist möglich.

Bei nachgewiesener BoDV-1-Infektion bei einem Haussäuger sowie generell für Tierhaltungen hoch empfänglicher Arten in bekannten BoDV-1-Endemiegebieten empfiehlt das FLI eine konsequente Schadnagerbekämpfung, um das Expositionsrisiko für Tier und Mensch gering zu halten.

Im Falle eines VSBV-1-Nachweises ist die Euthanasie infizierter Hörnchen dringend anzuraten, da von ihnen ein schwer kontrollierbares Risiko für die betreuenden Personen ausgeht. Alle übrigen Tiere eines Bestandes sollten regelmäßig auf das Virus untersucht werden. Für Haltungen der am häufigsten betroffenen Hörnchenarten (Schön- und Bunthörnchen) ist ein regelmäßiges Bestandsmonitoring und die Untersuchung und Quarantänisierung von Neuzugängen zu empfehlen.

Weitere Informationen finden Sie auf der FLI-Homepage unter „Tierseuchengeschehen > Bornaviren“.

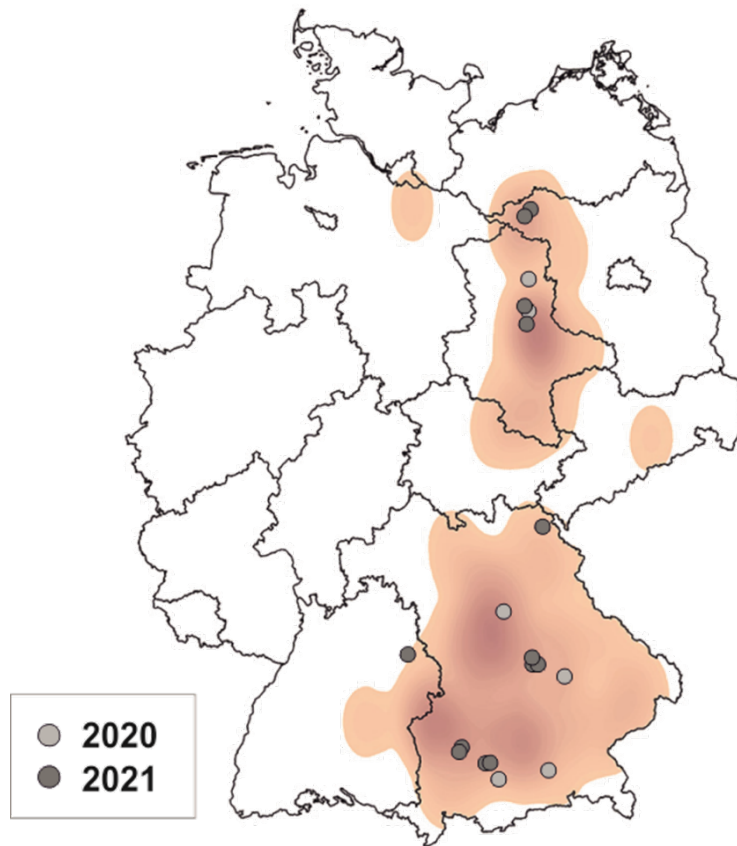


Abbildung 1: Lokalisation der in den Jahren 2020 (hellgrau) und 2021 (dunkelgrau) gemeldeten und/oder durch das NRL bestätigten BoDV-1-Infektionen bei Haussäugetieren
 Die orange Schattierung markiert die bekannten BoDV-1-Endemiegebiete in Deutschland, basierend auf publizierten sowie auf unpublizierten, durch das FLI bestätigten BoDV-1-Infektionen bei Haustieren, Spitzmäusen und Menschen. Durch das FLI bestätigte Fälle wurden durch Tierärzte und Diagnostiklabore übermittelt und mittels RT-PCR und Sequenzanalyse bestätigt

Literaturhinweise

Allendorf, V., Rubbenstroth, D., Schlottau, K., Hoffmann, D., Frank, C., Amler, S., . . . Homeier-Bachmann, T. (2021). Assessing the occurrence of the novel zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 in captive squirrels in Germany -A prevalence study. *Zoonoses Public Health*, 68(2), 110-120. doi:10.1111/zph.12801

Cadar, D., Allendorf, V., Schulze, V., Ulrich, R. G., Schlottau, K., Ebinger, A., . . . Tappe, D. (2021). Introduction and spread of variegated squirrel bornavirus 1 (VSBV-1) between exotic squirrels and spill-over infections to humans in Germany. *Emerg Microbes Infect*, 10(1), 602-611. doi:10.1080/22221751.2021.1902752

Dürwald, R., Kolodziejek, J., Weissenböck, H., & Nowotny, N. (2014). The bicolored white-toothed shrew *Crocidura leucodon* (HERMANN 1780) is an indigenous host of mammalian Borna disease virus. *PLoS One*, 9(4), e93659. doi:10.1371/journal.pone.0093659

Eisermann, P., Rubbenstroth, D., Cadar, D., Thome-Bolduan, C., Eggert, P., Schlaphof, A., . . . Tappe, D. (2021). Active Case Finding of Current Bornavirus Infections in Human Encephalitis Cases of Unknown Etiology, Germany, 2018-2020. *Emerg Infect Dis*, 27(5), 1371-1379. doi:10.3201/eid2705.204490

Hoffmann, B., Tappe, D., Höper, D., Herden, C., Boldt, A., Mawrin, C., . . . Beer, M. (2015). A variegated squirrel bornavirus associated with fatal human encephalitis. *N Engl J Med*, 373(2), 154-162. doi:10.1056/NEJMoa1415627

Liesche, F., Ruf, V., Zoubaa, S., Kaletka, G., Rosati, M., Rubbenstroth, D., . . . Schlegel, J. (2019). The neuropathology of fatal encephalomyelitis in human Borna virus infection. *Acta Neuropathol*, 138(4), 653-665. doi:10.1007/s00401-019-02047-3

Niller, H. H., Angstwurm, K., Rubbenstroth, D., Schlottau, K., Ebinger, A., Giese, S., . . . Schmidt,

B. (2020). Zoonotic spillover infections with Borna disease virus 1 leading to fatal human encephalitis, 1999-2019: an epidemiological investigation. *Lancet Infect Dis*, 20(4), 467-477. doi:10.1016/S1473-3099(19)30546-8

Nobach, D., Bourg, M., Herzog, S., Lange-Herbst, H., Encarnacao, J. A., Eickmann, M., & Herden, C. (2015). Shedding of infectious Borna disease virus 1 in living bicolored white-toothed shrews. *PLoS One*, 10(8), e0137018. doi:10.1371/journal.pone.0137018

Nowotny, N., Kolodziejek, J., Jehle, C. O., Suchy, A., Staeheli, P., & Schwemmler, M. (2000). Isolation and characterization of a new subtype of Borna disease virus. *J Virol*, 74(12), 5655-5658. Retrieved from http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=PubMed&dopt=Citation&list_uids=10823873

Petzold, J., van den Brand, J. M. A., Nobach, D., Hoffmann, B., Hoffmann, D., Fast, C., . . . Herden, C. (2019). Distribution of zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 in naturally infected variegated and Prevost's squirrels. *Sci Rep*, 9(1), 11402. doi:10.1038/s41598-019-47767-4

Rubbenstroth, D., Schlottau, K., Schwemmler, M., Rissland, J., & Beer, M. (2019). Human bornavirus research: Back on track! *PLoS Pathog*, 15(8), e1007873. doi:10.1371/journal.ppat.1007873

Schlottau, K., Forth, L., Angstwurm, K., Höper, D., Zecher, D., Liesche, F., . . . Beer, M. (2018). Fatal encephalitic Borna disease virus 1 in solid-organ transplant recipients. *N Engl J Med*, 379(14), 1377-1379. doi:10.1056/NEJMc1803115

Schlottau, K., Hoffmann, B., Homeier-Bachmann, T., Fast, C., Ulrich, R. G., Beer, M., & Hoffmann, D. (2017). Multiple detection of zoonotic variegated squirrel bornavirus 1 RNA in different squirrel species suggests a possible unknown origin for the virus. *Arch Virol*, 162(9), 2747-2754. doi:10.1007/s00705-017-3432-z

Schlottau, K., Jenckel, M., van den Brand, J., Fast, C., Herden, C., Höper, D., . . . Hoffmann, B. (2017). Variegated squirrel bornavirus 1 in squirrels, Germany and the Netherlands. *Emerg Infect Dis*, 23(3), 477-481. Retrieved from http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=PubMed&dopt=Citation&list_uids=28221112

Schulze, V., Grosse, R., Furstenu, J., Forth, L. F., Ebinger, A., Richter, M. T., . . . Rubbenstroth, D. (2020). Borna disease outbreak with high mortality in an alpaca herd in a previously unreported endemic area in Germany. *Transbound Emerg Dis*. doi:10.1111/tbed.13556

Tappe, D., Frank, C., Homeier-Bachmann, T., Wilking, H., Allendorf, V., Schlottau, K., . . . Schmidt-Chanasit, J. (2019). Analysis of exotic squirrel trade and detection of human infections with variegated squirrel bornavirus 1, Germany, 2005 to 2018. *Euro Surveill*, 24(8). doi:10.2807/1560-7917.ES.2019.24.8.1800483

Tappe, D., Schlottau, K., Cadar, D., Hoffmann, B., Balke, L., Bewig, B., . . . Beer, M. (2018). Occupation-Associated Fatal Limbic Encephalitis Caused by Variegated Squirrel Bornavirus 1, Germany, 2013. *Emerg Infect Dis*, 24(6), 978-987. doi:10.3201/eid2406.172027

Kapitel 6 Antimikrobielle Resistenz (AMR)

Homeier-Bachmann, T., Berens, C., Tomaso, H.,

Deutsche Antibiotika-Resistenzstrategie

Die Laufzeit der Deutschen Antibiotika-Resistenzstrategie „DART 2020“ endet in diesem Jahr. Aufgrund der hohen gesundheitspolitischen Bedeutung von Antibiotika-Resistenzen wird die Strategie über 2020 hinaus fortgesetzt

Für die weiterentwickelte DART ist eine Laufzeit von 10 Jahre vorgesehen (DART 2030). Dies erfordert eine noch stärkere strategische Ausrichtung als es bisher der Fall war.

Die DART 2030 soll die folgenden Themenfelder abdecken:

- Prävention von Infektionskrankheiten
- Eindämmung der Entstehung und Verbreitung von Antibiotikaresistenzen
- Kommunikation und Kooperation
- Surveillance und Monitoring
- Diagnostik und verantwortungsvoller Antibiotikaeinsatz
- Internationale Aktivitäten
- Forschung und Entwicklung

Beiträge des FLI zu den Themenfeldern

Das FLI konzentriert sich vor allem auf noch offene, grundlegende Forschungsfragen. Eine Reihe von Zielstellungen der vergangenen Strategie wurden noch nicht erreicht, andere Zielstellungen müssen fortgeschrieben werden, um die bereits erreichten Fortschritte nicht zu gefährden. Die fortzuschreibenden und die hier neu vorgeschlagenen Maßnahmen und praxisnahen Forschungs- und Entwicklungsprojekte sind nach Meinung des FLI geeignet, die zunehmende Verbreitung von AMR-tragenden Bakterien zu verlangsamen, aber nicht umzukehren. Um langfristig wieder zu einer günstigeren Resistenzlage zurückzukehren, wie sie zu Beginn der antibiotischen Ära bestanden hat, sind darüber hinausgehende Entwicklungen notwendig, die auch mit Anpassungen der Tierhaltung, z.B. aufgrund des Klimawandels, kompatibel sein müssen.

Prävention von Infektionskrankheiten

Vorgeschlagene Maßnahmen:

- *Biosicherheit auf Betrieben*

Die Einhaltung einer hohen Biosicherheit dient dazu, die Tiergesundheit im Bestand zu erhalten und dadurch den Einsatz von Antibiotika zu minimieren. Vorhandene Checklisten zur Überprüfung der Biosicherheit existieren (z.B. Risikoampel für AI bzw. ASP, in Zusammenarbeit zwischen der Universität Vechta und dem FLI, oder international, z.B. von/mit der Universität Ghent). Eine auch ökonomische Bewertung und ein *Benchmarking* verschiedener Biosicherheitsmaßnahmen sollten noch durchgeführt werden. Bestehende Leitlinien müssen erweitert, angepasst und auf andere Erreger, Tierarten und Haltungsformen übertragen werden.

- *Epidemiologische Studien zum Einsatz von Antibiotika in einem Praxis-Netzwerk*

Zur korrekten Bewertung von Einflussfaktoren auf den Antibiotikaeinsatz (Wirkstoffauswahl sowie -menge) sollten epidemiologische Studien (Querschnittsstudien, Fall-Kontroll-Studien, Kohortenstudien, Interventionsstudien) und sozialwissenschaftliche Studien (partizipative Ansätze) in einem Praxis-Netzwerk zu den Zusammenhängen zwischen Antibiotikaeinsatz, Risikofaktoren und Maßnahmen zur Senkung der Risikofaktoren für den Einsatz von Antibiotika durchgeführt werden. Mit diesen Ansätzen kann das Zusammenwirken der Maßnahmen in der Praxis untersucht und die Relevanz der verschiedenen Risikofaktoren ermittelt, sowie mögliche Interventionsmaßnahmen bewertet werden. Hierzu sollte in Zusammenarbeit mit Landwirtschaftsverbänden und Unternehmen im Bereich der Tierproduktion ein Praxis-Netzwerk aufgebaut und etabliert werden. Die Ergebnisse dieser Studien fließen in die Fort- und Weiterbildung der *Stakeholder* zur Verringerung des Antibiotikaeinsatzes ein und können zu einem standardisierten Benchmarking der

Betriebe führen. Gleichzeitig kann das Praxis-Netzwerk genutzt werden, um Daten und Proben für die nachfolgenden Forschungsthemen zu gewinnen sowie zur Überprüfung der Ergebnisse der nachfolgenden Forschungsthemen in der Praxis beitragen.

Im Hinblick auf das besondere Risiko der Tier-Mensch-Übertragung von Erregern und des von der Nutztierhaltung abweichenden Wirkstoffspektrums, das therapeutisch eingesetzt wird, sollten analoge Ansätze auch für Heim- und Kleintiere, Zootiere und nicht zu landwirtschaftlichen Zwecken gehaltene Großtiere (z.B. Neuweltkameliden, Tiere in Schulbauernhöfen und Streichelzoos) verfolgt werden.

- *Nationale und regionale Gesundheitsprogramme*

Unterstützung bei der Umsetzung nationaler und regionaler Gesundheitsprogramme von Tierhaltern, Tierärzten, Tiertransport-, Schlacht- und Fleischverarbeitungsunternehmen sowie Behörden.

- *Impfprogramme zur Gesunderhaltung der Tierbestände und Bekämpfung von Infektionen*

Weiterentwicklung von Impfstoffen und Impfprogrammen zur Gesunderhaltung der Tierbestände und Bekämpfung von Infektionen die als Schrittmacher für bakterielle Sekundärinfektionen fungieren. Am FLI wurde auf der Grundlage des Tiergesundheitsgesetzes die Ständige Impfkommision Veterinär etabliert, die Empfehlungen zum sachgerechten Einsatz von Impfstoffen erarbeitet.

- *Evidenzbasierte Evaluation von Präventionsmaßnahmen*

Erstellung von Leitlinien / Impfeempfehlungen zur Vorbeugung von Faktorenkrankheiten durch institutionalisierte Expertenkommissionen und Überprüfung ihrer Wirksamkeit im Feld.

- *Benchmarking-Systeme zur Einschätzung der Tiergesundheit*

Einführung von zusätzlichen *Benchmarking*-Systemen zur Einschätzung der Tiergesundheit in Nutztierbeständen im Sinne eines Tiergesundheitsindex, der das System der Erfassung der Therapiehäufigkeit

ergänzt. Dies kann in Ergänzung bzw. Weiterentwicklung von bestehenden Systemen wie z.B. der Risikoampel (siehe Risikoampel im Abschnitt Biosicherheit) gesehen werden.

Mittel- bis langfristige Fragestellungen in Zusammenhang mit dem Themenfeld Forschung und Entwicklung:

- *Verbesserung von Impfstoffen und Impfkonzepthen*

Zwar gibt es heute schon Impfstoffe gegen relevante Erreger in der Tierhaltung; diese müssen für eine Verringerung des Antibiotikaeinsatzes jedoch um verbesserte Impfstrategien ergänzt werden. Herausforderungen bei der Entwicklung und Verbesserung von Impfstoffen sind die Herstellung kreuzprotektiver Impfstoffe, die einfach zu verabreichen sind, sowie die Herstellung von Impfstoffen mit schützender Immunität bei Tieren, die auf das Vorhandensein einer maternalen Immunität angewiesen sind, wie z. B. sehr junge Hühner.

Neben verbesserten Impfstoffen gegen bakterielle Erreger sollten auch Impfstoffe gegen virale und parasitäre Erreger verbessert bzw. entwickelt werden, da sie bakterielle Sekundärinfektionen begünstigen können.

- *Spezifische Hygienemaßnahmen*

Biofilme, beispielsweise in Tränkewasserleitungen, stellen ein relevantes Reservoir für bakterielle Erreger dar, die eine erhöhte Resistenz gegenüber Reinigungs- und Desinfektionsmitteln vermitteln und zur Persistenz von multiresistenten Erregern beitragen. Durch sogenannte Antibiofilm-Polysaccharide lassen sich Biofilme inhibieren oder destabilisieren, so dass bakterielle Erreger mit nachfolgenden Desinfektionsmaßnahmen deutlich besser zu bekämpfen sind. Daher kann eine *in vitro* Identifizierung und Charakterisierung geeigneter Antibiofilm-Polysaccharide zur Entwicklung von Zusatzstoffen für Reinigungs- oder Desinfektionsmittel führen. Eine Prüfung der Wirksamkeit dieser Substanzen in der

Tierhaltung sollte sowohl im Rahmen von Tierversuchen als auch unter Nutzung des schon genannten Praxis-Netzwerks erfolgen.

- *Anpassung der Tierhaltung zur Verbesserung von Biosicherheit und Krankheitsresilienz*

Angesichts einer Entwicklung in der Tierhaltung in Deutschland hin zu Haltungsverfahren mit zunehmendem Kontakt zur Außenwelt (Außenklimaställe, Zugang zu Ausläufen) steigen die Infektionsrisiken durch Wildtiere, aber auch durch Arthropoden und Parasiten als Vektoren für Infektionen. In diesem Zusammenhang sind Forschungen zu Maßnahmen zur Minimierung des Erregereintrages insbesondere in offene Haltungssysteme notwendig.

Falls bestimmte, bisher nicht in der Praxis verbreitete, Nutztierassen oder -linien Vorzüge hinsichtlich der Reduktion des Antibiotika-Einsatzes zeigen, sind ihre Ansprüche an die Haltungsumwelt zu untersuchen. Studien beispielsweise an langsamer wachsenden Masthühner-Linien zeigen, dass sie etwa Haltungsstrukturen anders nutzen als konventionelle, schnell wachsende Linien.

- *Optimierung der Tierernährung zur Stabilisierung der Darmgesundheit*

Der Gehalt an Protein im Futter hat Auswirkungen auf den Feuchtegehalt der Exkremente und die Freisetzung von Ammoniak. Beide Faktoren spielen eine wichtige Rolle für Infektionen der Fußballen und des Respirationstrakts. Weiterhin kann die Vermehrung von Erregern im Darm reduziert werden, wenn weniger unverdautes Protein in den Enddarm gelangt. Daher sind Forschungen zur Minimierung des Proteingehaltes im Futter angezeigt. Faktoren, die sich positiv auf die Darmgesundheit auswirken, indem sie das Darmmikrobiom stabilisieren und damit eine Besiedlung mit unerwünschten Mikroorganismen vermindern, sind beispielsweise Pro- und Präbiotika. In Futter enthaltene Schwermetalle können zum einen Kreuzresistenzen zu Antibiotika vermitteln, zum anderen sind sie als Co-Faktoren verschiedener Enzyme notwendig. Daher ist eine Untersuchung der

Einsatzmöglichkeiten von Futterzusatzstoffen sowie die Präzisierung des ernährungsphysiologischen Bedarfs an Spurenelementen sowohl für die konventionelle als auch für alternative Produktionen erforderlich, um die Futtersupplementierung exakter durchführen zu können und um andererseits möglicherweise Höchstgehalte im Futter entsprechend anzupassen.

- *Früherkennungssysteme der Beeinträchtigung des Gesundheitsstatus*

Die Früherkennung von Infektionen und von Schäden oder Verletzungen an den Tieren, die zu Infektionen führen können, ist entscheidend, um rechtzeitig Gegenmaßnahmen zu ergreifen oder eine Antibiotikabehandlung gezielter einzuleiten. Im Rahmen von Projekten zum „Precision Livestock Farming“ sind entsprechende Systeme entwickelt worden bzw. werden entwickelt, die kontinuierlich und in Echtzeit Aspekte des Tierverhaltens (inkl. Verhaltensprobleme) und der Tiergesundheit erfassen. Gleichwohl ist eine Validierung von Sensorsystemen zur Echtzeit-Überwachung von Verhalten und Tiergesundheit unter Praxisbedingungen erforderlich. Hierzu bieten sich die Betriebe des Praxis-Netzwerks an (Maßnahme unter Punkt 1). Im Ergebnis der Validierung können bisher nicht erfasste, aber relevante Aspekte identifiziert und nachfolgend bearbeitet werden.

Eindämmung der Entstehung und Verbreitung von Antibiotikaresistenzen

Vorgeschlagene Maßnahmen:

- *Abgabemengenerfassung von Antibiotika an Tierärzte*

Fortführung und Weiterentwicklung der Abgabemengenerfassung von Antibiotika an Tierärzte, um detailliertere Aussagen auf Einzeltierebene zu erhalten (Kombination mit Resistenzdatenbank - siehe Punkt 4 „Monitoring und Surveillance“).

- *Interventionsmaßnahmen zur Reduktion des Antibiotikaeinsatzes*

Zur Überprüfung von Empfehlungen für Interventionsmaßnahmen und deren Erfolg sollten in Betrieben Monitoring-Studien zur Ermittlung der AMR-Prävalenz mit den Antibiotikagaben korreliert und über einen längeren Zeitraum verfolgt werden. Diese Studien sollten im Rahmen des Praxis-Netzwerks (s. Themenfeld 1) durchgeführt werden. Durch eine Kombination mit Laborversuchen, die die Ko-Selektionseffizienz verschiedener Antibiotika bei multiresistenten Erregern untersuchen, können die Interventionsmaßnahmen bei Bedarf flexibel angepasst werden.

- *Verbindliche Vorgaben für den Einsatz von Antibiotika in der Veterinärmedizin fortschreiben und Antibiotic Stewardship stärken*

Auf der Basis bestehender Leitlinien sind Vorgaben für den Einsatz von Antibiotika bei Tieren weiter zu entwickeln. In Verbindung mit der Resistenzdatenbank (Themenfeld „Monitoring/Surveillance“) und der Weiterbildung (Themenfeld „Kommunikation“) sind Eckpunkte für ein Rückkopplungssystem für Tierärzte zu erarbeiten, mit dem ihr Antibiotika-Einsatz untereinander vergleichbar ist. Neben der Reduktion der Häufigkeit von Antibiotika-Therapien und der absoluten Menge der bei Tieren eingesetzten Antibiotika soll mit anderen beschriebenen Maßnahmen insbesondere auch der Einsatz von besonders wichtigen Wirkstoffen („Reserveantibiotika“) vermindert werden.

- *Evaluierung von Antibiotika-Therapien in Betrieben*

Hierzu dienen Untersuchungen, die den Einfluss unterschiedlicher Behandlungsverfahren bei bereits erkrankten Tieren auf die Resistenz-Entwicklung bei den behandelten Tieren und anderen Tieren des Bestandes zum Thema haben.

- *Festlegung von emissionsmindernden Maßnahmen in Tierhaltungsbetrieben*

Zur Reduktion der Exposition der Bevölkerung gegenüber resistenten Keimen aus der Tierhaltung

über die Umwelt oder andere Quellen sind emissionsmindernde Maßnahmen in Tierhaltungsbetrieben evidenzbasiert festzulegen.

Mittel- bis langfristige Fragestellungen in Zusammenhang mit dem Themenfeld Forschung und Entwicklung

- *Abhängigkeit der AMR von Ernährung, Antibiose und Wirtsstatus*

Die Wirkung von Antibiotika auf den Stoffwechsel und die Virulenz von pathogenen Mikroorganismen und deren Interaktion mit dem residenten Mikrobiom ist noch unzureichend erforscht. Bei der Analyse der Darmmikrobiota gesunder und kranker Tiere stehen folgende Fragen im Vordergrund: Hat die eingesetzte Ernährung über die Veränderung der Mikrobiota Auswirkung auf das Vorkommen und die Funktionalität von AMR im Darm? Welchen Effekt haben Antibiotika auf das funktionale Resistom des Darmmikrobioms? Sind bestimmte Antibiotika effektiver in der Ko-Selektion (multi)resistenter Erreger? Verändert sich das Vorkommen von AMR im Darm bei infizierten bzw. chronisch kranken Tieren? Welche pathogenen oder kommensalen Mikroorganismen sind von induzierten Veränderungen in der AMR-Prävalenz besonders betroffen? Wie stark ähneln oder unterscheiden sich die Resistome von Pathogenen und des residenten Mikrobioms?

- *Freisetzung von Antibiotika und/oder ihrer Metabolite*

Neben der Freisetzung bzw. Ausscheidung von (multi)resistenten Erregern spielt die Freisetzung bzw. Ausscheidung der in der Tierproduktion eingesetzten Antibiotika und/oder ihrer Metaboliten eine wichtige Rolle. In der Umwelt können sie zur Ausbildung und Verbreitung neuer Resistenzen und zur Ko-Selektion, vor allem von Schwermetallresistenzen, beitragen. Daher sind Studien zur Freisetzung von Antibiotika, resistenten Keimen sowie deren Verbreitung, die Selektion neuer AMR in der Umwelt und deren mögliche Ausbreitung und Übertragung

auf human- und veterinärmedizinisch relevante Bakterien von hoher Bedeutung. Wildtiere können in diesem Zusammenhang als Indikator/Sentinel-Organismen dienen. Inwieweit sie auch als Vektoren in der Übertragung von neuen bzw. schon bekannten AMR-Determinanten zwischen Umwelt- und Nutztierkeimen dienen können, bedarf ebenfalls weiterer Studien.

Kommunikation und Kooperation

Vorgeschlagene Maßnahmen - Kommunikation:

- Regelmäßige Übermittlung wissenschaftlicher Erkenntnisse und des wissenschaftlichen Erkenntnisfortschritts in die Praxis (zielgruppenspezifische Kommunikation von Expertenempfehlungen an Tierärzte und Tierhalter durch geeignete Publikationswege (z.B. Fachjournale, Internetauftritte oder Präsenz in den sozialen Medien).

Als Vorlage können dabei die Weiterbildungsprogramme der Landestierärztekammern zum Erwerb der Zusatzbezeichnung „Tiergesundheitsmanagement“ dienen.

Vorgeschlagene Maßnahmen - Kooperation:

- *Weiterführung der interministeriellen Arbeitsgruppe „Antibiotika-Resistenz“*

Für eine übergreifende Koordination, Evaluierung und Anpassung der nationalen Vorgehensweise auch unter Berücksichtigung der Resistenz-Problematik sollte die interministerielle Arbeitsgruppe „Antibiotika-Resistenz“ fortgeführt werden.

- *Forschungsvereinbarung „One Health“*

Die Forschungsvereinbarung zu Zoonosen sollte im Sinne des *One Health* Ansatzes unter Einbindung der Umwelt zur Intensivierung der Förderung von Forschung zu Zoonosen und AMR neu aufgelegt werden. Der Abschluss einer gemeinsamen Forschungsvereinbarung „*One Health*“ zwischen BMBF, BMEL, BMG, BMZ, BMVg und BMU sollte angestrebt werden.

Mittel- bis langfristige Fragestellungen in Zusammenhang mit dem Themenfeld Forschung und Entwicklung

- *Forschung zur Akzeptanzverbesserung und Aufbau eines Praxis-Netzwerks*

Die zielgruppenorientierte Bereitstellung von Informationen ist notwendig, aber nicht ausreichend, um zu erreichen, dass die bereits heute existierenden Maßnahmen zur Reduktion des Einsatzes von Antibiotika in der Nutztierhaltung, wie beispielsweise Impfprogramme, Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen, Managementhilfen zur Identifizierung betriebsindividueller Risikofaktoren, stallbauliche Maßnahmen und Fütterungsstrategien auch tatsächlich in der Praxis umgesetzt werden. Daher sollte zusätzlich erforscht werden, welche Hinderungsgründe und Akzeptanzprobleme dieser unzureichenden Umsetzung in der Praxis zugrunde liegen und welche Motivationsmöglichkeiten zur verbesserten Information von Tierärzten, Landwirten und Verbrauchern zur Verfügung stehen. Hierzu eignen sich partizipatorische Ansätze, bei denen *Stakeholder* (Verbände, Berater*innen, Tierärztekammern, ÖGD) in Fokus-Gruppen-Diskussionen und Interviews nach ihren Meinungen befragt werden. Diese Studien könnten auch im Rahmen des Praxis-Netzwerks (s. Themenfeld 1) durchgeführt werden. Die Ergebnisse fließen dann in die Optimierung der Informationen und Handlungsempfehlungen ein. Abgeleitet werden können zudem Empfehlungen für politische Maßnahmen.

Surveillance und Monitoring

Vorgeschlagene Maßnahmen:

- *Einrichtung einer Resistenzdatenbank*

Zur Rückkopplung von Resistenz-Daten an Antibiotika-verordnende Tierärztinnen und Tierärzte (siehe auch „Fort- und Weiterbildung“ (Themenfeld 4)), soll das bestehende Feedback-System ausgebaut werden. Über eine Resistenz-Datenbank sollen die

Resistenz-Daten zeitnah zur Verfügung gestellt werden. Die Resistenzdatenbank soll ebenfalls mit den Monitoring-Daten zur AMR-Prävalenz und zu Zoonoseerregern verknüpft werden, um deren Datenbasis zu ergänzen und daraus gezieltere Rückschlüsse zur Resistenzsituation in Deutschland, möglichst auch auf regionaler Ebene, zu erhalten. Ein entsprechender Vorschlag wurde bereits vom FLI an BMEL übermittelt. Perspektivisch können genomische Marker für Resistenzen (z.B. Gene, mobile Elemente), welche mittels Gesamtgenomsequenzierung (Kapitel Diagnostik und verantwortungsvoller Antibiotikaeinsatz) detektiert wurden, zusätzlich zu den phänotypischen Ergebnissen in der Datenbank abgelegt werden. Dies erlaubt eine Bewertung der molekularen Ursachen der beobachteten Phänotypen.

Diagnostik und verantwortungsvoller Antibiotikaeinsatz

Vorgeschlagene Maßnahmen:

Konkrete Maßnahmen sind unter dem Punkt „Kommunikation und Fortbildung“ aufgeführt. Entsprechende Leitlinien müssen ggf. entwickelt bzw. aktuell gehalten werden. Ihr Fokus richtet sich auf den zielgerichteten Einsatz von Antibiotika, der auf Daten aus schneller vor-Ort-Diagnostik, regionalen Monitoring Programmen und Datenbanken zu Antibiotika-Einsatz und -Resistenzen zurückgreift.

- Aufbau und Stärkung von Referenzzentren zum Monitoring antimikrobieller Resistenzen in den Tierpopulationen (Schnittstelle Human-, Veterinär- und Umweltmedizin im *One Health* Ansatz), für Nutz-, Heim- und Wildtiere und zur Unterstützung der bestehenden Nationalen Referenzlaboratorien und Konsiliarlaboratorien.

Mittel- bis langfristige Fragestellungen in Zusammenhang mit dem Themenfeld Forschung und Entwicklung

- *Entwicklung geeigneter Nachweisverfahren (Diagnostik)*

Für die wirksame Bekämpfung von Antibiotikaresistenzen in der Tierhaltung müssen neue diagnostische Verfahren entwickelt werden, die (multi)resistente Bakterien und mobile genetische Elemente sowohl in den Tierbeständen als auch in entsprechenden Umweltproben (tierische Ausscheidungen, Futtermittel, Bodenproben) schnell und zuverlässig nachweisen (*on-site*, bzw. *pen-side* tests). Solche Verfahren bilden die Grundlage für effiziente Monitoring- und Überwachungsprogramme. Insbesondere für den Nachweis der spezifischen Resistenzen (Resistom) sowie der Nachweise (multi)resistenter Bakterien (Pathogene / Kommensalen) in Umweltproben besteht noch erheblicher Entwicklungsbedarf.

Wichtig wären dabei Verfahren, die es erlauben, ko-selektierende Antibiotika zu identifizieren oder Resistenzgene bestimmten Bakterienspezies zuzuordnen.

- *Etablierung von Gesamtgenomsequenzierung und Bioinformatik*

Die Sequenzierung bakterieller Gesamtgenome mittels Sequenzierverfahren der zweiten- und dritten Generation und anschließende bioinformatische Auswertung erlaubt die Detektion aller in der aktuellen Forschung bekannten genetischen Marker (z.B. Gene, mobile Elemente). Bakterielle Gesamtgenomsequenzierung ermöglicht außerdem höchstauflösende phylogenetische Analysen (bis auf einzelne Nukleotidänderungen) und bietet dadurch ein entscheidendes Werkzeug für molekulare Surveillance und Ausbruchsanalysen, welches im internationalen Umfeld bereits als ein Standardverfahren in der Routine verwendet wird.

- *Entwicklung von Schnelltests zum Einsatz in den Tierbeständen und Betrieben (pen-side tests)*

Um eine zeitnahe Diagnostik zu ermöglichen, sollten i) Schnelltests zur Identifizierung der spezifischen Erreger und ii) Schnelltests zur Identifizierung der Resistenzeigenschaften entwickelt werden, mit de-

nen ein gezielterer Einsatz von Antibiotika ermöglicht wird. Hierzu gibt es erste Ansätze, die jedoch noch nicht ausreichend zuverlässig sind.

Diese Schnelltests basieren auf der Analyse von Genfragmenten der Erreger. Bei vielen Erregern kann jedoch aufgrund der genetischen Information (Vorhandensein von Resistenzgenen) nicht auf die tatsächliche (phänotypische) Resistenz geschlossen werden. Daher ist es zur Entwicklung von Schnelltests zur Identifizierung der Resistenzeigenschaften erforderlich, verlässliche genotypische Marker für phänotypische Resistenzeigenschaften zu identifizieren. Hierzu müssen die Genetik und phänotypische Ausprägung von Resistenzen erforscht werden, indem auf Erreger-Isolate aus kranken Tieren fokussiert wird.

Hiermit einhergehen muss die Verbesserung der Datenerfassung, um eine optimale Übersicht zu erhalten.

Internationale Aktivitäten

Vorgeschlagene Maßnahmen:

- Stärkung des Zusammenwirkens von Human-, Veterinär- und Umweltmedizin sowie den Lebens- und Agrarwissenschaften im internationalen Kontext im Sinne eines *One Health* Ansatzes bei der Prävention und Bekämpfung von Infektionskrankheiten und den mit ihnen verbundenen antimikrobiellen Resistenzen.

- Im globalen Umfeld ist es das Ziel, Tierseuchen und Zoonosen dort zu bekämpfen, wo sie entstehen, und ihre Ausbreitung zu verhindern. Im Rahmen der G7 und G20 Aktivitäten sollte dieser *One Health* Ansatz weiter gestärkt und die Zusammenarbeit supranationaler Organisationen gefördert werden, so dass auch in Ländern mit kleinen und mittleren Einkommen (LMIC) Infektionskrankheiten und die Ausbreitung von antimikrobiellen Resistenzen effektiv bekämpft werden können und so eine weltweite Ausbreitung eingedämmt werden kann. Im Rahmen des *Global Health Protection Programme*

(GHPP) des BMG werden bereits verschiedene Projekte mit dem Schwerpunkt Resistenz-Monitoring und Methodenharmonisierung in Afrika (Namibia und Ghana) durchgeführt. Am FLI wurde das Fachinstitut für Internationale Tiergesundheit/*One Health* errichtet, die Helmholtz-Gemeinschaft realisiert in Greifswald ein Helmholtz-Institut zur ‚*One Health*‘ Thematik.

- *Internationale Standardisierung und Zusammenarbeit (OIE, FAO, WHO) fortsetzen*

Im Rahmen der Aufgaben als internationale Referenzzentren und in Expertenkommissionen internationaler Organisationen wie WOAHA, FAO und WHO werden Standards in der Diagnostik und Bekämpfung von Tierseuchen und Zoonosen im Sinne des *One Health* Ansatzes gesetzt. Im bilateralen Austausch werden auf Anfrage LMIC beim Aufbau von entsprechenden Strukturen zur und in der Diagnostik und Bekämpfung von Tierseuchen und Zoonosen unterstützt.

- *Fortführung internationaler Forschungsprogramme, z.B. Europäische Partnerschaften*

Sowohl auf nationaler als auch internationaler Ebene hat sich Deutschland in den letzten Jahren stark in der Vernetzung von Forschung und Entwicklung engagiert. Im Rahmen von Infektionskrankheiten und antimikrobieller Resistenz sind hier vor allem die folgenden Programme zu nennen:

JPIAMR: *Joint Programming Initiative on Antimicrobial Resistance (Public-Public-Partnership - P2P)* zur Förderung transnationaler Forschungsprojekte über die Koordinierung nationaler Förderprogramme.

IMI: *Innovative Medicine Initiative (Public-Private-Partnership - PPP)* der Europäischen Kommission und der EFPIA.

OH-EJP: *One Health - European Joint Programme:* Zusammenarbeit von Forschungseinrichtungen mit Referenzaufgaben aus den Bereichen Human- und Veterinärmedizin und Lebensmittelsicherheit.

Die im Rahmen des neuen europäischen Forschungsprogramms HORIZON EUROPE angestrebten europäischen Partnerschaften zur Tiergesundheit, Infektionskrankheiten & Zoonosen sowie AMR sollten weiterhin unterstützt werden.

Forschung und Entwicklung

Vorgeschlagene Maßnahmen:

- Klassifizierung der Forschungsfragestellungen in kurz-, mittel- und langfristige Projekte und Priorisierung nach Dringlichkeit und Umsetzbarkeit
- Fortsetzung und Stärkung transsektoraler und interdisziplinärer Verbundforschungsvorhabenförderung zu Infektionsprävention und -behandlung (Beispiel Fördermaßnahme BMBF: InfectControl)
- Stärkung transsektoraler und interdisziplinärer Verbundforschungsvorhaben zur Rolle von Koinfektionen (viral-bakteriell, parasitär-bakteriell) auf Krankheitsresilienz, Therapieverläufe und Entstehung und Verbreitung AMR-tragender Bakterien.

Mittel- bis langfristige Fragestellungen

Neben dem schon unter den sechs Themenfeldern spezifisch genannten Forschungsbedarf gibt es weitere Fragestellungen, deren Klärung zum besseren Verständnis über Antibiotikaresistenzen sowie zum zielgerichteten Einsatz von Antibiotika beitragen kann.

I. Stärkung der Resilienz, insbesondere der Nutztiere, durch antibiotika-freie Interventionsstrategien zur Pro- und Metaphylaxe

- *Mechanistische Untersuchungen zur Rolle chronischer Infektionen bei der Entstehung von Produktionskrankheiten*

In der Landwirtschaft führen endemische Infektionen („Produktionskrankheiten“), insbesondere Jungtierversluste durch respiratorische und gastrointestinale Infektionen, zu hohen betriebs- und volkswirtschaftlichen Schäden. Die Pathogenese dieser

infektiösen Faktorenkrankheiten wird terminal durch fakultativ pathogene Erreger bestimmt. Die gegen diese gerichteten Behandlungen sind ein wichtiger Treiber für einen hohen und, zumindest international, ungerichteten Einsatz von Antibiotika in der Tierproduktion. Effektive Präventionsmaßnahmen müssen bereits gegen prädisponierende Faktoren gerichtet sein. Eine bisher zu wenig mechanistisch erforschte Rolle spielen dabei latente oder tolerierte Infektionen mit Erregern, die die Immunantwort des Wirtes unterlaufen. Ohne offensichtliche klinische Symptome auszulösen, belasten sie den Gesamtorganismus, entziehen sich aber der direkten oder indirekten Infektionsdiagnostik und sind damit meist nicht Ziel gerichteter Bekämpfung. Aufgrund der infektionsbiologischen Besonderheiten dürfen neue Ansätze, die primär der Vermeidung der Antibiotikaaanwendung dienen, nicht nur gegen die Erreger gerichtet sein, sondern müssen auch auf die Beeinflussung des Wirtes abzielen. Es bedarf grundlegender Forschung zur Bedeutung solcher chronischen Infektionen und z.B. der Effektivität immunmodulatorischer Interventionen zur Verhinderung behandlungspflichtiger Erkrankungen bei Nutztieren.

- *Verbesserung der Genetik der Nutztiere zur Stärkung der Resilienz*

Unterschiede zwischen verschiedenen Rassen oder Linien hinsichtlich ihrer Kompetenz zur Krankheitsabwehr sind bei Nutztieren bekannt. Neben phylogenetischen Unterschieden scheinen negative Zusammenhänge zwischen der Infektionsabwehr und der Selektion auf hohe Leistungen vorzuliegen. Herkunftsvergleiche zur Charakterisierung der phylogenetischen Divergenz und der immunologischen Kompetenz sowie der spezifischen Erregerabwehr sollten durchgeführt werden. Hierdurch können Herkünfte (Rassen oder genetische Linien) identifiziert werden, die eine höhere Resilienz gegenüber bakteriellen Infektionen zeigen. Die Herkunftsver-

gleiche sollten sowohl unter kontrollierten Bedingungen auf Versuchsstationen (ggf. mit provozierten Infektionen) als auch auf Betrieben des Praxis-Netzwerks durchgeführt werden. Weiterhin sollten die genetischen Mechanismen der Wechselwirkungen zwischen Erreger, Immunsystem und dem intermediären Stoffwechsel einschließlich Mikrobiom in Abhängigkeit von der Leistungseffizienz untersucht werden. Die Ergebnisse können genutzt werden, um kausale Genombereiche der Infektionsabwehr durch Genomeditoring so zu verändern, dass die Abwehrfähigkeit von Tierpopulationen verbessert wird.

- *Prävention durch Früherkennung und Optimierung der Haltungsumwelt von landwirtschaftlichen Nutztieren*

Durch eine Optimierung der Haltungsumwelt können positive Effekte auf die Tiergesundheit und damit eine Reduktion von Infektionsrisiken erreicht werden. So lassen sich Strukturierungen der Haltungsumwelt eventuell nicht nur durch bauliche Einrichtungen (z.B. erhöhte Ebenen) erreichen, sondern ggf. auch durch optische Strukturierung mittels unterschiedlicher Lichtintensitäten und spektraler Unterschiede des Lichtes innerhalb der Haltungsumwelt. Durch an die jeweiligen Tiere angepasste Haltungsoptimierung können auch Risiken für gegenseitige Beschädigungen und Verletzungen reduziert werden, wodurch Eintrittspforten für bakterielle Erreger verhindert werden. „Precision Livestock Farming“ kann des Weiteren ein frühzeitiges Erkennen von Infektionen ermöglichen. Eine Entwicklung und Validierung entsprechender Sensorsysteme zur Echtzeit-Überwachung von Verhalten und Tiergesundheit unter Praxisbedingungen ist als zielführend anzusehen.

II. Reduktion der Persistenz und Verbreitung AMR-tragender Bakterien

- *Analyse der genetischen Elemente, die zur Persistenz antibiotika-resistenter Bakterien im Nutztier führen*

Studien haben gezeigt, dass bestimmte Bakterienstämme, die besonders an ihre Wirtsorganismen angepasst sind, unabhängig vom Wirkstoffeinsatz in der Tier- oder Humanpopulation und der geographischen Region ihres Vorkommens, zur hohen Prävalenz von Resistenzgenen beitragen. Die Aufklärung der zu Grunde liegenden genetischen Elemente sowie der Mechanismen, mit denen sie innerhalb derselben Spezies weitergegeben oder auf andere Spezies übertragen werden, könnte genutzt werden, um durch gezielte Modulation dieser Elemente die Last an AMR-tragenden Bakterien zu reduzieren.

- *Transmission und Verbreitung (multi)resistenter Bakterien und mobiler genetischer Elemente*

Zur Aufklärung von Übertragungs- und Verbreitungswegen (multi)resistenter Bakterien sowie von mobilen genetischen Elementen sind *Monitoring*-Studien der unterschiedlichen Ebenen der Tierproduktion bei verschiedenen Tierarten sowie der Umwelt notwendig. Einen Schwerpunkt bilden hier aufgrund ihrer Relevanz für die Tiergesundheit multiresistente Gram-negative Bakterien. Die hierbei erhaltenen Daten dienen der Identifizierung möglicher Eintragsrouten in und Infektionsketten zwischen den Einzelbereichen. Solche Studien ermöglichen damit auch die Entwicklung effektiver Interventionsmaßnahmen. Weiterhin lassen sich Konzepte für die Entwicklung von *Sentinel*-Systemen für das *Monitoring* (multi)resistenter Bakterien ableiten.

- *Verbesserung von Antibiotika und Entwicklung therapeutischer Alternativen*

Hierbei geht es neben der Verbesserung bekannter Antibiotika und deren Kombination auch um die Förderung der Entwicklung von neuen Antibiotika, z.B. aus Naturstoffen. Da die antibiotische Ära auch ge-

lehrt hat, dass für jedes klinisch eingeführte Antibiotikum früher oder später resistente Stämme auftreten, müssen neben neuen Antibiotika auch therapeutische Alternativen entwickelt werden. Dazu gehören Biofilm-reduzierende Substanzen, nicht-antibiotische Substanzen, die zu einer Reduzierung der AMR-Last im Wirtstier führen, sowie neue Impfstoffe und der Einsatz spezifischer Bakteriophagen (Phagen-Therapie).

Anlagen

Anlage 1: Anschriften der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner (Stand: Dezember 2022)

Nationale Referenzlaboratorien für anzeigepflichtige Tierseuchen:

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

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: PD Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@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 <i>Bonamia exitosa</i> , Infektion mit <i>Bonamia ostreae</i> , Infektion mit <i>Marteilia refringens</i> , Infektion mit <i>Microcytos mackini</i> , Infektion mit <i>Perkinsus marinus</i>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@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
<i>Stomatitis vesicularis</i>	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: PD 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 Leiterin: Dr. L. Sprague E-Mail: lisa.sprague@fli.de
Tuberkulose der Rinder (<i>Mykobakterium bovis</i> , <i>M. caprae</i>)	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. El-Adawy E-Mail: Hosny.ElAdawy@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: PD 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: PD 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
Bornavirus-Infektion der Säugetiere	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. D. Rubbenstroth, PhD E-Mail: dennis.rubbenstroth@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. H. El-Adawy E-Mail: Hosny.ElAdawy@fli.de
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: Dr. P. Maksimov E-Mail: pavlo.maksimov@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

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
<p>Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.de</p>
<p>Paratuberkulose</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. H. Köhler E-Mail: heike.koehler@fli.de</p>
<p>Q-Fieber</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. K. Mertens-Scholz E-Mail: katja.mertens-scholz@fli.de</p>
<p>SARS-CoV-2-Infektion bei Haustieren</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Dr. M. Keller E-Mail: markus.keller@fli.de</p>
<p>Schmallenberg Virus Infektion</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiterin: PD Dr. K. Wernike E-Mail: kerstin.wernike@fli.de</p>
<p>Toxoplasmose</p>	<p>Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Dr. G. Schares E-Mail: gereon.schares@fli.de</p>

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
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:

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Bunyvirale 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

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
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: PD Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@fli.de
Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.de
Muschelkrankheiten (Bivalvia): <i>Perkinsus olseni</i> , <i>Xenohalitus californiensis</i> , Abalone Virussterblichkeit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. U. Fischer E-Mail: uwe.fischer@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.K. Mertens-Scholz E-Mail: katja.mertens-scholz@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
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
AMR	Antimikrobielle Resistenz
ASE	Agrarstrukturerhebung
ATLAS	Autonomes-Tierseuchen-Lab-on-a-Chip-System
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-Immunsorbent-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 Anaplasmosis
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	<i>In-situ</i> -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	<i>Mycobacterium avium</i> ssp. <i>paratuberculosis</i>
MIRU	Mycobacterial interspersed repetitive unit
MLSSR	multi-locus short sequence repeat
MLST	Multi Locus Sequence Typing
MTC	<i>M. tuberculosis</i> -Komplex
ncp	nicht-cytopathogen
NPAI	Niedrigpathogene aviäre Influenza
NPAIV	Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus
NRL	Nationales Referenzlabor
NT	Neutralisationstest
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
WOAH	World Organization for Animal Health, vormalis OIE Office International des Epizooties
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: Fuchs, Forelle, Hausschweine, Feldhase © pixabay