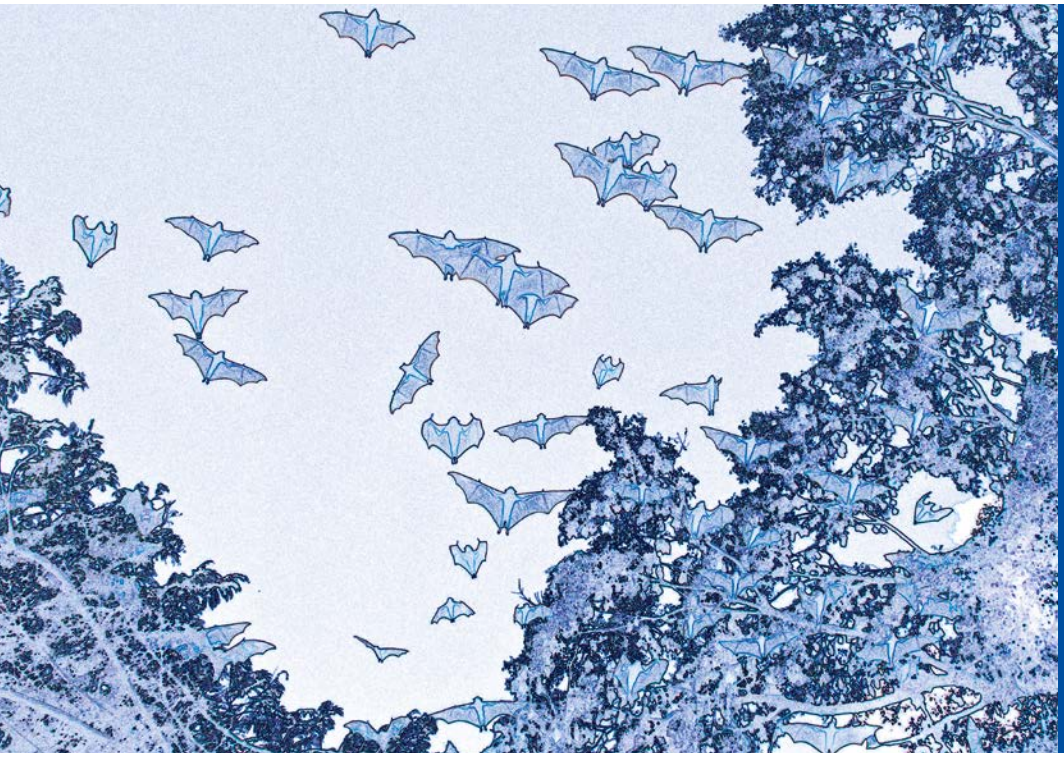
FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT
FLI
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Federal Research Institute for Animal Health

DER LABLOEFFLER NEWS für das LABOR



Heft 2 2023, Nr. 27

Liebe Kolleginnen und Kollegen,

seit dem letzten LabLoeffler hat sich einiges am FLI und im Bereich der Tierseuchen getan: Seit Juli hat das FLI eine neue Präsidentin. Prof. Dr. Christa Kühn ist die erste Frau im Präsidialamt in der über hundertjährigen Geschichte des Instituts. In dieser Ausgabe des LabLoefflers befragen wir sie quasi durch die „Diagnostikerbrille" – Ihre Antworten finden Sie auf Seite 16. Anfang November wurde ich vom Bundeslandwirtschaftsminister Cem Özdemir zum neuen Vizepräsidenten des FLI berufen. Hierüber freue ich mich sehr und werde mich in diesem Amt auch weiterhin ganz besonders für die exzellente Zusammenarbeit des FLI mit den Veterinärlaboren der Bundesländer einsetzen. Und zu tun gibt es genug: Der Monat September brachte „aus heiterem Himmel" die Blauzungenkrankheit zurück. Der für uns neue Serotyp 3 ist vermutlich aus Afrika eingeschleppt worden. Nach der explosionsartigen Ausbreitung in den Niederlanden bestätigte unser Nationales Referenzlabor Mitte Oktober den ersten Fall in NRW. Und ein neues BTV vom Serotyp 8 breitet sich zudem in Frankreich aus. Deutschland wird somit mehr oder weniger in „die Zange genommen". Hier wird die Entwicklung insbesondere ab dem kommenden Frühjahr sicher spannend.Ebenso im September wurden Infektionen mit dem Nipah-Virus bei Menschen aus Bangladesch gemeldet und schafften es als womöglich nächster „Pandemie-Erreger" in die Medien. Anlass genug, dieses für uns (noch) exotische Virus vorzustellen.

Dass die Sequenzierung von Infektionserregern nicht nur bei Viren gut etabliert ist und wichtige Erkenntnisse liefert, zeigt der Beitrag über den Einsatz bei bakteriellen Erregern. Interessant wird sicher auch das neue Projekt zum Erreger-Screening bei Wildtieren in Mecklenburg-Vorpommern, für das wir mit verschiedenen Partnern zusammenarbeiten.

Insgesamt spieglen wir mit der neuen Ausgabe des Lab-Loefflers einmal mehr die Bandbreite unserer Themen und Kooperationen wieder. Ohne die gute Vernetzung mit Ihnen würde hier ein ganz wesentlicher Teil fehlen.

Für den vertiefenden fachlichen Austausch möchte ich schon jetzt alle zu den 11. Riemser Diagnostiktagen Ende November 2024 einladen. Es wird bestimmt wieder ein tolles „Familientreffen"!

Bleibt mir nur noch, jetzt Ihnen allen erst einmal eine kurzweilige Lektüre von „LabLoeffler 27" zu wünschen.

Mit kollegialen Grüßen,
Ihr

Prof. Dr. Martin Beer

(© J. King, FLI)

Inhalt

2 Vorwort

3 Inhaltsverzeichnis

4–6 Aktuelle Situation der Blauzungenkrankheit in Deutschland

6–9 Analyse von Sequenzierdaten bakterieller Tierseuchenerreger

9–10 Wildtiermonitoring in MV durch ein integriertes One Health

11 Jenaer-*Salmonella*-Workshop

12–13 Nipahvirus als der nächste Pandemie-Erreger? Was weiß man über das Nipahvirus?

14–15 Auswertung der Laborvergleichsuntersuchungen zur Tollwut-Diagnostik 2023

16 Vorgestellt: Prof. Dr. Christa Kühn, Präsidentin des FLI

KURZNACHRICHTEN

17 Kerstin Wernike als Vorstand der Fachgruppe AVID-Virologie bestätigt

17 Martin Beer zum Vizepräsidenten des FLI bestellt

17 Save the Date: NRL-Arbeitstagung in Jena

18 Laborvergleichsuntersuchungen 2024

19 Aus der Zulassungsstelle

18–19 Save the Date: Riemser Diagnostiktage und Riemser Fischtag

20–22 Nationale Referenzlaboratorien

23 Impressum

Aktuelle Situation der Blauzungenkrankheit in Deutschland

Dr. Jörn Gethmann, Dr. Bernd Hoffmann,
Prof. Dr. Martin Beer, Prof. Dr. Carola Sauter-Louis

FLI, Institut für Epidemiologie (IfE) und
Institut für Virusdiagnostik (IVD)

Jörn Gethmann
(© M. Jörn, FLI)

Mit einem massiven Ausbruchsgeschehen durch Blauzungenkrankheit vom Serotyp 3 in den Niederlanden, Fällen in Belgien und auch Deutschland meldete sich diese anzeigepflichtige Tierseuche eindrücklich zurück. Erst zum 1. Juni 2023 hatte Deutschland wieder den Status amtlich seuchenfrei anerkannt bekommen, nun ist abermals mit Restriktionen und einer weiteren Ausbreitung zu rechnen. Anlass genug, die Blauzungenkrankheit und deren Ausbrüche seit 2006 noch einmal genauer zu beleuchten.

Ende August 2006 brach die Blauzungenkrankheit erstmals in Deutschland, den Niederlanden, Belgien und Luxemburg aus. Dabei wurde in den infizierten Tieren der BTV Serotyp 8 festgestellt. Ein Serotyp, der bis dahin in Europa noch nicht nachgewiesen worden war. Durch eine verpflichtende Impfung mit einem inaktivierten Impfstoff konnte die Blauzungenkrankheit erfolgreich bekämpft werden, so dass Deutschland ab dem Jahr 2012 wieder offiziell als frei davon galt.

In den folgenden Jahren traten verschiedene Serotypen in Europa auf, insbesondere BTV-4 breitete sich von Griechenland über die Balkanstaaten bis nach Italien und Frankreich nach Norden und Westen aus (Abb. 1).

In Frankreich wurde 2015 eine Neuinfektionen mit BTV vom Serotyp 8 (BTV-8) festgestellt. Seitdem hat sich BTV-8 in Frankreich stark ausgebreitet und erreichte im Oktober 2017 auch die Schweiz. Sowohl in Frankreich als auch in der Schweiz gilt das gesamte Staatsgebiet als BTV-8-Restriktionszone. Insbesondere im Südwesten Deutschlands wurde verstärkt gegen BTV-4 und 8 geimpft. Dennoch wurde am 12. Dezember 2018 BTV-8 erstmals seit 2009 wieder in Deutschland festgestellt.

Mit dem Inkrafttreten der Durchführungsverordnung (EU) 2018/1882 der Kommission am 21. April 2021 ist eine Infektion mit dem Virus der Blauzungenkrankheit (Serotypen 1–24) den Kategorien C+D+E zugeordnet. Das bedeutet, dass die Blauzungenkrankheit eine gelistete Seuche gemäß Artikel 9 Absatz 1 Buchstabe c der Verordnung (EU) 2016/429 ist, die für einige Mitgliedstaaten relevant ist und für die Maßnahmen getroffen werden müssen, damit sie sich nicht in andere Teile der Union ausbreitet. Deutschland hat entschieden, ein Tilgungsprogramm für die Blauzungenkrankheit zu erstellen, um amtlich seuchenfrei zu werden.

Blauzungenkrankheit (BTV)

- Virus der Blauzungenkrankheit, Orbivirus aus der Familie Reoviridae; 24 bekannte Serotypen
- Nichtansteckend, durch blutsaugende Mücken der Gattung *Culicoides* (Gnitzen) übertragen
- Tritt hauptsächlich bei Rindern und Schafen auf, Ziegen, Neuweltkameliden (u. a. Alpakas) und Wildwiederkäuer sind ebenfalls empfänglich
- Virusvermehrung in regionalen Lymphknoten
- Inkubationszeit 2 – 15 Tage, anschließende Virämie beim Rind ca. 15 bis maximal 60 Tage
- Klinische Symptome: Fieber, Fressunlust, vermehrtes Speicheln, Nasenausfluss, Läsionen in Maul und Nase, Kronsaumentzündungen, Lahmheit, Bindehautentzündungen, Zitzenentzündungen, geschwollener Kopf, geschwollene Zunge bis zu Apathie und Dysphagie. Schafe erkranken i. d. R. schwerer als Rinder.
- Morbidität variiert je nach Serotyp zwischen 0 bis 2,4 % bei Rindern und 0 bis 6 % bei Schafen
- Mortalität schwankt zwischen 0 bis 1,3 % bei Rindern und 0 bis 4,6 % bei Schafen (Conraths et al., 2009; Szmaragd et al., 2007; ScoPAFF, 2014)
- Nach überstandener Infektion bilden die Tiere Antikörper, i. d. R. mit lebenslanger Immunität gegen die BTV-Serotypen, mit denen sie infiziert waren
- In Deutschland heimische *Culicoides*-Arten, hauptsächlich Gnitzen des *C. obsoletus*-Komplexes, möglicherweise auch Arten der *C. pulicaris*-Gruppe, können BTV übertragen (Hoffmann et al., 2009)
- Aktivität der Gnitzen ist in den Sommermonaten am höchsten, geht im Spätherbst und Winter zurück und steigt im Frühling wieder an.
  In Deutschland wurde an mehreren Standorten auch im Winter eine geringe Vektoraktivität nachgewiesen (Hoffmann et al., 2009; Mehlhorn et al., 2009).

Literatur kann beim Autor angefragt werden.

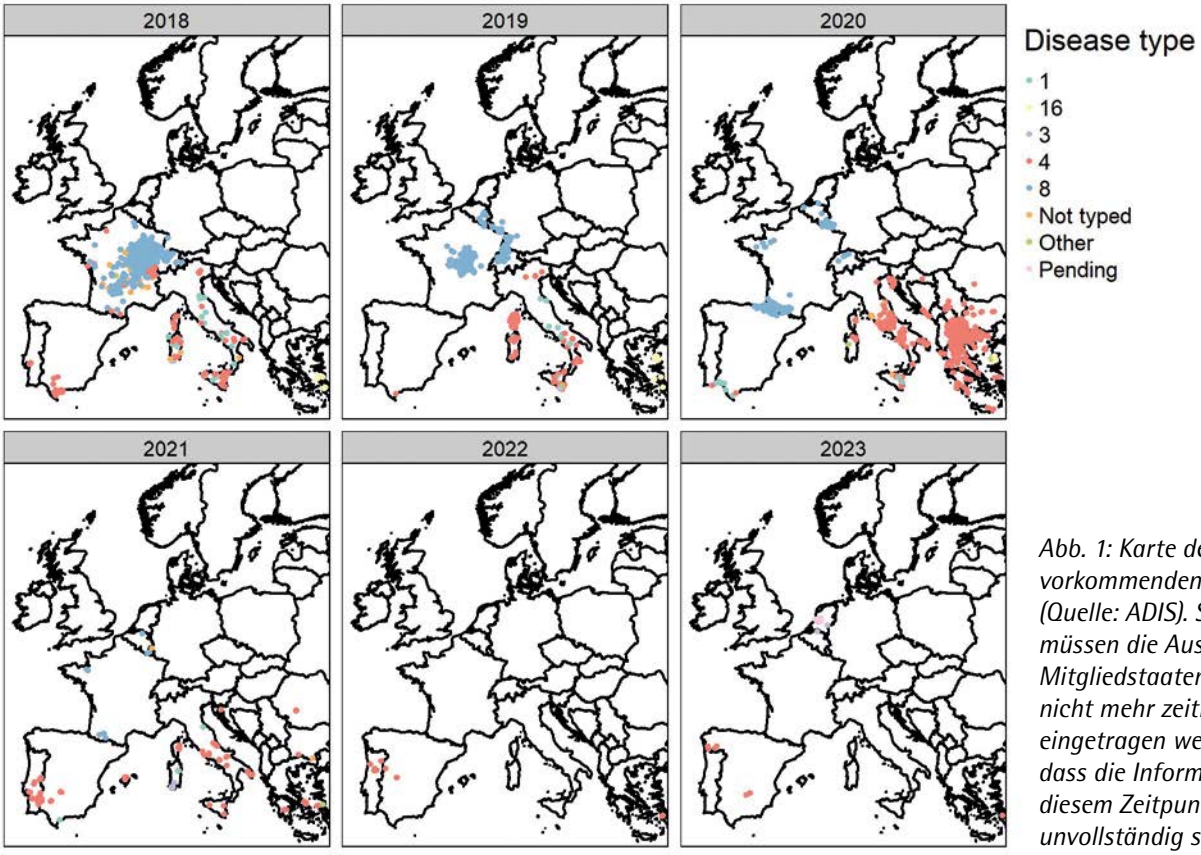


Abb. 1: Karte der in Europa vorkommenden Serotypen (Quelle: ADIS). Seit Mai 2021 müssen die Ausbrüche in Mitgliedstaaten ohne Status nicht mehr zeitnah in ADIS eingetragen werden, so dass die Informationen ab diesem Zeitpunkt vermutlich unvollständig sind.

Seit 2008 sind BTV-4 und BTV-8 die am häufigsten vorkommenden Serotypen in der EU, wobei BTV-4 eher im Mittelmeerraum vorkommt, wohingegen BTV-8 überwiegend in Mitteleuropa (Frankreich, Deutschland, Belgien) beobachtet wurde (siehe Abb. 1).

Am 3. und 4. September 2023 beobachteten niederländische Tierärztinnen und Tierärzte bei Schafen in den Provinzen Nordholland und Utrecht klinische Symptome in fünf Betrieben, die auf BT hindeuteten. Das niederländische Referenzlabor (WBVR) bestätigte am 05. September 2023 Blauzungenkrankheit in vier der fünf Betriebe und ermittelte den Serotyp 3 (BTV-3). Bis zum 26. Oktober 2023 waren über 2.000 Betriebe betroffen, überwiegend Schafhaltungen. Die niederländische Regierung leitete Maßnahmen, wie die Sperrung der betroffenen Betriebe und Ausbruchsuntersuchungen ein.

Bei einigen der betroffenen Schafe wurden hohes Fieber (bis 42 °C), geschwollene Zungen, Läsionen im Maul und an der Zunge, Fressunlust, Speicheln und lethargisch bis moribundes Verhalten beobachtet (Abb. 2–4). Darüber hinaus wurde von zahlreichen Todesfällen bei Schafen in den Niederlanden berichtet.

Basierend auf diesen Berichten muss davon ausgegangen werden, dass die klinischen Symptome bei Schafen stärker sind, als bei dem BTV-8 Ausbruch in den Jahren 2006–2009. Zusätzlich wurde auch von Klinik bei Rindern berichtet. Deren Ausmaß wird man in den nächsten Wochen und Monaten weiter analysieren müssen.

Abb. 2: Schaf mit klinischen Symptomen der Blauzungenkrankheit: geschwollener Kopf, Speicheln, Fieber (BTV-8 © J. Gethmann, FLI 2007)

Abb. 3: Läsionen im Maul eines verendeten Lamms (BTV-8 © J. Gethmann, FLI 2007)

Am 12. Oktober 2023 wurde der erste Ausbruch der Blauzungenkrankheit mit dem Serotyp 3 (BTV-3) in Deutschland festgestellt. Betroffen ist eine Schafhaltung im Kreis Kleve, Nordrhein-Westfalen (NW). Seitdem gab es einen weiteren Ausbruch in NW und einen Ausbruch in Niedersachsen.

Die nächsten Wochen und Monate werden zeigen, wie weit sich BTV-3 in Deutschland ausbreitet. Es ist wahrscheinlich, dass auch das neue BTV-3 in Zentral-Europa überwintern wird. Basierend aus den Erfahrungen mit BTV-8 in 2006/2007 kann vermutet werden, dass es 2024 dann zu einer deutlichen Ausweitung des betroffenen Gebietes kommen könnte.

Derzeit ist gegen BTV-3 noch kein Impfstoff verfügbar, so dass die Tiere nicht wirksam gegen eine Infektion geschützt werden können.

Abb. 4: Läsionen im Zwischenklauenspalt (BTV-8 © J. Gethmann, FLI 2007)

Analyse von Sequenzierdaten bakterieller Tierseuchenerreger

Dr. Jörg Linde

FLI, Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen (IBIZ)

Jörg Linde (© privat)

Gesamtgenomsequenzierung bakterieller Tierseuchenerreger ermöglicht hochauflösende Genotypisierung und bildet dadurch eine hervorragende Möglichkeit zur Aufklärung von Infektionswegen. Gesamtgenomdaten können außerdem verwendet werden, um genetische Marker (u. a. Virulenz, Antibiotikaresistenz) zu identifizieren, deren Existenz Hinweise auf phänotypische Ausprägungen geben, wodurch ggf. die Behandlung optimiert werden kann. Dieser Artikel fasst neueste technische, bioinformatische, behördliche und rechtliche Entwicklungen zusammen.

Laborarbeiten

Die Aufklärung von Infektionswegen ist entscheidend, um Übertragungen von Krankheitserregern zu verfolgen, Ausbrüche effizient zu bewältigen und Erregerquellen zu beseitigen. Traditionelle Verfahren zur Charakterisierung bakterieller Erreger umfassen Pulsfeld-Gelelektrophorese, Serovar- und Biovar-Bestimmung, PCR mit Sequenzierung von Amplifikaten zur Multilocus-Sequenztypisierung (MLST), oder zur Identifizierung von Einzelnukleotid-Änderungen (SNPs). Im internationalen Kontext, in der deutschen Krankenhaushygiene und der Lebensmittelsicherheit werden, sowohl auf Bundesebene als auch auf Länderebene, vermehrt modernste Sequenziermethoden (Engl. Next-Generation-Sequencing (NGS)) für diese Aufgaben eingesetzt. Für die Sequenzierung kurzer Sequenzstücke (Engl. reads) hat sich die IlluminaTM-Technologie etabliert. Zur Anzucht, DNS-Isolierung und für die Erstellung von Sequenzierbibliotheken im Bereich Lebensmittelsicherheit, wurden internationale [1] und nationale [2] Leitfäden veröffentlicht. Entsprechende Regeln für bakterielle Tierseuchenerreger findet man in der amtlichen Methodensammlung des Tiergesundheitsgesetzes.

Bioinformatische Methoden

Europäische Behörden bevorzugen open source Software für die bioinformatorischen Analysen [4]. Entsprechende Pipelines für Lebensmittelsicherheit und Tierseuchenerreger sind frei verfügbar.

Die bioinformatischen Pipelines (Abb. 1) beginnen mit der Qualitätskontrolle, welche die Rohdaten auf Qualität und Quantität testet und mögliche Kontaminationen kontrolliert. Parameter und Richtwerte sind in den Normen hinterlegt [1,2]. Im Folgenden werden die kurzen Sequenzstücke assembliert, d. h. in der richtigen Reihenfolge zusammengeführt, wodurch die Gesamtgenomsequenz entsteht.

Die Gesamtgenomsequenz wird häufig genutzt, um traditionelle Typisierungen (Serovar-Bestimmung, MLVA, MLST usw.) bioinformatisch durchzuführen (Abb. 1). Dies dient einerseits zur gröberen Typisierung der Proben und andererseits zum Vergleich der sequenzierten Proben mit Probensammlungen, die traditionell untersucht wurden.

Für die hochauflösende Typisierung, unter Ausnutzung möglichst aller Informationen in den Genomen, haben sich zwei Verfahren etabliert.

Das Kerngenom MLST (Engl. core genome MLST, cgMLST) basiert auf den Genomassemblies und erweitert das herkömmliche MLST (mit 7-9 Genen) auf sämtliche Gene, die sich im Kerngenom (keine mobilen Elemente) einer

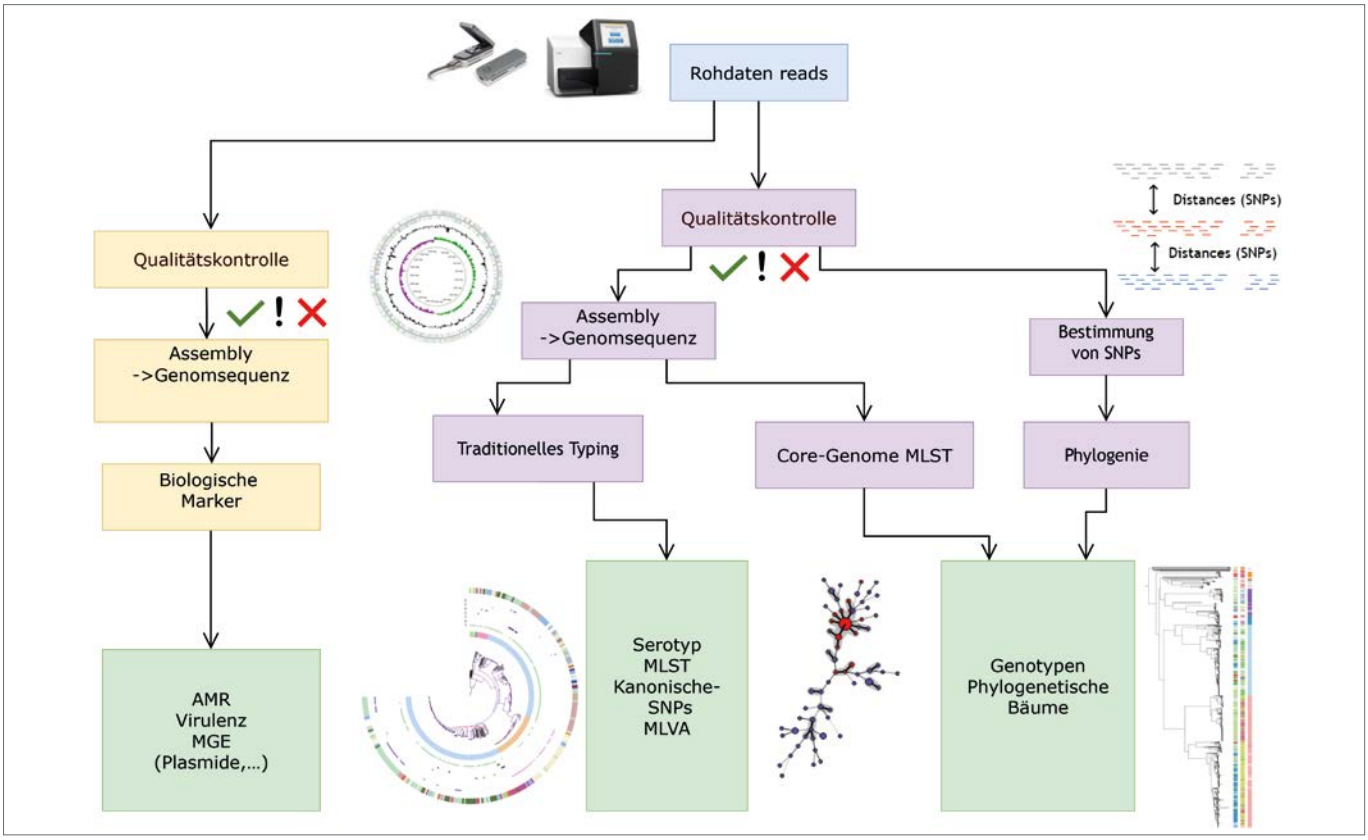


Abb. 1: Schematischer Ablauf der bioinformatischen Analysen von Daten aus bakteriellen Gesamtgenomsequenzierungen [4].

Bakterienspezies befinden (Abb. 1). Jedes Gen im gesamten Genom einer Probe wird anhand eines vordefinierten Schemas mit einer Allel-Nummer versehen. Die Liste der Allel-Nummern (Allelprofile) für alle Proben wird schließlich verwendet, um die Proben anhand ihrer Ähnlichkeit zu gruppieren (Engl. to cluster). Durch die Einhaltung von Mindeststandards zur Sequenzierung [1,2] und Harmonisierung der Datenanalyse, ist es möglich, Allelprofile zwischen Laboren und transsektoral auszutauschen und somit Ausbrüche zu detektieren. Die Allelprofile können zentral oder dezentral verwaltet werden, was einen vereinfachten Austausch ermöglicht [5].

Beim Typisieren anhand von Einzelnukleotidänderungen (SNPs) werden die kurzen Sequenzabschnitte mit einem Referenzgenom abgeglichen (Engl. mapping). Die paarweise Anzahl an SNPs aller Proben wird letztendlich zur Gruppierung verwendet (Abb. 1). Unter Verwendung qualitativer Sequenzierstandards sowie harmonisierter Datenanalyse und Referenzgenome, ist auch hier ein Austausch von SNP-Profilen zwischen Laboren denkbar.

Die Identifikation genetischer Marker für Phänotypen, wie zum Beispiel Antibiotikaresistenz und Virulenz, stützt sich auf Datenbanken, die Gene und Einzelnukleotidänderungen für einen spezifischen Phänotyp enthalten. In Bezug auf die Resistenz gegen Antibiotika bei *Salmonella enterica, Campylobacter-Spezies* und *Escherichia coli* wurde eine Übereinstimmung von 98,4 Prozent zwischen Genotyp und Phänotyp festgestellt [6].

Für die horizontale Übertragung von Genen zwischen verschiedenen Arten, also dem horizontalen Gentransfer, sind mobile genetische Elemente, wie Plasmide, von großer Bedeutung. Auch diese können mithilfe entsprechender Datenbanken erkannt oder direkt aus den Sequenzen vorhergesagt werden.

Oxford Nanopore Technologie

In den letzten Jahren wurden Bakterien vermehrt mit der Oxford Nanopore Technologie (ONT) sequenziert. Ein Vorteil ist hierbei einerseits das Angebot kleiner kostengünstiger Geräte, andererseits ermöglicht die Technologie die Erzeugung (ultra-)langer Sequenzstücke. Diese langen Sequenzstücke vereinfachen den Assemblierungsprozess und ermöglichen somit die Rekonstruktion vollständiger und geschlossener bakterieller Genome, während bei der Sequenzierung mit Illumina die Genome häufig „zerstückelt" sind. Im Vergleich zu Illumina, hatte die Sequenzierung mit ONT über lange Zeit eine höhere Fehlerrate. Technologische Verbesserungen führten neuerdings aber zu einer Angleichung der Fehlerrate, was eine Validierung von ONT-Sequenzierung für Bakterien nötig macht. Für die genombasierte Serotypisierung von Salmonellen wurde mit ONT eine Genauigkeit von bis zu 96 Prozent erreicht [7]. Beide Sequenziertechnologien unterscheiden sich kaum bei der Detektion genetischer Marker für Virulenz und Resistenz gegen Antibiotika [7,8]. Die Fähigkeit, Plasmide vollständig und geschlossen zu assemblieren, ist ein Vorteil der ONT-Sequenzierung, welche erlaubt, den horizontalen Transfer von genetischen Markern zu untersuchen.

Hochauflösende Genotypisierung wurde für langsam-mutierende, hochpathogene Bakterien getestet [8]. Mit Hilfe von Nanopore- und Illumina-Daten konnten die korrekten (Unter-)Arten für alle Proben erkannt werden. Weiterhin wurden die korrekten kanonischen (Sub-)Kladen für *Bacillus anthracis* und *Francisella tularensis*, sowie die korrekten Multilocus-Sequenztypen für *Brucella suis* erkannt.

Für *F. tularensis* erzeugten Hochauflösungs-Genotypisierungen mithilfe von Core-Genom-MLST (cgMLST) und Core-Genom-Single-Nucleotide-Polymorphism (cgSNP)-Typisierung sehr ähnliche Ergebnisse zwischen den Daten von Illumina und ONT (Abb. 2). Bei *Ba. anthracis* erzielten nur die Daten aus der neuesten Flowcell Version (10.4) ähnliche Ergebnisse wie Illumina. Für *Br. suis* zeigten die Genotypisierungen hingegen größere Unterschiede zwischen den Daten von Illumina und den Daten aus beiden ONT Flowcell Versionen [8]. Womöglich sind systematische Fehler bei modifizierten Basen ursächlich. Während die ständige Verbesserung der ONT eine Anwendung möglich erscheinen lässt, bleibt es fraglich, wie die häufigen Änderungen in den Bereichen Sequenzierung und bioinformatische Datenanalyse in der Routine umgesetzt werden.

Links

Amtliche Methodensammlung:
www.fli.de/de/publikationen/amtliche-methodensammlung/

Open Source Software für Lebensmittelsicherheit:
https://gitlab.com/bfr_bioinformatics/
Tierseuchenerreger:
https://gitlab.com/FLI_Bioinfo/WGSBAC/

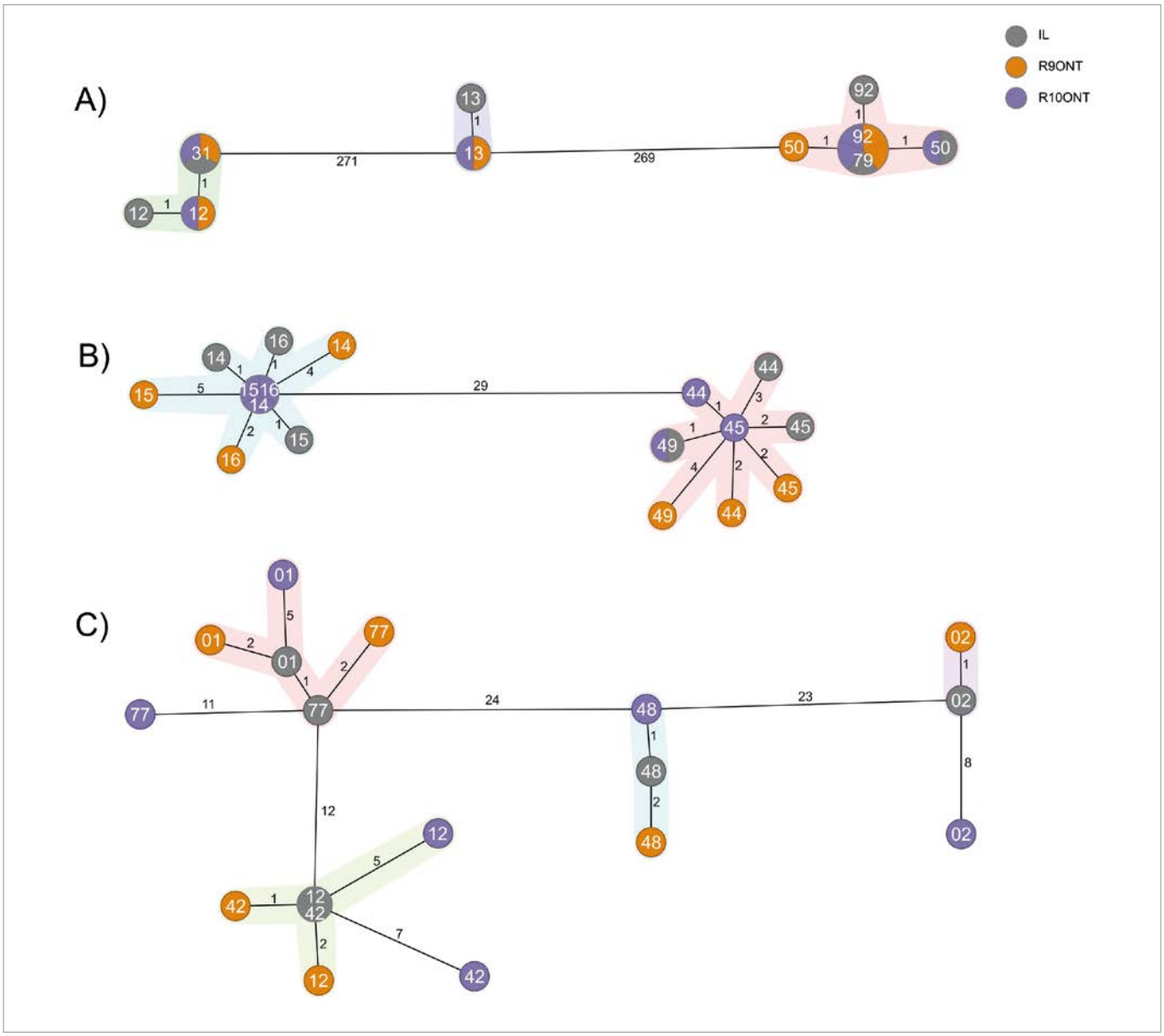


Abb. 2: Minimaler Spannbaum zur Visualisierung der Anzahl unterschiedlicher Allele zwischen Stämmen: A) F. tularensis subsp. holartica, B) Ba. anthracis und C) Br. suis. Knoten repräsentieren Stämme (mit Stammnummer), welche mit Illumina, ONT Flowcell R9.4.1, oder ONT Flowcell R10.4 sequenziert wurden. Die Zahlen an den Kanten geben die paarweise Anzahlen allellischer Unterschiede an [8].

Literatur

[1] DIN EN ISO 23418:2022-09. Mikrobiologie der Lebensmittelkette – Vollständige Genomsequenzierung zur Typisierung und genomischen Charakterisierung von Bakterien in Lebensmitteln – Allgemeine Anforderungen und Leitfaden (ISO/DIS 23418:2022).

[2] Amtliche Sammlung von Untersuchungsverfahren nach § 64 LFGB: Gesamtgenomsequenzierung zur Typisierung und Charakterisierung von *Salmonella enterica, Listeria monocytogenes*, thermophilen *Campylobacter* spp. und Shigatoxin-bildenden sowie kommensalen *Escherichia coli*, die aus Lebensmitteln isoliert wurden.

[3] **European Food Safety Authority (EFSA) (2021)** EFSA statement on the requirements for whole genome sequence analysis of microorganisms intentionally used in the food chain. EFSA J19(7):e06506.

[4] **Linde J, Neubauer H (2021)** Anwendung moderner Sequenziermethoden für bakterielle Tierseuchenerreger und Tierkrankheitserreger. Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle 28, 251–254.

[5] **Uelze L, Becker N, Borowiak M, Busch U, Dangel A, Deneke C, Fischer J, Flieger A, Hepner S, Huber I, Methner U, Linde J, Pietsch M, Simon S, Sing A, Tausch SH, Szabo I, Malorny B (2021)** Toward an Integrated Genome-Based Surveillance of *Salmonella enterica* in Germany. Front Microbiol 12:626941.

[6] **Feldgarden M, Brover V, Haft DH, Prasad AB, Slotta DJ, Tolstoy I, Tyson GH, Zhao S, Hsu CH, McDermott PF, Tadesse DA, Morales C, Simmons M, Tillman G, Wasilenko J, Folster JP, Klimke W (2019)** Validating the AMRFinder Tool and Resistance Gene Database by Using Antimicrobial Resistance Genotype-Phenotype Correlations in a Collection of Isolates. Antimicrob Agents Chemother 63(11):e00483-19.

[7] **Thomas C, Methner U, Marz M, Linde J (2023)** Oxford nanopore technologies-a valuable tool to generate whole-genome sequencing data for in silico serotyping and the detection of genetic markers in *Salmonella.* Front Vet Sci 10:1178922.

[8] **Linde J, Brangsch H, Hölzer M, Thomas C, Elschner MC, Melzer F, Tomaso H (2023)** Comparison of Illumina and Oxford Nanopore Technology for genome analysis of *Francisella tularensis, Bacillus anthracis*, and *Brucella suis.* BMC Genomics 24(1):258

Wildtiermonitoring in Mecklenburg-Vorpommern durch ein integriertes One Health Surveillance-Response-System

*PD Dr. Kerstin Wernike, Dr. Pavlo Maksimov und Prof. Dr. Fabian Leendertz für das WiMoPOH-Projektteam**

FLI, Institut für Virusdiagnostik (IVD) und Institut für Epidemiologie (IfE), Helmholtz-Institut für One Health (HIOH)

Kerstin Wernike (© W. Maginot, FLI)

Gesundheit und Wohlbefinden, sei es die oder das persönliche, einer Gesellschaft oder von Haus- und Nutztieren, traten in den letzten Jahren immer mehr in den Fokus der Öffentlichkeit. Mit dem Nachweis des Coronavirus SARS-CoV-2 in den nordamerikanischen Weißwedelhirschpopulationen oder dem in Deutschland gehäuften Auftreten von Fällen der Frühsommermeningoenzephalitis (FSME) bei Menschen, für das ein Zusammenhang mit einer geänderten Freizeitgestaltung in der Natur während der Pandemie vermutet wird, gewann auch die Einordnung der Rolle von Wildtieren immer mehr an Bedeutung. Wildtiere könnten Reservoir- oder Amplifikationswirte für diverse Pathogene darstellen und damit eine mögliche Quelle von Infektionen in der Humanbevölkerung oder unseren Nutztierpopulationen bilden. Das Pathobiom unserer heimischen Wildtiere ist allerdings bislang weitestgehend unbekannt.

Im Rahmen des im August 2023 gestarteten WiMoPOH-Projektes wird daher gemeinsam mit lokalen Jägerinnen und Jägern sowie Jagdverbänden ein Probennahmenetzwerk etabliert, um kontinuierlich Daten und biologische Proben von Wildschweinen, Wildwiederkäuern und Wildkarnivornen zu sammeln. Bei den biologischen Proben wird es sich um Blut, Tupfer, Kot und, falls möglich, Gewebe der erlegten Tiere handeln. Die gewonnenen Wildtierproben werden im Anschluss in enger Zusammenarbeit von FLI und HIOH serologisch, virologisch, bakteriologisch und parasitologisch hinsichtlich des Vorhandenseins und gegebenenfalls der Ausbreitung von ausgewählten Krankheitserregern getestet (Abb.). Einen weiteren Schwerpunkt bilden Untersuchungen zu spezifischen Antibiotikaresistenzen bzw. zum Resistom. Ausgewählte Proben werden darüber hinaus mittels ungerichteter Methoden wie der Gesamtmetagenomsequenzierung (engl.: whole metagenome sequencing) untersucht, um das Wildtier-assoziierte Pathobiom und eventuell in unseren heimischen Wildtierpopulationen auftretende, bisher unbekannte Erreger zu identifizieren.

Der Fokus der Probensammlung liegt in Mecklenburg-Vorpommern (M-V). Im Laufe des Projektes werden aber, basierend auf bereits existierenden Netzwerken, weitere Bundesländer einbezogen. Dies erlaubt Vergleiche zwischen verschiedenen Regionen innerhalb Deutschlands und Untersuchungen zur Verbreitung von möglicherweise während der Untersuchungen in M-V neu entdeckten Erregern.

Die Erregerüberwachung bei Wildtieren ermöglicht die Identifizierung relevanter Pathogene sowie gegebenenfalls ihrer antimikrobiellen Resistenzmuster und erlaubt damit Rückschlüsse auf eventuelle Reservoirwirte für spezifische Zoonose- oder Tierseuchenerreger. Zusammen mit epidemiologischen Daten, z. B. an den Schnittstellen zwischen Mensch, Nutztier und Wildtier, ermöglichen derartige Studien ein besseres Verständnis von Gesundheitsgefahren, Risikofaktoren und Übertragungswegen. Sie bilden somit die Grundlage für eine bessere Prävention für Haus-, Nutztiere und Menschen, beispielsweise durch die Reduzierung der identifizierten Risiken und Gefahren. Insofern freuen wir uns sehr auf die gemeinsame Bearbeitung des aktuellen und spannenden Themas und sind gespannt auf die Projektergebnisse, über die wir selbstverständlich zu gegebener Zeit informieren werden.

**Projektteam: Martin Beer (IVD), Hannes Bergmann (IfE), Martin Eiden (INNT), Martin Groschup (INNT), Timo Homeier-Bachmann (IfE), Fabian Leendertz (HIOH), Pavlo Maksimov (IfE), Kathrin Nowak (HIOH), Carola Sauter-Louis (IfE), Gereon Schares (IfE), Katharina Schaufler (HIOH), Katja Schulz (IfE), Kerstin Wernike (IVD), Josefine Wassermann (IfE), Sophia Ziegler (IVD)*

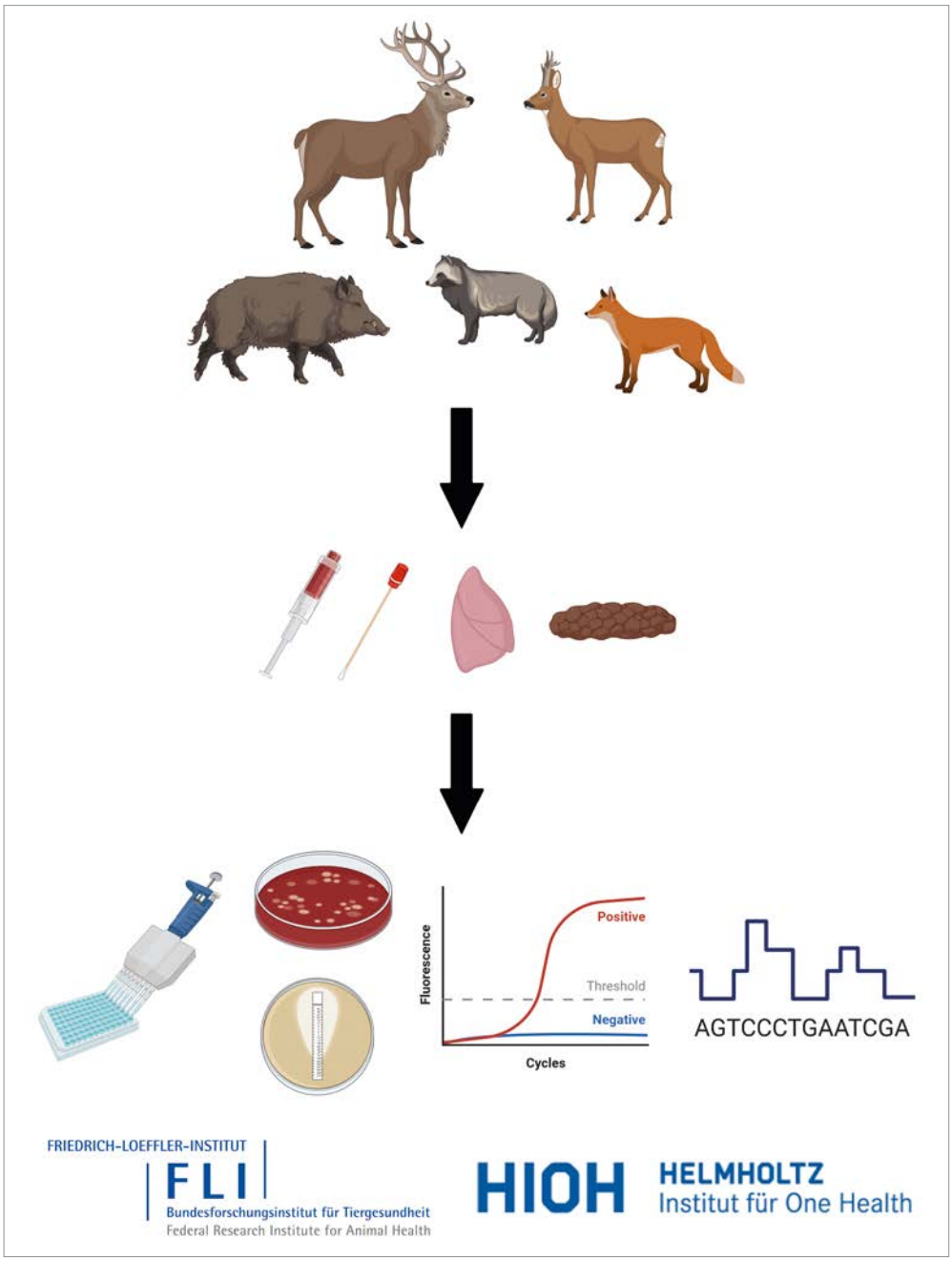


Abb.: Im Rahmen des WiMoPOH-Projektes werden biologische Proben von Wildschweinen, Wildwiederkäuern und Wildkarnivornen gesammelt und in enger Zusammenarbeit von FLI und HIOH serologisch, virologisch, bakteriologisch und parasitologisch untersucht. (© BioRender)

Jenaer-Salmonella-Workshop

Prof. Dr. Thilo M. Fuchs und PD Dr. Ulrich Methner

FLI, Institut für molekulare Pathogenese (IMP) und
Institut für bakterielle Infektionen und Zoonose (IBIZ)

Thilo M. Fuchs
(© W. Maginot, FLI)

Auf Einladung des FLI fand vom 27.-29. September 2023 ein *Salmonella*-Workshop in den historischen Rosensälen der Friedrich-Schiller-Universität in Jena statt. Ziel des Workshops war es, Vertreterinnen und Vertreter der Landesuntersuchungsämter und der Tiergesundheitsdienste, des RKI, des BfR, des FLI sowie universitärer Einrichtungen zusammenzubringen.

Die Themenschwerpunkte umfassten Aspekte zur Epidemiologie, Überwachung und Bekämpfung sowie zur Pathogenese von *Salmonella*-Infektionen beim Menschen, landwirtschaftlichen Nutztieren und Wildtieren.

Berichte zur *Salmonella*-Situation beim Menschen, Tieren und Lebensmitteln zeigten sehr deutlich die enormen Erfolge bei der Bekämpfung von Salmonellen von der tierischen Primärproduktion über die Verarbeitung von Lebensmitteln bis zu den Verbraucherinnen und Verbraucher. In allen Bereichen führten die etablierten und effektiven Überwachungs- und Kontrollprogramme in den letzten Jahren zu einer sehr starken Reduzierung der *Salmonella*-Prävalenz.

Trotz dieser Erfolge gibt es aktuelle Schwerpunkte der *Salmonella*-Epidemiologie bei den landwirtschaftlichen Nutztieren, die in mehreren Beiträgen dargestellt und intensiv diskutiert wurden. Beim Geflügel standen die nach wie vor große Bedeutung von *Salmonella*-Enteritidis bei Legehennen, aktuell im Zusammenhang mit der deutlich verlängerten Haltungsdauer der Hennen sowie die besonderen Herausforderungen bei der Bekämpfung der neuen, multiresistenten Variante von *Salmonella* Infantis bei Masthähnchen im Mittelpunkt. Bei Rindern wurden die Besonderheiten und die möglichen Ursachen des endemischen Auftretens der wirtsadaptierten Serovar *Salmonella* Dublin in bestimmten Bundesländern dargestellt. Darüber hinaus wurden Fragen und mögliche Vorgehensweisen bei der zukünftigen Bekämpfung der Salmonellose der Rinder besprochen. Beim Schwein wurde die international nicht-einheitliche Vorgehensweise bei der Bekämpfung von *Salmonella*-Infektionen dargestellt, mögliche Ansätze zur Verbesserung von Interventionsmaßnahmen wurden intensiv diskutiert. Als Voraussetzung für eine weitere Reduzierung der *Salmonella*-Prävalenz beim Schwein wurde die Notwendigkeit der Einbeziehung der Zuchtebene in die Bekämpfungsstrategie betont.

Ein besonderer Schwerpunkt des Workshops waren die mit dem Einsatz des Next-Generation-Sequencing einhergehenden Möglichkeiten zur Erregercharakterisierung und zur Analyse von Infektionsgeschehen und Ausbrüchen beim Menschen und bei Nutztieren. Diese Technologie entwickelt sich sehr schnell weiter, ihre umfangreiche Nutzung in der amtlichen Überwachung von Salmonellen wird bereits in Validierungsstudien und Ringversuchen vorbereitet.

Auch die Problematik der Entstehung von antimikrobiellen Resistenzen kam umfänglich zur Sprache. Ein Höhepunkt auf der molekularbiologischen Seite waren höchst illustrative Vorträge zur Komplexität und Dynamik der Flagellensynthese und -funktion, die einmal mehr betonten, welch hohen Aufwand Bakterien für ihre Motilität betreiben müssen. Außerdem wurde ein neuartiges Sekretionssystems (T10SS) auf der Basis von Phagen-ähnlichen Lysiskassetten vorgestellt, mit dem insbesondere *Salmonella* Typhi und *Salmonella* Paratyhi das Typhoid-Toxin und Cytolysin A aus der Zelle befördern. Demonstriert wurden auch die Tricks der Salmonellen, sich während einer Infektion genügend Nährstoffe und Metallionen zu sichern.

Kurze Wege und Nachhaltigkeit wurden in Jena großgeschrieben, denn die allseits gelobte Organisation des Workshops, der durch die Zoonose-Plattform maßgeblich unterstützt wurde, legte besonderen Wert darauf, dass nicht mehr Lebensmittel beim Catering und den Abendveranstaltungen angeboten wurden als am Ende auch verzehrt werden konnten. Das Fazit der Teilnehmerinnen und Teilnehmer lautete: Die Reise hat sich sehr gelohnt, es konnten viele neue Kontakte geknüpft werden und für die Zukunft der Arbeit mit Salmonellen gibt es mehr als genug zu tun.

Nipahvirus als der nächste Pandemie-Erreger? Was weiß man über das Nipahvirus?

Dr. Sandra Diederich und PD Dr. Anne Balkema-Buschmann

FLI, Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger (INNT)

Sandra Diederich (© W. Maginot, FLI)

Anne Balkema-Buschmann (© M. Pfau, FLI)

Nachdem im September dieses Jahres im Kozhikode Distrikt in Indien zwei Todesfälle auf eine Nipahvirus-Infektion zurückgeführt werden konnten, waren die Behörden in Indien alarmiert. Kontakte wurden nachverfolgt, Schulschließungen und Kontaktbeschränkungen wurden angeordnet. In unseren Medien wurde spekuliert: Ist das Nipahvirus ein neuer Pandemie-Erreger? Was wissen wir über das Nipahvirus?

Wo kommt das Nipahvirus vor? Wie wird es übertragen?

Das Nipahvirus gehört zur Familie der *Paramyxoviridae* (Gattung *Henipavirus*) und ist ein behülltes Virus mit einem einzelsträngigen RNA-Genom negativer Polarität. Es handelt sich um ein hochpathogenes Virus mit einem für Paramyxoviren ungewöhnlich breiten Wirtsspektrum. Das Nipahvirus ist gemäß Biostoffverordnung der höchsten Risikogruppe 4 zugeordnet.

Erstmals beschrieben wurde das Nipahvirus nach einem Ausbruch 1998/99 in Malaysia und Singapur. Hier kam es zu fieberhaften respiratorischen Erkrankungen bei Schweinen, wobei auch einige der betroffenen Tiere zentralnervöse Symptome zeigten. Zeitgleich wurden humane Infektionen mit grippeähnlichen und starken neurologischen Symptomen (Enzephalitiden) beobachtet, die in etwa 40 Prozent der Fälle tödlich verliefen. Epidemiologische Untersuchungen ergaben, dass fast ausschließlich Farm- und Schlachthofmitarbeitende von diesen Infektionen betroffen waren, und dass der Erreger vom Schwein als Zwischenwirt nach direktem Kontakt mit infizierten Tieren oder deren Körperflüssigkeiten (Speichel, Urin, Blut) auf den Menschen übertragen wurde.

Seit 2001 kommt es fast jährlich zu Nipahvirus-Ausbrüchen in Bangladesch und Indien. Hier wird das Nipahvirus vom Reservoirwirt, Pteropus-Flughunden, direkt durch den Verzehr von kontaminiertem Dattelpalmsaft oder kontaminierten Früchten auf den Menschen übertragen. Beim Bangladesch-Stamm des Nipahvirus werden regelmäßig auch Mensch-zu-Mensch-Übertragungen beobachtet.

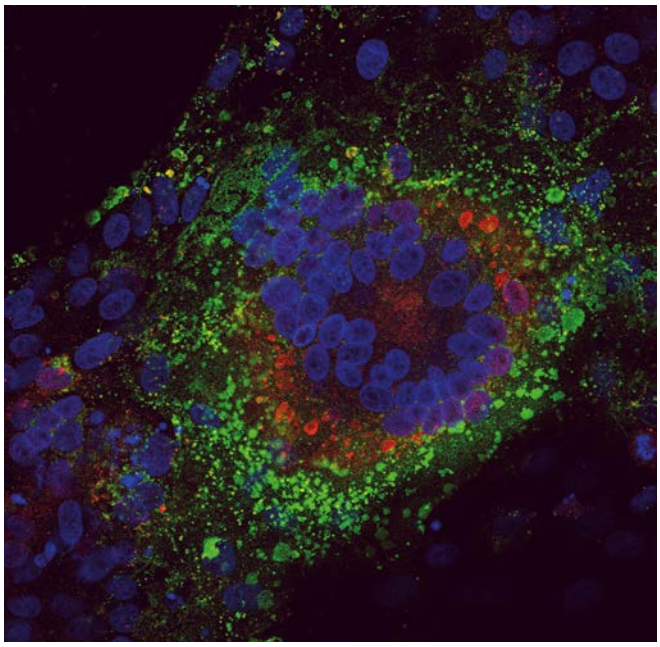


Abb.: Immunfluoreszenzanalyse einer Nipahvirus-infizierten, vielkernigen Riesenzelle (sog. Synzytium). Die Zellkerne sind blau, das virale Nukleoprotein rot und das virale Fusionsprotein grün gefärbt. (© S. Diederich, K. Fischer, FLI)

Bis dato beschränken sich die Nipahvirus-Ausbrüche auf Südostasien. Serologische Untersuchungen lassen jedoch vermuten, dass nah verwandte schwach-pathogene Henipaviren in Afrika und Südamerika zirkulieren.

Welche Krankheitssymptome zeigen infizierte Tiere und Menschen? Wie wird die Infektion bestätigt?

Flughunde dienen als Virusreservoir und zeigen keine klinischen Symptome.

Die Mehrzahl der Infektionen bei Schweinen verläuft asymptomatisch. Klinisch kranke Tiere zeigen akutes Fieber, erschwerte Atmung und neurologische Symptome wie Zittern, Zuckungen und Muskelkrämpfe. Der klinische Verlauf der Krankheit variiert je nach Alter. Sauen entwickeln eher eine neurologische Erkrankung, während Ferkel und Läuferschweine überwiegend respiratorische Symptome mit heftigem, laut bellendem Husten („one mile cough") zeigen. Mit Ausnahme von jungen Ferkeln ist die Sterblichkeit bei Schweinen gering (< 5 Prozent).

Eine Nipahvirus-Infektion kann auch beim Menschen asymptomatisch verlaufen. Häufiger führt sie jedoch zu Fieber, Muskelschmerzen und Erbrechen bis hin zu Lungenentzündung und Enzephalitis. Chronische neurologische Symptome und rezidivierende oder wiederkehrende Enzephalitis mit starken Kopfschmerzen, Benommenheit, unklarer Sprache bis hin zu Ohnmacht und Koma wurden ebenfalls beschrieben. Je nach Virusstamm kann die Mortalität beim Menschen zwischen 40 und 100 Prozent erreichen.

Weiterhin sind Hamster, Frettchen, Katzen, Hunde, Ziegen und Pferde empfänglich für eine Nipahvirus-Infektion. Sie entwickeln ebenfalls respiratorische und/oder neurologische Symptome.

Der Erregernachweis erfolgt während der akuten Krankheitsphase mittels RT-qPCR aus dem Blut und anderen Körperflüssigkeiten, insbesondere Serum, Liquor, Sputum, respiratorischen Sekreten oder Urin. In der Serologie ist ein Nachweis spezifischer Antikörper ab dem siebten bis neunten Krankheitstag möglich.

Gibt es Medikamente oder einen Impfstoff?

Es gibt derzeit keine zugelassenen Impfstoffe oder Medikamente zur Prävention bzw. Behandlung einer Nipahvirus-Infektion. Der humane monoklonale Antikörper m102.4, der das Nipahvirus effektiv in vitro neutralisiert, wurde in in vivo Experimenten u.a. an infizierten Primaten erfolgreich zur Behandlung eingesetzt. Eine klinische Studie der Phase 1 wurde mittlerweile ebenfalls erfolgreich abgeschlossen.

Für das nah verwandte Hendravirus, welches in Australien vorkommt und von Flughunden über das Pferd auf den Menschen übertragen werden kann, existiert ein kommerzieller Impfstoff (Equivac®HeV) für die Anwendung beim Pferd.

Das Nipahvirus wird auf der WHO R&D Blueprint Liste der Krankheitserreger mit epidemischem oder pandemischem Potenzial geführt. Zu den hier genannten Erregern betont die WHO einen besonderen Forschungsbedarf hinsichtlich Therapie- und Vakzine-Optionen. Mittlerweile gibt es weltweit viele Forschungsaktivitäten hinsichtlich eines Impfstoffs gegen das Nipahvirus. Auch das INNT ist Partner in einem EU-Konsortium (EU-VICI-DISEASE) zur Entwicklung eines Nipahvirus-Impfstoffs, welches Ende 2023 startet.

Welche Bekämpfungsstrategien gibt es?

Eine frühzeitige Erkennung eines Ausbruchs bei Tieren ist wichtig, um das Risiko für eine Übertragung auf den Menschen zu minimieren und damit schwerwiegende Krankheitsverläufe zu verhindern. Gleichzeitig trägt eine frühzeitige Erkennung dazu bei, den Eintrag sowie die Ausbreitung innerhalb einer Schweinehaltung zu vermeiden und somit die Folgeschäden zu minimieren.

Ein wichtiger Risikofaktor für sogenannte Spillover-Infektionen ist das zunehmende Eindringen des Menschen und seiner Nutztiere in den Lebensraum der Flughunde. Eine effektive Abgrenzung von Schweinehaltungen gegen den Eintrag potenziell kontaminierter Früchte etc. ist daher essentiell.

Ein weiterer Baustein in der Infektionsprävention ist die Aufklärung der in den betroffenen Gebieten lebenden Menschen über Übertragungsmechanismen. Dabei kann es eine Herausforderung sein, Gewohnheiten aufgrund möglicher Infektionsrisiken anzupassen, wie z. B. den Verzehr von rohem Dattelpalmsaft zu unterlassen, der häufig durch Flughundsekrete (Speichel, Urin) verunreinigt ist.

Abb.: Pteropus Flughund in Bairnsdale, Australien. Pteropus Flughunde gelten als der Reservoirwirt für Henipaviren. (© E. Reinking)

Abb.: Gruppe von Graukopfflughunden in Bairnsdale, Australien. (© E. Reinking)

… und der Ausbruch in Indien? Die Gefahr für uns in Europa?

Zwischen dem 12. und 15. September 2023 wurden in Kerala, im Kozhikode Distrikt, sechs Nipahvirus-Infektion bestätigt, zwei der Patienten verstarben. Zwischenzeitlich wurden über 1288 Kontaktpersonen identifiziert und untersucht. Seit dem 16. September 2023 wurden keine weiteren Fälle gemeldet, und am 27. September wurden alle Sperren wieder aufgehoben. Somit scheinen die frühen Bekämpfungs- und parallel laufenden Aufklärungsmaßnahmen den Ausbruch schnell eingedämmt zu haben.

Die Gefahr einer Ausbreitung des Nipahvirus nach und in Europa ist gering. Flughunde, die das Virus in sich tragen können, kommen hier nicht vor. Selbst der Eintrag des Virus nach Europa über einen infizierten Menschen macht eine Ausbreitung sehr unwahrscheinlich, da eine Mensch-zu-Mensch-Übertragung nur bei engem Kontakt stattfindet. Grundsätzlich stellen drastischen Maßnahmen wie in Kerala getroffen aber sicher, dass eine Virusausbreitung direkt gestoppt wird.

Auswertung der Laborvergleichsuntersuchungen zur Tollwut-Diagnostik 2023

Dr. Conrad Freuling und Dr. Thomas Müller

FLI, Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie (IMVZ)

Conrad Freuling
(© W. Maginot, FLI)

Thomas Müller
(© W. Maginot, FLI)

Während weltweit die Tollwut nach wie vor verbreitet ist und Hundebisse tausende von humanen Todesfällen, besonders in Asien und Afrika hervorrufen, sind in Deutschland autochthone Tollwutfälle durch den Erreger der klassischen Tollwut (RABV) seit 2006 nicht mehr detektiert worden. Grundlage dieser bemerkenswerten Erfolgsgeschichte der Tierseuchenbekämpfung waren Tollwutbekämpfungsprogramme basierend auf der oralen Immunisierung von Rotfüchsen, die seitens der Kommission der Europäischen Union (EU) technisch und finanziell unterstützt wurden. Das Gebiet, in dem Tollwut erfolgreich getilgt werden konnte, umfasst inzwischen mehr als 98 Prozent des EU-Territoriums, wobei an den östlichen EU-Außengrenzen ein Impfgürtel aufrechterhalten werden muss. In diesen Gebieten können immer noch vereinzelt Tollwutfälle infolge des Infektionsdrucks aus den östlichen Nachbarländern auftreten.

Dennoch muss eine verlässliche Tollwutdiagnostik nach wie vor gewährleistet sein, um den Nachweis der Tollwutfreiheit zu erbringen und um Verdachtsfälle differentialdiagnostisch abzuklären bzw. Fledermaustollwut sicher festzustellen zu können. In Deutschland sind von den bisher 17 bekannten fledermaus-assoziierten Lyssaviren die Europäischen Fledermaustollwutviren Typ 1 und 2 (EBLV-1, EBLV-2) und das Bokeloh Fledermaustollwutvirus (BBLV) nachgewiesen worden.

Bei den diesjährigen Laborvergleichsuntersuchungen standen der Antigennachweis (Immunfluoreszenstest, IFT) sowie der Nachweis lyssaviraler RNA mittels RT-PCR im Vordergrund. Um die Kosten für den Versand möglichst niedrig zu halten, wurde nur inaktiviertes Material zur Verfügung gestellt, so dass die Virusisolierung in diesem Jahr nicht Bestandteil der Vergleichsuntersuchungen sein konnte. Insgesamt nahmen in diesem Jahr 23 Untersuchungseinrichtungen der Bundesländer, die Bundeswehr sowie die nationalen Referenzlabore aus Österreich und dem Vereinigten Königreich teil.

Ringversuchsproben

Als Grundlage für die IFT-Testproben dienten Gehirnhälften von experimentell mit EBLV-1, EBLV-2 und BBLV infizierten Mäusen. Zudem wurden natürlich tollwut-infizierte (RABV) Gehirne unverdünnt und verdünnt eingesetzt. Als negative Testproben dienten Gehirnproben naiver Tiere aus früheren Infektionsexperimenten. Von insgesamt zehn Proben wurden jeweils drei Abklatschpräparationen je nummeriertem Objektträger angefertigt, fixiert, inaktiviert und bei -20 °C bis zum Transport gelagert.

Für den molekularen Nachweis von Tollwut wurden Zellkulturüberstände von RABV, EBLV-1, EBLV-2 und BBLV infizierten Zellen in TriFast® zur Inaktivierung überführt.

Die Praktikabilität des Verfahrens sowie die Inaktivierung der Proben wurden vorab in mehreren Durchläufen geprüft. Im Mai 2023 wurden die Proben als nicht-infektiöses Material an die Untersuchungseinrichtungen der Länder übersandt.

Ergebnisse

Die Identifizierung der Ringversuchsproben im IFT bereitete den Teilnehmenden kaum Schwierigkeiten. Fast alle Proben wurden im IFT richtig erkannt; dabei zeigten sich bis auf einzelne Abweichungen im Mittel keine großen Unterschiede bei den einzelnen Lyssaviren hinsichtlich der Intensität der im IFT beobachteten Fluoreszenzen. In jeweils einem Fall wurde eine Negativkontrolle als positiv bzw. eine positive Probe als negativ beurteilt. Probe 10 war auch am Nationalen Referenzlabor (NRL) für Tollwut des FLI so schwach im Nachweis, dass das richtige Erkennen dieser Probe nicht in die abschließende Beurteilung eingeflossen ist (Abb. 1).

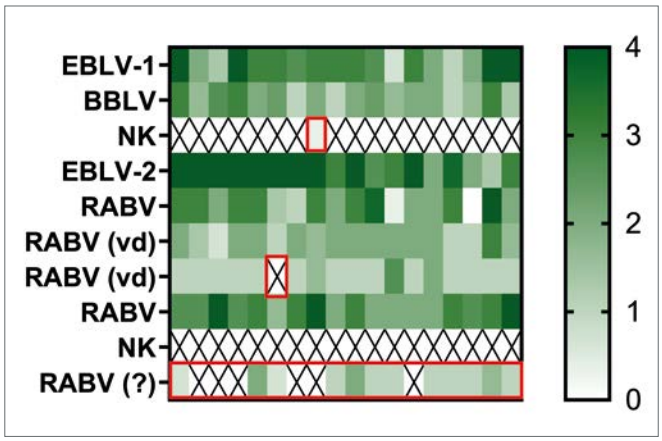


Abb. 1: Vergleich der IFT-Untersuchungen (Intensität der nachgewiesenen Fluoreszenz) der teilnehmenden Untersuchungseinrichtungen (vertikale Spalten)

Als RT-PCRs wurden überwiegend die am FLI entwickelten RT-PCRs nach Fischer et al. (2014) verwendet, die als Multiplex-RT-PCRs zum sicheren Nachweis und Identifizierung der einzelnen Lyssaviren führten. Zwar zeigten die ct-Werte der Ringversuchsproben der Teilnehmenden im Vergleich zum NRL für Tollwut je nach etablierter Methode eine z. T. erhebliche Schwankungsbreite, dies führte aber nur zu sehr wenigen inkorrekten Befunden (Abb. 2).

Zusammenfassend ist festzustellen, dass die Ergebnisse der Laborvergleichsuntersuchungen die hohe Qualität der Tollwutdiagnostik an den Untersuchungseinrichtungen unterstreichen. Der Anteil der inkorrekten Ergebnisse lag bei unter einem Prozent und damit weit unter dem Wert, der bei Laborvergleichsuntersuchungen durch das EU-RL bei europäischen Laboren auftrat. Die gewählte Herangehensweise der Inaktivierung hat sich als praktikabel erwiesen. Das NRL für Tollwut erwägt diese Form der Probenaufbereitung und -inaktivierung sowie des -versandes in Zukunft auch für Laborvergleichsuntersuchungen im internationalen Kontext, insbesondere in Afrika, anzuwenden. An dieser Stelle möchten wir uns bei unserer Kollegin Jeannette Kliemt für die Vorbereitung des Laborvergleichstests sowie bei allen Teilnehmenden für die konstruktive Zusammenarbeit bedanken.

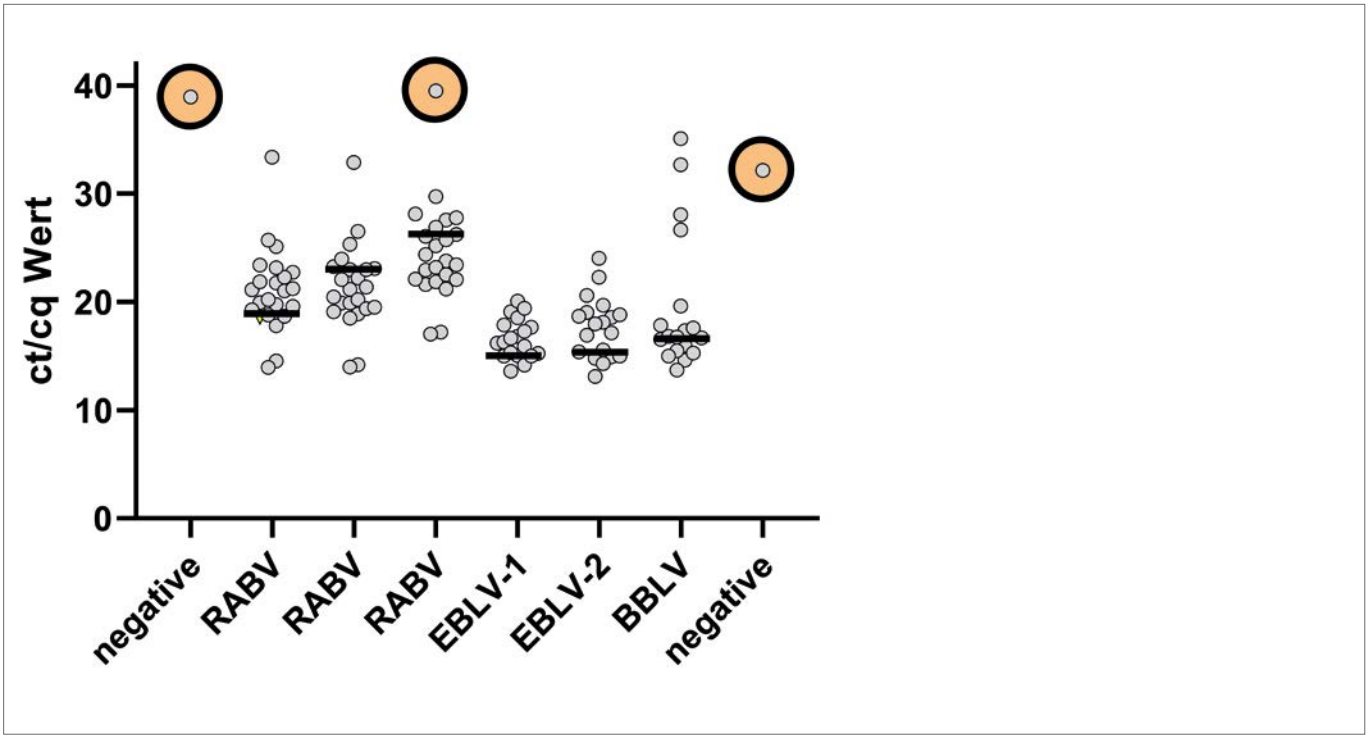


Abb. 2: Vergleich der Ergebnisse der RT-PCR-Untersuchungen (Ct-Werte, verschiedene Assays) der teilnehmenden Untersuchungseinrichtungen für die einzelnen Proben mit denen vom FLI (Fischer et al. 2014 Multiplex, Balken). Inkorrekte Befunde sind hervorgehoben.

Prof. Dr. Christa Kühn

Erste Präsidentin des FLI

Zum 1. Juli 2023 trat Prof. Dr. Kühn ihr Amt als erste Präsidentin des FLI an. Die Tierärztin wuchs auf einem landwirtschaftlichen Betrieb in der Nähe des niedersächsischen Melle auf, studierte und promovierte an der Tierärztlichen Hochschule Hannover, arbeitete in einer tierärztlichen Praxis mit Schwerpunkt Bestandsbetreuung Rind und Schwein und forschte danach von 1992 bis zum Amtsantritt beim FLI im Forschungsinstitut für Nutztierbiologie (FBN) in Dummerstorf. Ihre Habilitation erlangte sie an der Agrar- und Umweltwissenschaftlichen Fakultät der Universität Rostock. Hier lehrt sie seit 2014 als Professorin in Genetik der Krankheitsresistenz bei landwirtschaftlichen Nutztieren.

Forschungsschwerpunkte von Christa Kühn liegen in der Nutztiergenetik, Nutztierzucht, Krankheitsresistenz, Genomanalyse und Molekulargenetik.

Christa Kühn (© M. Jörn, FLI)

Elke Reinking: *Frau Professor Kühn, der LAB-Loeffler richtet sich primär an die Veterinärlabore der Bundesländer und an freie Labore, die beim FLI-Thema Tierseuchen eine wichtige Säule sind. Als Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit hat das FLI natürlich auch die klassischen Themen Tierernährung, Nutztiergenetik sowie Tierschutz und Tierhaltung im Programm. Welche Akzente möchten Sie bei den vielfältigen Themen zukünftig setzen?*

Christa Kühn: *Als Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit möchte ich den Blick auf die Interaktion von Wirt und Pathogen lenken. Welche Interaktionen bestehen zwischen Faktoren auf der Wirtsseite (z. B. Fütterung, Haltung, Zucht) und denen der Pathogene? Warum verlaufen Infektionen so unterschiedlich zwischen nahe verwandten Spezies oder auch sogar innerhalb einer Art – was treibt das von Pathogenseite, was von Wirtsseite an? Für die Beantwortung dieser Fragen, aus denen sich wichtige Ansätze für Management, Prophylaxe und Therapie in der Tierhaltung ergeben, ist das FLI mit seinen verschiedenen Instituten sehr gut aufgestellt. Die entsprechende interdisziplinäre Forschung gilt es weiter voranzutreiben, um einerseits wissenschaftlich fundierte Lösungsvorschläge geben zu können für die Anforderungen, die sich auch aus der Notwendigkeit einer Transformation in der Nutztierhaltung ergeben. Und um andererseits mit exzellenter Grundlagenforschung die Basis zu legen für ganz neuartige Handlungsoptionen, auch zum Schutz des Menschen vor Zoonosen, an die wir jetzt noch gar nicht denken.*

Elke Reinking: *Die Referenzlabore des FLI und die Veterinärlabore der Bundesländer arbeiten seit Jahren eng miteinander zusammen und sind sehr gut vernetzt – wird dies weiterhin eine hohe Priorität haben?*

Christa Kühn: *Natürlich wird der Markenkern des FLI auch weiterhin die Kombination von exzellenter Forschung und daraus resultierender hoher Kompetenz und schneller Reaktionsfähigkeit in Bezug auf Tierseuchenerreger sein. Dieser Markenkern wird auch bei mir weiterhin hohe Priorität haben, und die Referenzlabore des FLI werden den engen Kontakt und Austausch mit den Veterinärlaboren der Bundesländer pflegen.*

Elke Reinking: *Noch eine Frage aus der Sicht der Veterinärdiagnostik: Welche Tierseuche ist für Sie die spannendste?*

Christa Kühn: *Die Spannendste ist eigentlich die, die wir noch gar nicht kennen. Durch die enormen Fortschritte in der Metagenomik sehen wir zunehmend, dass wir bislang nur einen Bruchteil der Pathogene halbwegs kennen. Das in Kombination mit unserer globalen Vernetzung und den Habitatverschiebungen von Vektoren, wird uns sicher in Zukunft eine Reihe von Anforderungen in der Diagnostik bringen. Als Genetikerin finde ich Retroviren besonders spannend, weil sie es so umfassend geschafft haben, sich in die Genome von Tieren einzubauen, dass sie darin zu wichtigen Elementen der Genregulation und Biodiversität ihrer Wirte geworden sind.*

KURZNACHRICHTEN

Kerstin Wernike als Vorstand der Fachgruppe AVID-Virologie bestätigt

Auf der 41. Arbeits- und Fortbildungstagung der Fachgruppe Arbeitskreis für veterinärmedizinische Infektionsdiagnostik (AVID) „Virologie" der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft e. V. in Kloster Banz Mitte September 2023 wurde PD Dr. Kerstin Wernike (Institut für Virusdiagnostik des FLI) erneut in den AVID-Vorstand gewählt und als Vorsitzende bestätigt. Die Leiterin des Nationalen Referenzlabors (NRL) für Schmallenberg-Virus, des WOAH Referenzlabors für Bovine Virusdiarrhoe und NRLs für Bovine Virusdiarrhoe/ Mucosal Disease sowie stellvertretende Leiterin des NRLs für SARS-CoV-2-Infektionen bei Tieren nahm die Wahl dankend an und freut sich auf eine weiterhin gute Zusammenarbeit.

Martin Beer zum Vizepräsidenten des FLI bestellt

Bundeslandwirtschaftsminister Cem Özdemir bestellte Anfang November 2023 Prof. Dr. Martin Beer zum neuen Vizepräsidenten des Friedrich-Loeffler-Instituts. Seit 2004 leitet Martin Beer das Fachinstitut für Virusdiagnostik am FLI-Hauptstandort Insel Riems. FLI-Präsidentin Prof. Dr. Christa Kühn sieht in der Bestellung des Fachtierarztes für Mikrobiologie und Virologie und anerkannten Virologen eine sehr gute fachliche Kombination zu ihrer Expertise in Tierzucht und Nutztiergenetik für die zukünftige Leitung des FLI. Von Oktober 2022 bis November 2023 nahm Prof. Dr. Lars Schrader, Leiter des Fachinstituts für Tierschutz und Tierhaltung in Celle, befristet das Amt des FLI-Vizepräsidenten wahr. Für seinen Einsatz für die Belange des FLI bedankte sich Prof. Dr. Christa Kühn herzlichst.

NRL-Arbeitstagung in Jena

Vom 24. bis 26. April 2024 richten die Nationalen Referenzlabore Chlamydiose, Lungenseuche der Rinder, Q-Fieber, Rauschbrand, Paratuberkulose und Tuberkulose der Rinder in Jena eine gemeinsame Arbeitstagung zu den Themen Chlamydien, Mykoplasmen, Coxiellen, Clostridien und Mykobakterien aus.

Die Tagung wird in Kooperation mit der Fachgruppe Bakteriologie und Mykologie der Deutschen Veterinärmedizinischen Gesellschaft (DVG e. V.) veranstaltet und richtet sich insbesondere an die Mitarbeitenden von veterinär- und humanmedizinischen Untersuchungseinrichtungen, Tiergesundheitsdiensten sowie praktizierende Tierärztinnen und Tierärzte, Ärztinnen und Ärzte und weitere Interessierte.

Thematische Schwerpunkte der Tagung sind Neuerungen in der Diagnostik, aktuelle Daten zum Vorkommen der Erreger und der Erkrankungen sowie Monitoring- und Bekämpfungsstrategien. Insbesondere der Austausch von Erfahrungen und Ergebnissen mit Kolleginnen und Kollegen soll hiermit ermöglicht werden.

Sie sind herzlich eingeladen, das Programm der Tagung mit einem eigenen Beitrag mitzugestalten. Obwohl die Veranstaltung im Hybridformat geplant ist, würden wir uns freuen, möglichst viele Teilnehmerinnen und Teilnehmer und insbesondere die Vortragenden persönlich in Jena begrüßen zu können.

Weitere Informationen finden Sie auf der Veranstaltungsseite:
https://nrl-arbeitstagung.fli.de/de/2024

Die Anmeldung zur Tagung und die Einreichung von Vortragstiteln und Abstracts sind dort bereits möglich. Bitte melden Sie sich rechtzeitig an, denn die Anzahl der Präsenzplätze ist begrenzt.

Einreichungsfrist für Beiträge: 31.01.2024
Early bird-Anmeldung: bis 14.02.2024

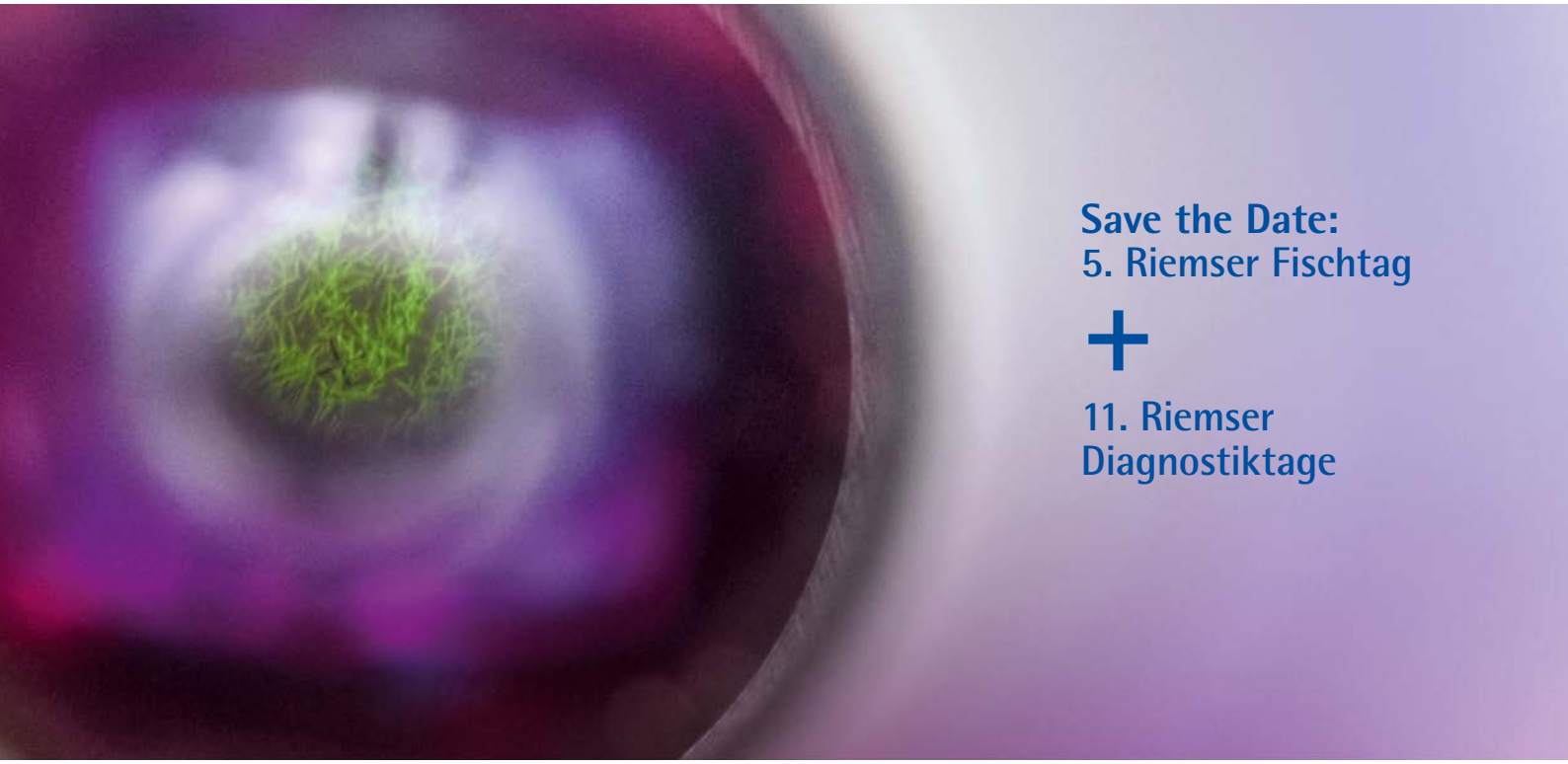
Wir freuen uns auf einen regen Austausch in Jena!

KURZNACHRICHTEN

Für 2024 geplante Laborvergleichsuntersuchungen des FLI

			2024				Ansprechpartner
NRL	**Methode**	**Prüfgegenstand**	**Q1**	**Q2**	**Q3**	**Q4**	**Name**
Kontagiöse Equine Metritis	PCR	DNA-Nachweis		x			Dr. Falk Melzer
Chlamydiose	PCR Serologie (ELISA)	erregerhaltiges Probenmaterial Serum	x x				Dr. Christiane Schnee
IHN, VHS, KHV-I, ISA, EHN	(RT)-(q)PCR, Zellkultur, Sequenzierung	erregerhaltiges Probenmaterial	x				Dr. Heike Schütze
Paratuberkulose	ELISA	Milch		x			Dr. Heike Köhler
TSE	ELISA	Gehirn (Rind, Schaf, Zervide)		x			Dr. Christine Fast
WNV	Serologie (ELISA)	Serum	x	x			Dr. Ute Ziegler
Bienenkrankheiten	Mikrobiologie (Anzucht)	Honig				x	Dr. Marc Schäfer

Stand Oktober 2023



Aus der Zulassungsstelle

Jana Heidrich
(© W. Maginot, FLI)

Alle Informationen der Zulassungsstelle finden Sie auch auf der FLI-Homepage unter www.fli.de in der Rubrik „Service > Zulassungsstelle".

Bei Fragen wenden Sie sich bitte an Dr. Jana Heidrich.
E-Mail: jana.heidrich@fli.de

Erteilung einer Zulassung gemäß § 11 Abs. 2 des Tiergesundheitsgesetzes (05.2023 bis 11.2023)				
Bezeichnung des Mittels	**Art der Anwendung**	**Zul.-Nr.**	**Datum der Zulassung**	**Pharmazeutischer Unternehmer**
QuantFloX Campylobacter jejuni PCR Kit Kurzform: QuantFloX Campylobacter jejuni	real time RT-PCR	FLI-C 119	23.06.2023	INDICAL BIOSCIENCE GmbH D-04103 Leipzig
RealPCR BVDV RNA Test	real time RT-PCR	FLI-B 671	28.08.2023	IDEXX B.V. NL-2132 LR Hoofddorp
ID Gene BVDV/BDV Triplex 2.0 Kurzform: IDBVDV2	real time RT-PCR	FLI-C 130	12.09.2023	Innovative Diagnostics SA F-34790 Grabels
flocktype NDV Ab	ELISA	FLI-C 128	16.10.2023	INDICAL BIOSCIENCE GmbH D-04103 Leipzig

Im **November 2024** findet der 5. Fischtag am FLI sowie das nächste „Familientreffen der Veterinärdiagnostik" statt. Interessierte sollten schon einmal den **20.11.** für den Riemser Fischtag und den **21.–22.11.** für die Riemser Diagnostiktage im Kalender vormerken.

Nationale Referenzlaboratorien (NRLs) am FLI

Für die aufgeführten anzeigepflichtigen Tierseuchen wurden folgende Nationale Referenzlaboratorien benannt:

Tierseuche	Leiter/Leiterin	Fachinstitut	Telefon	E-mail
Affenpocken	PD Dr. D. Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1628	donata.hoffmann@fli.de
Afrikanische Pferdepest	Dr. B. Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1201	bernd.hoffmann@fli.de
Afrikanische Schweinepest	PD Dr. S. Blome	IVD, Insel Riems	038351 7-1144	sandra.blome@fli.de
Amerikanische Faulbrut	Dr. M. Schäfer	IMED, Insel Riems	038351 7-1246	marc.schaefer@fli.de
Ansteckende Blutarmut der Einhufer (Infektiöse Anämie der Einhufer)	Dr. P. König	IVD, Insel Riems	038351 7-1141	patricia.koenig@fli.de
Ansteckende Blutarmut der Lachse (Infektiöse Anämie der Lachse)	N.N.	IMED, Insel Riems		
Aujeszkysche Krankheit	Dr. T. Müller	IMVZ, Insel Riems	038351 7-1659	thomas.mueller@fli.de
Befall mit dem Kleinen Bienenbeutenkäfer (*Aethina tumida*)	Dr. M. Schäfer	IMED, Insel Riems	038351 7-1246	marc.schaefer@fli.de
Befall mit Tropilaelaps-Milbe	Dr. M. Schäfer	IMED, Insel Riems	038351 7-1246	marc.schaefer@fli.de
Beschälseuche der Pferde	Dr. G. Schares	IfE, Insel Riems	038351 7-1544	gereon.schares@fli.de
Blauzungenkrankheit	Dr. B. Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1201	bernd.hoffmann@fli.de
Bovine Herpes Virus Typ 1-Infektion (alle Formen)	Prof. Dr. M. Beer	IVD, Insel Riems	038351 7-1200	martin.beer@fli.de
Bovine Virus Diarrhoe	PD Dr. K. Wernike	IVD, Insel Riems	038351 7-1509	kerstin.wernike@fli.de
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen	Dr. F. Melzer	IBIZ, Jena	03641 804-2466	falk.melzer@fli.de
Ebola Virus Infektionen	Dr. S. Diederich	INNT, Insel Riems	038351 7-1516	sandra.diederich@fli.de
Enzootische Leukose der Rinder	Dr. P. König	IVD, Insel Riems	038351 7-1141	patricia.koenig@fli.de
Epizootische Hämatopoetische Nekrose	N.N.	IMED, Insel Riems		
Epizootische Hämorrhagie der Hirsche	Dr. B. Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1201	bernd.hoffmann@fli.de
Geflügelpest (Aviäre Influenza)	Prof. Dr. T. Harder	IVD, Insel Riems	038351 7-1152	timm.harder@fli.de
Infektiöse Epididymitis bei Schafen & Ziegen	Dr. F. Melzer	IBIZ, Jena	03641 804-2466	falk.melzer@fli.de
Infektiöse Hämatopoetische Nekrose der Salmoniden	Dr. H. Schütze	IMED, Insel Riems	038351 7-1254	heike.schuetze@fli.de
Infektion mit West-Nile-Virus bei einem Vogel oder Pferd	PD Dr. U. Ziegler	INNT, Insel Riems	038351 7-1287	ute.ziegler@fli.de
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	Dr. S. Woelke	IMED, Insel Riems	038351 7-1103	soeren.woelke@fli.de

Lumpy-skin-Krankheit (*Dermatitis nodularis*)	Dr. B. Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1201	bernd.hoffmann@fli.de
Lungenseuche der Rinder	Dr. M. Heller	IMP, Jena	03641 804-2425	martin.heller@fli.de
Maul- und Klauenseuche	Dr. M. Eschbaumer	IVD, Insel Riems	038351 7-1211	michael.eschbaumer@fli.de
Milzbrand	Dr. M. Elschner	IBIZ, Jena	03641 804-2428	mandy.elschner@fli.de
Muschelkrankheiten Infektion mit *Bonamia extiosa, Bonamia ostreae, Marteilia refringens, Microcytos mackini, Perkinsus marinus*	Dr. S. Woelke	IMED, Insel Riems	038351 7-1105	soeren.woelke@fli.de
Newcastle-Krankheit	PD Dr. C. Grund	IVD, Insel Riems	038351 7-1545	christian.grund@fli.de
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	Prof. Dr. T. Harder	IVD, Insel Riems	038351 7-1152	timm.harder@fli.de
Pest der kleinen Wiederkäuer	Dr. B. Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1201	bernd.hoffmann@fli.de
Pferdeenzephalomyelitis (alle Formen)	Dr. M. Keller	INNT, Insel Riems	038351 7-1517	markus.keller@fli.de
Pockenseuche der Schafe und Ziegen	Dr. B Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1201	bernd.hoffmann@fli.de
Rauschbrand	Dr. C. Seyboldt	IBIZ, Jena	03641 804-2295	christian.seyboldt@fli.de
Rifttal-Fieber	Dr. M. Eiden	INNT, Insel Riems	038351 7-1189	martin.eiden@fli.de
Rinderpest	Dr. B. Hoffmann	IVD, Insel Riems	038351 7-1201	bernd.hoffmann@fli.de
Rotz	Dr. M. Elschner	IBIZ, Jena	03641 804-2428	mandy.elschner@fli.de
Salmonellose der Rinder	PD Dr. U. Methner	IBIZ, Jena	03641 804-2267	ulrich.methner@fli.de
Schweinepest (klassische Schweinepest)	PD Dr. S. Blome	IVD, Insel Riems	038351 7-1144	sandra.blome@fli.de
Stomatitis vesicularis	Dr. M Eschbaumer	IVD, Insel Riems	038351 7-1211	michael.eschbaumer@fli.de
Taura-Syndrom	PD Dr. U. Fischer	IMED, Insel Riems	038351 7-1105	uwe.fischer@fli.de
Tollwut	Dr. T. Müller	IMVZ, Insel Riems	038351 7-1659	thomas.mueller@fli.de
Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (alle Formen)	Dr. C. Fast	INNT, Insel Riems	038351 7-1274	christine.fast@fli.de
Trichomonadenseuche der Rinder	Dr. L. Sprague	IBIZ, Jena	03641 804-2462	lisa.sprague@fli.de
Tuberkulose der Rinder (*M. bovis, M. caprae*)	Dr. S. Barth	IMP, Jena	03641 804-2270	stefanie.barth@fli.de
Vesikuläre Schweinekrankheit	Dr. M. Eschbaumer	IVD, Insel Riems	038351 7-1211	michael.eschbaumer@fli.de
Vibrionenseuche der Rinder (bovine genitale Campylobacteriose)	Dr. H. H. El-Adawy	IBIZ, Jena	03641 804-2249	hosny.ElAdawy@fli.de
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	Dr. H. Schütze	IMED, Insel Riems	038351 7-1254	heike.schuetze@fli.de
Weißpünktchenkrankheit der Krebstiere	N.N.	IMED, Insel Riems		
Yellowhead Disease	N.N.	IMED, Insel Riems		

NRLs für meldepflichtige Tierkrankheiten

Tierkrankheiten	Leiter / Leiterin	**Fachinstitut**	Telefon	E-mail
Ansteckende Equine Metritis (CEM) (Contagiöse Equine Metritis)	Dr. F. Melzer	IBIZ, Jena	03641 804-2466	falk.melzer@fli.de
Bornavirus-Infektionen der Säugetiere	PD. Dr. D. Rubbenstroth	IVD, Insel Riems	038351 7-1521	dennis.rubbenstroth@fli.de
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	Dr. H. H. El-Adawy	IBIZ, Jena	03641 804-2249	hosny.ElAdawy@fli.de
Chlamydiose	Dr. C. Schnee	IMP, Jena	03641 804-2435	christiane.schnee@fli.de
Echinokokkose	Dr. Pavlo Maksimov	IfE, Insel Riems	038351 7-1892	pavlo.maksimov@fli.de
Equine Virus-Arteritis-Infektion	Dr. P. König	IVD, Insel Riems	038351 7-1141	patricia.koenig@fli.de
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	Dr. W. Fuchs	IMVZ, Insel Riems	038351 7-1258	walter.fuchs@fli.de
Maedi / Visna	Dr. P. König	IVD, Insel Riems	038351 7-1141	patricia.koenig@fli.de
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	Prof. Dr. T. Harder	IVD, Insel Riems	038351 7-1152	timm.harder@fli.de
Paratuberkulose	Dr. H. Köhler	IMP, Jena	03641 804-2240	heike.koehler@fli.de
Q-Fieber	Dr. K. Mertens-Scholz	IBIZ, Jena	03641 804-2499	katja.mertens-scholz@fli.de
SARS-CoV-2-Infektion bei Haustieren	Dr. M. Keller	INNT, Insel Riems	038351 7-1517	markus.keller@fli.de
Schmallenberg-Virus-Infektionen	PD Dr. K. Wernike	IVD, Insel Riems	038351 7-1509	kerstin.wernike@fli.de
Toxoplasmose	Dr. G. Schares	IfE, Insel Riems	038351 7-1544	gereon.schares@fli.de
Tularämie	PD Dr. H. Tomaso	IBIZ, Jena	03641 804-2243	herbert.tomaso@fli.de
Verotoxin bildende *Escherichia coli*	Prof. Dr. C. Menge	IMP, Jena	03641 804-2430	christian.menge@fli.de

Weitere NRLs und Konsiliarlabore am FLI

Tierkrankheit	Leiter/Leiterin	**Fachinstitut**	Telefon	E-mail
Bunyavirale Erkrankungen (Hanta-Virus)	PD Dr. R. Ulrich	INNT, Insel Riems	038351 7-1159	rainer.ulrich@fli.de
Caprine Arthritis und Enzephalitis	Dr. P. König	IVD, Insel Riems	038351 7-1141	patricia.koenig@fli.de
Japanische Enzephalitis	Prof. Dr. M. Groschup	INNT, Insel Riems	038351 7-1163	martin.groschup@fli.de
Krebstierkrankheiten (Krustazeen)[1]	N.N.	IMED, Insel Riems		
Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber	Prof. Dr. M. Groschup	INNT, Insel Riems	038351 7-1163	martin.groschup@fli.de
Muschelkrankheiten (Bilvalvia)[1]	Dr. S. Woelke	IMED, Insel Riems	038351 7-1103	soeren.woelke@fli.de
NIPAH/Hendra Virusinfektion	PD Dr. A. Balkema-Buschmann	INNT, Insel Riems	038351 7-1161	anne.buschmann@fli.de
Konsiliarlabor für Rabbit Haemorrhagic Disease (RHD)-Virus	Dr. P. König	IVD, Insel Riems	038351 7-1141	patricia.koenig@fli.de
Durch Zecken übertragene Krankheiten (ZÜK)	Dr. K. Mertens-Scholz	IBIZ, Jena	03641 804-2499	katja.mertens-scholz@fli.de

[1] Neben den anzeigepflichtigen Tierseuchen der Krebstiere und Muschelkrankheiten sind international bei der WOAH weitere Krankheiten gelistet, *Stand: November 2023*

Impressum

Herausgeber: Friedrich-Loeffler-Institut,
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Redaktion: Prof. Dr. Martin Beer, Elke Reinking

Anschrift der Redaktion:
Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Südufer 10, 17493 Greifswald – Insel Riems
E-Mail: elke.reinking@fli.de

Fotos:
Deckblatt: Flughunde © pixabay
Rückseite: Schaf © FLI

Layout und Satz: Katja von Einsiedel

Druck: WIRmachenDRUCK GmbH, Backnang

LabLoeffler Nr. 27, Ausgabe 2/2023
ISSN 2190-7153

November 2023

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Institut für Epidemiologie
Institut für Immunologie
Institut für Infektionsmedizin
Institut für Internationale Tiergesundheit/One Health
Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie
Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger
Institut für Virusdiagnostik

Südufer 10
17493 Greifswald – Insel Riems
Tel.: +49 38351 7–0

www.fli.de
E-Mail: internetredaktion@fli.de

Institut für molekulare Pathogenese
Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen
Naumburger Straße 96 a
07743 Jena
Tel.: +49 3641 804–0

Institut für Tierernährung
Bundesallee 37
38116 Braunschweig
Tel.: +49 531 58044–102

Institut für Nutztiergenetik
Höltystraße 10
31535 Neustadt
Tel.: +49 5034 871–5136

Institut für Tierschutz und Tierhaltung
Dörnbergstraße 25/27
29223 Celle
Tel.: +49 5141 3846–102