

11. Kontagiöse Equine Metritis (CEM)

Melzer, F.

Summary

Contagious equine metritis (CEM) is an infectious disease of the genital tract of horses caused by the bacterium *Taylorella* (T.) *equigenitalis*. The infection is often asymptomatic but highly contagious. Economic damage may occur due to reduced fertility performance and possible trade restrictions.

Germany is one of the countries with the highest reported infection numbers. Accordingly, in 2022, there were 61 outbreaks reported via the Animal Disease Notification System (TSN).

Zusammenfassung

Die Kontagiöse Equine Metritis (CEM) ist eine Infektionskrankheit des Geschlechtsapparates von Pferden, verursacht durch das Bakterium *Taylorella* (T.) *equigenitalis*. Die Infektion verläuft häufig asymptomatisch, ist aber hochkontagiös. Ein wirtschaftlicher Schaden kann aufgrund verminderter Fruchtbarkeitsleistungen und möglicher Handelsrestriktionen entstehen.

Deutschland ist eines der Länder mit den höchsten gemeldeten Infektionszahlen. Im Jahr 2022 gab es danach 61 über das Tierseuchennachrichtensystem (TSN) gemeldete Ausbrüche.

Labordiagnostische Untersuchungen

Zur Untersuchung auf CEM werden bei Hengsten neben Samen-, Vorsekret- oder Harnröhrenproben zusätzlich Eichelgrubentupferproben und bei Stuten Tupferproben aus dem Klitorisbereich und der Zervix entnommen. Das Probenmaterial wird auf speziellen Nährböden auf Wachstum von *T. equigenitalis* untersucht. Molekularbiologische Methoden sind ebenfalls für den Nachweis von *T. equigenitalis* geeignet. Vom FLI sind aktuell zwei

kommerziell verfügbare PCR- Kits durch das FLI für die CEM Diagnostik zugelassen.

(https://www.fli.de/fileadmin/FLI/Service/Zulassungsstelle/deutsch/02_d_Zul_Mittel.pdf).

Isolierte Stämme sollten an das NRL Kontagiöse Equine Metritis im FLI gesendet werden, um weitere wissenschaftliche Untersuchungen zu ermöglichen. Für Exportuntersuchungen ist üblicherweise der Anzuchtversuch durchzuführen, wenn dies nicht durch spezielle Vereinbarungen zwischen Export- und Importland gesondert geregelt wurde.

Statistische Angaben

In Deutschland gab es in 2022 ca. 84.000 eingetragene Zuchtstuten, 8.000 Zuchthengste und 42.000 registrierte Fohlen. Der größte Teil davon sind Warmblüter, sowie Ponys und Kleinpferde. Insgesamt gibt es basierend auf Hochrechnungen der Deutschen Reiterlichen Vereinigung etwa 1,3 Millionen Pferde in Deutschland.

Die CEM gehört zu den meldepflichtigen Tierkrankheiten. Im Jahr 2022 wurden über TSN 56 Primär- und 5 Sekundärausbrüche gemeldet. Bei den betroffenen Betrieben handelte es sich um Stammbuchhaltungen und kleinere Pferdehaltungen. Gründe für die Untersuchung waren „klinischer Seuchenverdacht“, Monitoring oder Handelsuntersuchungen.

Epidemiologische Untersuchungen

Die meisten Ausbrüche gab es in den „pferdereicheren“ Bundesländern Baden-Württemberg (8), Bayern (17), Niedersachsen (14), Nordrhein-Westfalen (12) und Schleswig-Holstein (7). Hinzu kam ein Ausbruch in Mecklenburg-Vorpommern und zwei im Saarland. In fünf Fällen kam es zu Sekundärausbrüchen im selben Betrieb. Die Befundung basierte in 29 Fällen auf positiver

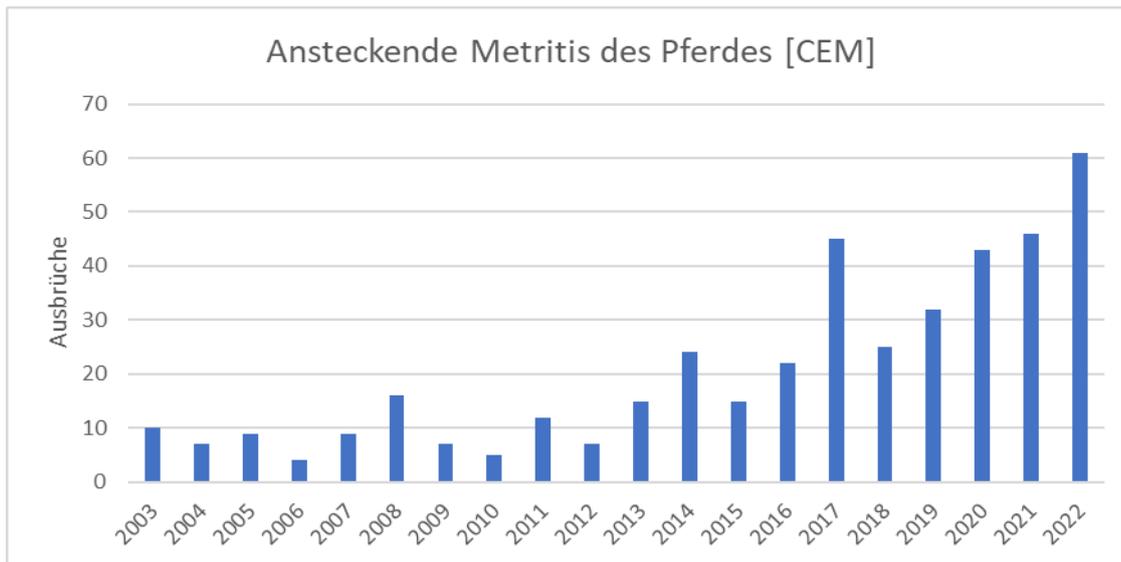


Abbildung 1: jährlich gemeldete CEM-Fälle seit 2003 (TSN, Stichtag 11.10.2023)

Bakterienisolierung und in 27 Fällen auf PCR Ergebnissen. Bei fünf Ausbrüchen war eine Kombination dieser beiden Methoden Grundlage für die Befundung.

Forschung

In den letzten Jahren wurden verschiedene Realtime PCR Methoden entwickelt und validiert, um einen Direktnachweis der Erreger-DNA in Tupfermaterial durchzuführen. Diese Herangehensweise ist mittlerweile in vielen Laboren etabliert. Allerdings bleibt die Anzucht des Erregers und die damit verbundene Möglichkeit weiterführende Untersuchungen an den Isolaten durchzuführen, ein wichtiger Grundstein für Forschungsarbeiten. So wurden Sequenzdatenanalysen durchgeführt, die zeigen, dass bestimmte standardisierte Herangehensweisen z.B. bei cgMLST sehr gute Möglichkeiten zur epidemiologischen Ausbruchsanalyse auch über Ländergrenzen hinweg bieten. Ein weiteres Themengebiet befasst sich mit *Taylorella asinigenitalis*. Hierbei handelt es sich um eine Spezies, die vor allem beim Esel vorkommt, aber vereinzelt auch bei Pferden isoliert werden konnte.

Staatliche Maßnahmen

Die Kontagöse Equine Metritis ist nach dem Europäischen Tiergesundheitsrechtsakt eine Tierseuche der Kategorie D und E. Das bedeutet, es müssen Maßnahmen ergriffen werden, um ihre Ausbreitung im Zusammenhang mit dem Eingang in die EU oder mit Verbringungen zwischen den Mitgliedsstaaten zu verhindern (Kategorie D). Als Seuche der Kategorie E muss sie innerhalb der Union überwacht werden.

In Deutschland ist die CEM meldepflichtig. Untersuchungsmethoden und Falldefinition sind im Methodenhandbuch des FLI aufgeführt. Abgesehen von internen Regeln von Zuchtverbänden sind konkrete Rechtsvorschriften bisher nur in der Delegierten Verordnung 2020/686 vom 17. Dezember 2019 für Spenderequiden (Samen oder Eizellen/Embryonen) festgelegt. Zur Einfuhr bestimmte registrierte Equiden sowie Zucht- und Nutzequiden müssen frei von klinischen Symptomen der CEM sein und dürfen nicht aus einem Betrieb, der in den letzten zwei Monaten des Befalls mit der CEM verdächtig war, stammen. Die rechtliche Grundlage hierfür bildet die Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung i. V. m. der Richtlinie 2009/156/EG i. V. m. der Entscheidung 93/197/EWG.

Zoonosepotential

Taylorella equigenitalis wurde unter Feldbedingungen bisher nur bei Pferden isoliert. Die CEM ist keine Zoonose.

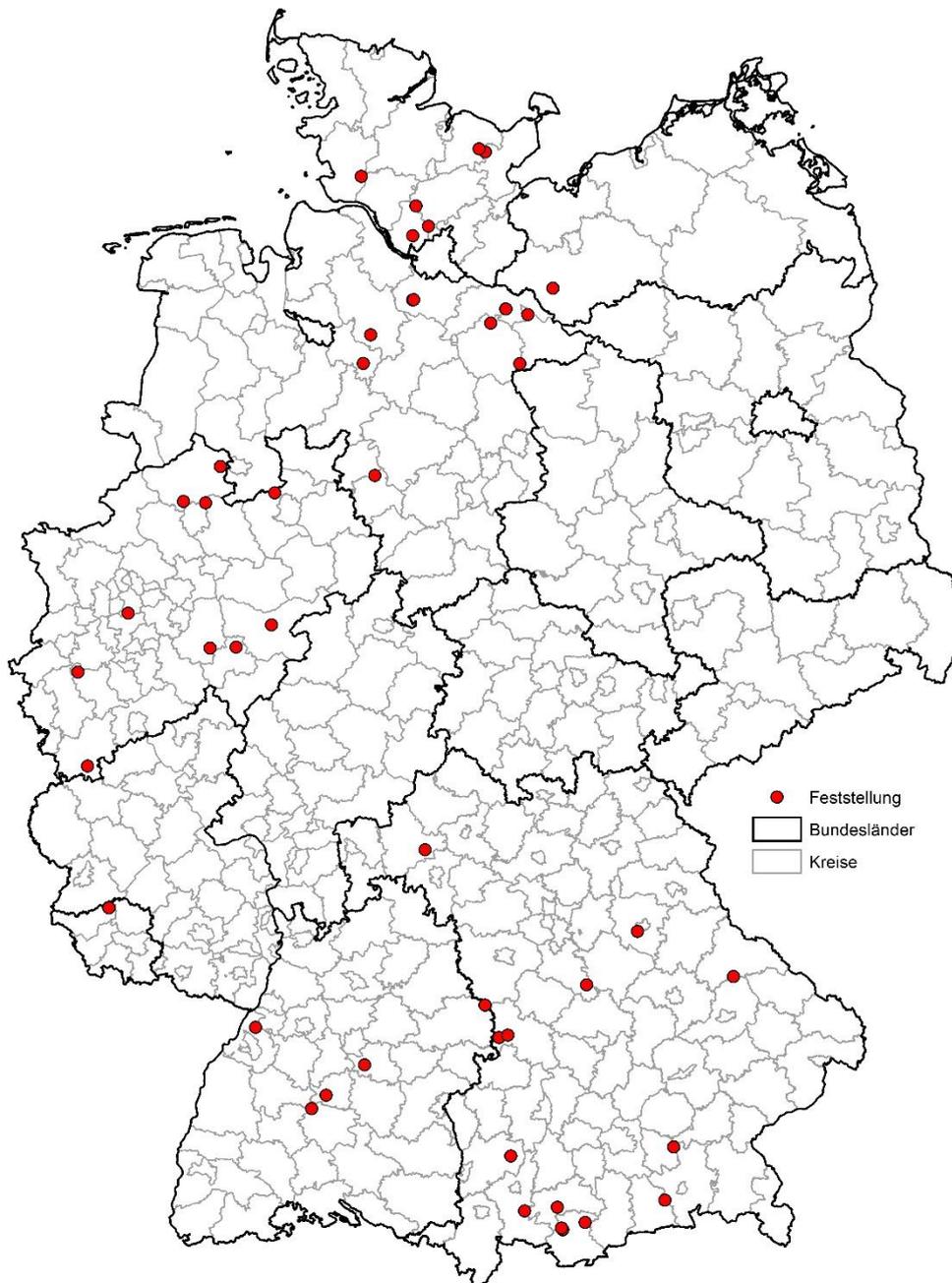


Abbildung 2: Geographische Verteilung der im Jahr 2022 gemeldeten Ausbrüche der Kontagiösen Equinen Metritis (TSN; Stichtag: 11.10.2023)

Literaturhinweise

Dorrego A, Serres C, Cruz-Lopez F. *Taylorella asinigenitalis*: raising awareness of its importance and presence in equine and asinine populations. *Vet Rec.* 2022 Mar;190(6):e1602. doi: 10.1002/vetr.1602 . PMID: 35303356.

Duquesne F, Merlin A, Pérez-Cobo I, Sedlák K, Melzer F, Overesch G, Fretin D, Iwaniak W, Breuil MF, Wernery U, Hicks J, Agüero-García M, Frías-Serrano N, San Miguel-Ibáñez E, Patrasová E, Waldvogel AS, Szulowski K, Joseph M, Jeeba J, Shanty J, Varghese P, Hans A, Petry S. Overview of spatio-temporal distribution inferred by multi-locus sequence typing of *Taylorella equigenitalis* isolated worldwide from 1977 to 2018 in equidae. *Vet Microbiol.* 2020 Mar;242:108597. doi: 10.1016/j.vetmic.2020.108597 . PMID: 32122601.

Melzer F, Raßbach A, Köenig-Mozes A, Elschner MC, Tomaso H, Busch A. Draft Genome Sequence of *Taylorella equigenitalis* Strain 210217RC10635, Isolated from a Pony Stallion in Germany. *Microbiol Resour Announc.* 2018 Sep 27;7(12):e01112-18. doi: 10.1128/MRA.01112-18 . PMID: 30533657