5. Niedersächsisches Tiergesundheitssymposium 2023

am 29.08.2023 in Oldenburg und online

LAVES
Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit

Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz

Tagungsband

5. Niedersächsisches Tiergesundheitssymposium 2023
in Oldenburg (Oldb.) und online
29.08.2023

Niedersächsisches Ministerium
für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz
- Referat 203 Tierseuchenbekämpfung, Tierkörperbeseitigung -

Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz
und Lebensmittelsicherheit
- Dezernat 32 Tierseuchenbekämpfung und
Task-Force Veterinärwesen -

Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit

Niedersächsisches Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz

Impressum:

Herausgeber: Nds. Ministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz,
- Referat 203 Tierseuchenbekämpfung und Tierkörperbeseitigung -
Calenberger Str. 2, 30169 Hannover

und

Nds. Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit,
- Dezernat 32 Tierseuchenbekämpfung und Task-Force Veterinärwesen -
Stau 75, 26122 Oldenburg

Herausgegeben: 08/2023

Alle Rechte vorbehalten, Nachdruck - auch auszugsweise - nur mit Genehmigung des Herausgebers

Titelblatt: © Dr. Julia Bauer

Inhaltsverzeichnis

Aktueller Stand des Rechts zur ASP-Bekämpfung und Ausblick auf die nationale Rechtsetzung 5

ASP-Vorsorge systemisch reflektieren und umsetzen: ASP Präventionsmaßnahmen im landwirtschaftlichen Betrieb 9

Wie das Verhalten von Wildschweinen die Ausbreitung der ASP beeinflussen kann – Erkenntnisse aus der Freilandforschung 12

Prävention und Bekämpfung der ASP auf Truppenübungsplätzen der Bundeswehr 15

ASP – Möglichkeiten der Vermarktung – rechtliche Auslegung 19

aus Sicht der Fleischwirtschaft 19

Stand der Überarbeitung des nationalen Rechts zur Geflügelpest 21

AI-Sequenzierung: Welche Rückschlüsse sind möglich? 22

Genomsequenzanalysen von hochpathogenen aviären Influenzaviren aus koloniebrütenden Meeresvögeln an Nord- und Ostsee 24

Das zoonotische Potential der HPAI 26

Meeressäuger: Gesundheitsmonitoring in Niedersachsen – 29

Entstehung und Ergebnisse 29

Capripocken – ein Update 32

Umgang mit Kategorie C- Seuchen bei Wassertieren 34

West-Nil-Virus – Ein Update im 6. WNV-Jahr für Deutschland 38

Tollwut in Deutschland und Europa - ein Update 42

Aktueller Stand des Rechts zur ASP-Bekämpfung und Ausblick auf die nationale Rechtsetzung

A. Schröder, H. Weinandy

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)

Die Durchführungsverordnung (EU) 2023/594 der Kommission vom 16. März 2023 mit besonderen Seuchenbekämpfungsmaßnahmen in Bezug auf die Afrikanische Schweinepest zur Aufhebung der Durchführungsverordnung (EU) 2021/605 wurde am 17. März 2021 veröffentlicht (ABl. EU vom 17.3.2023 L 79, S. 65). Die Verordnung ist unmittelbar geltendes Recht und seit dem 21. April 2023 anzuwenden. Die neue Durchführungsverordnung wurde mit der Durchführungsverordnung (EU) 2023/835 der Kommission vom 19. April 2023 inhaltlich erneut geändert (ABl. EU vom 20.4.2023 L105, S. 9). Neben der Änderung diverser Regelungen wurde den zuständigen Behörden durch Formulierungen wie z. B. „kann beschließen“, „gegebenenfalls“ oder „erforderlichenfalls“ mehr Flexibilität für Entscheidungen vor Ort eingeräumt.

Auch in der Delegierten Verordnung (EU) 2020/687 wurden Regelungen zur Afrikanischen Schweinepest geändert (Delegierte Verordnung (EU) 2023/751 der Kommission vom 30. Januar 2023, ABl. EU vom 13.4.2023 L 100, S. 7): In Anhang VII wurde eine weitere Wärmebehandlungsmethode (Kerntemperatur 70 °C für mindestens 30 Minuten) für eine risikomindernde Behandlung von frischem Fleisch von gehaltenen Schweinen hinzugefügt. Die Methode steht im Einklang mit dem internationalen Standard der Weltorganisation für Tiergesundheit (WOAH World Organisation for Animal Health), ihre Wirksamkeit wurde vom Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) bestätigt.

Ein Schwerpunkt der neuen Durchführungsverordnung (EU) 2023/594 liegt auf den Vorgaben für das Verbringen von gehaltenen Schweinen aus Sperrzone I, II oder III. Sperrzone I ist dabei definiert als ein Gebiet, das an Sperrzone II oder III grenzt, in dem aber selbst kein Ausbruch der ASP festgestellt worden ist. Sperrzone II ist ein Gebiet mit Ausbruch der ASP bei einem Wildschwein und Sperrzone III ein Gebiet mit Ausbruch der ASP bei einem gehaltenen Schwein.

Für in Sperrzone II gelegene Betriebe gilt:

Grundsätzlich ist ein Verbringen von gehaltenen Schweinen in einen benannten Schlachtbetrieb im Inland, eine Schlachtung und Vermarktung von frischem

Fleisch und Fleischerzeugnissen möglich, wenn die zuständige Behörde das Verbringen von Schweinen aus Betrieben in Sperrzone II genehmigt hat, soweit die einschlägigen tiergesundheitlichen Anforderungen alle erfüllt sind („ovales Genusstauglichkeitskennzeichen“).
Auch wenn die einschlägigen tiergesundheitlichen Anforderungen nicht oder nicht in Gänze erfüllt sind, kann die zuständige Behörde das Verbringen von gehaltenen Schweinen aus Betrieben in Sperrzone II in einen benannten Schlachthof genehmigen; dann jedoch ist das frische Fleisch besonders zu kennzeichnen („Kreuzinnenstempel“) und in einen Verarbeitungsbetrieb zur risikomindernden Behandlung (neue Methode: Wärmebehandlung) bei 70 Grad, 30 Minuten Kerntemperatur) zu verbringen ODER das frische Fleisch und die Fleischerzeugnisse sind mit einem besonderen Genusstauglichkeitskennzeichen bzw. Identitätskennzeichen zu kennzeichnen (ovales Kennzeichen mit zwei parallelen Diagonalen) UND die Erzeugnisse nur für den nationalen Markt vorzusehen.

Für in Sperrzone III gelegene Betriebe gilt:

Soweit außergewöhnliche Umstände oder Tierschutzprobleme vorliegen, kann die zuständige Behörde ein Verbringen von gehaltenen Schweinen aus Betrieben in Sperrzone III in einen benannten Schlachtbetrieb im Inland, eine Schlachtung und Vermarktung von frischem Fleisch und Fleischerzeugnissen genehmigen, soweit die einschlägigen tiergesundheitlichen Anforderungen alle erfüllt sind UND das frische Fleisch und die Fleischerzeugnisse einer risikomindernden Behandlung unterzogen wird ODER einer Kennzeichnung mit einem besonderen Genusstauglichkeits-kennzeichen bzw. Identitätskennzeichen (ovales Kennzeichen mit zwei parallelen Diagonalen); eine Vermarktung ist nur national zulässig.

Auch wenn die einschlägigen tiergesundheitlichen Anforderungen nicht oder nicht in Gänze erfüllt sind, kann die zuständige Behörde das Verbringen von gehaltenen Schweinen aus Betrieben in Sperrzone III in einen benannten Schlachthof genehmigen; dann jedoch ist das frische Fleisch besonders zu kennzeichnen („Kreuzinnenstempel“) und in einen Verarbeitungsbetrieb zur risikomindernden Behandlung (neue Methode: Wärmebehandlung bei 70 Grad, 30 Minuten Kerntemperatur) zu verbringen (keine Alternative zulässig) UND die Erzeugnisse nur für den nationalen Markt vorzusehen.

In jedem Falle muss die Schlachtung von gehaltenen Schweinen, die aus Sperrzonen II oder III stammen, getrennt durchgeführt werden von Schlachtungen von Schweinen, die von außerhalb dieser Sperrzonen gehalten werden; auch müssen die daraus gewonnenen Erzeugnisse entsprechend getrennt gelagert werden.

Einen weiteren Schwerpunkt der neuen Regelungen bilden Biosicherheits-maßnahmen, die nun stärker gewichtet werden. Ein Unternehmer, dessen

Betrieb in Sperrzone I, II oder III gelegen ist, und der Schweine verbringen will, muss sicherstellen, dass u. a.

a) die Räumlichkeiten , und Gebäude des Betriebs, in denen Schweine gehalten werden, so gebaut sind, dass keine anderen Tiere, die das ASP-Virus übertragen könnten , in die Räumlichkeiten, und Gebäude gelangen oder mit den dort gehaltenen Schweinen oder deren Futter und Einstreu in Kontakt kommen können (Anhang III Nr. 2 Buchst. g, i), und

b) ein Plan zum Schutz vor biologischen Gefahren unter Berücksichtigung u. a. des Betriebsprofils von der zuständigen Behörde genehmigt wurde (Anhang III Nr. 2 Buchst. i); ggf. muss der Plan u. a. eine Bewertung spezifischer biologischer Gefahren und Verfahren für die Anwendung einschlägiger Risikominderungsmaßnahmen vorsehen und zwar in Bezug auf Betriebe, in denen Schweine vorübergehend oder dauerhaft im Freien gehalten werden (Anhang III Nr. 2 Buchst. i, ix).

Der Handlungsbedarf zur Überarbeitung der nationalen Rechtsvorschriften wird in mehreren themenspezifischen sog. AHL-Bund-Länder-Arbeitsgruppen ermittelt. Aufgrund ihrer großen Vielfalt können nicht alle Themen zeitgleich bearbeitet werden, so dass für die nationale Rechtsetzung ein schrittweises Vorgehen angedacht ist. Im Rahmen dieser umfassenden Vorbereitungen der Anpassung der nationalen Rechtsvorschriften an das AHL (Verordnung (EU) 2016/429) und seine zugehörigen nachgeordneten Rechtsvorschriften muss ein besonderes Augenmerk auf den jeweiligen Adressaten der Normen (alle Mitgliedstaaten, betroffener Mitgliedstaat, zuständige Behörde des betroffenen Mitgliedstaates, Unternehmer, kein Adressat) gelegt werden. Auch ist zu prüfen, ob das EU-Recht den Mitgliedstaaten oder den zuständigen Behörden das Recht einräumt, vom EU-Recht abweichende, zusätzliche oder strengere Maßnahmen zu ermöglichen.

Das AHL verpflichtet die Mitgliedstaaten zudem, Vorschriften über Sanktionen bei Verstößen gegen diese Verordnung festzulegen. Da das AHL sehr umfassend und detailliert in seinen normierten Tatbeständen ist, strebt das BMEL hinsichtlich der unmittelbar zu bewehrenden Vorschriften eine eigenständige Bußgeldverordnung zur Durchsetzung des EU-Tiergesundheitsrechts an. Aktuell werden in einem ersten Schritt Sanktionsvorschriften für Regelungen betreffend die Tiergesundheits-bedingungen für den innergemeinschaftlichen Handel, den Eingang in und die Ausfuhr von Tieren und deren Erzeugnissen (Fleisch, Zuchtmaterial, Bruteier etc.) aus der EU sowie für weitere bestimmte mit Sanktionen bewehrbare Regelungen des AHL erarbeitet. Im Zuge der weiteren Anpassung der nationalen Rechtsvorschriften an das EU-Tiergesundheitsrecht werden weitere Bußgeldbewehrungen zu ergänzen sein.

Kontakt:

Dr. Anke Schröder
Referat 322, Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)
Rochusstraße 1, 53123 Bonn
E-Mail: anke.schroeder@bmel.bund.de

ASP-Vorsorge systemisch reflektieren und umsetzen: ASP Präventionsmaßnahmen im landwirtschaftlichen Betrieb

Grabkowsky, B.[1]; Conraths, F.-J.[2]; Denzin, N.[2]; Sauter-Louis, C.[2]; Gerdes, U.[3]; Scheer, W.[4] und Gellermann, M.[1]

[1]Universität Vechta, [2]Friedrich-Loeffler-Institut, [3]Nds.Tierseuchenkasse, [4]Nds. Landvolk

Seit 2021 ist die Afrikanische Schweinepest (ASP) in acht Hausschweinebeständen in Deutschland aufgetreten. Der ASP-Eintrag in Schweinehaltungen durch kontaminierte Lebensmittel, Gegenstände, Transportfahrzeuge etc. stellt ein permanent hohes Risiko dar (BMEL 2023). Das Risiko des Eintrags – insbesondere in Auslauf- und Freilandhaltungen – variiert je nach Vorkommen der ASP bei Haus- und Wildschweinen in der Umgebung (FLI 2022). Somit hat ein kontinuierlich hoher Präventionsstandard in den Beständen oberste Priorität für alle Haltungsformen. Hier stehen die Betriebsleiter*innen der landwirtschaftlichen Betriebe, Berater*innen, die Tierärzteschaft sowie andere Akteur*innen in der Wertschöpfungskette in der Verantwortung für die gesamte Branche. Gleichzeitig verpflichten rechtliche Rahmenbedingungen (z.B. EU-Tiergesundheitsrecht (VO 2016/429), TierGesG) landwirtschaftliche Betriebe zur Vorsorge, ermöglichen aber auch eigenständige, flexible Vorsorgekonzepte.

Entscheidend für eine erfolgreiche Vorsorge ist eine effektive Minimierung des Risikos einer Viruseinschleppung in die Ställe. Dies kann durch eine konsequente Umsetzung von Biosicherheitsmaßnahmen in allen Betriebsabläufen umgesetzt werden. Vor diesem Hintergrund ist es wichtig, zunächst den Biosicherheitsstatus in den einzelnen Schweinebetrieben zu kennen, um dann bedarfsgemäß Maßnahmen zur Verbesserung der Biosicherheit umsetzen zu können.

Das im Jahr 2019 veröffentlichte Onlinetool ASP-Risikoampel unterstützt Schweine haltende Betriebe dabei, das Risiko eines Eintrags von ASP in den Bestand strukturiert einzuschätzen und betriebsindividuelle Maßnahmen zur Optimierung der Biosicherheit zu ergreifen. Unter https://risikoampel.uni-vechta.de/ besteht die Möglichkeit, den eigenen Betrieb auf Schwachstellen hin zu überprüfen und betriebsspezifische, risikoorientierte Hinweise zu erhalten – kostenfrei und anonym. Im Jahr 2023 wurde die Risikoampel zudem an die Vorgaben des EU-Tiergesundheitsrechts angepasst und die Inhalte mit dem in 2022 gemeinsam mit zentralen Akteur*innen aus Wissenschaft, Wirtschaft,

behördlicher und veterinärmedizinischer und Beratungspraxis entwickelten Niedersächsischen Biosicherheitskonzept harmonisiert (Nds. TSK 2023).

Das Tool berücksichtigt verschiedene Aspekte der Tierhaltung, wie beispielsweise die betriebliche Abschirmung, das Hygienemanagement oder Betriebsabläufe wie die Reinigung und Desinfektion. Die fachliche Grundlage der Risikobewertung beruht auf einem in einer Delphi-Studie entwickelten und anschließend gewichteten Fragenkatalog. Jede der Fragen repräsentiert einen Risikofaktor, der in Verbindung mit einem möglichen Erregereintrag steht. Jeder Frage sind vordefinierte Antworten zugeordnet. Ein Expert*innengremium aus Wissenschaft, veterinär- und landwirtschaftlicher Praxis, Behörden und Wirtschaftsunternehmen ermittelte dazu im Rahmen einer strukturierten Befragung nach der Delphi-Methode eine Wichtung für die einzelnen Risikofaktoren, welche die epidemiologische Relevanz im Verhältnis zu den weiteren berücksichtigten Parametern in den verschiedenen Produktionsrichtungen der Schweinehaltung abbildet.

Auf Basis der gewählten Antworten (Selbsteinschätzung) erhalten die Nutzenden direkt nach dem Ausfüllen des Online-Fragebogens ein betriebsindividuelles Ergebnis, das graphisch in Form einer Ampel dargestellt wird. Die Ampel gibt orientierend an, welches Risiko für einen ASP-Eintrag besteht. Eine tabellarische Optimierungsanalyse zeigt auf, welche Maßnahmen ergriffen werden können, um dieses Risiko zu minimieren. Die Maßnahmen sind entsprechend ihrer epidemiologischen Relevanz geordnet und können beispielsweise Empfehlungen zur Verbesserung der Hygiene, Betriebsabläufe, der Schwarz-Weiß-Trennung oder zur Reduzierung des Kontakts mit Wildschweinen beinhalten. Damit erhalten Tierhalter*innen die Möglichkeit, den Biosicherheitsstandard im eigenen Betrieb eigenverantwortlich selbst oder in Zusammenarbeit mit tierärztlicher oder anderer Beratung zu optimieren, um das Risiko einer Einschleppung von Tierseuchenerregern zu reduzieren. Zudem wird mit der Nutzung der ASP-Risikoampel ein wichtiger Teil der Anforderungen der Niedersächsischen Tierseuchenkasse zur Dokumentation der Biosicherheitsmaßnahmen nach dem EU-Tiergesundheitsrecht erfüllt.

Das Konzept der Risikoampeln ermöglicht eine standardisierte und praxistaugliche Einschätzung der betriebsindividuellen Biosicherheit mit dem Fokus einer erregerspezifischen Abschätzung des Eintragsrisikos des ASP-Virus. Das Ergebnis kann dem tatsächlichen Risiko aber nur nahekommen, wenn die Beantwortung möglichst wahrheitsgemäß, zutreffend und realitätsnah erfolgt.

Literaturangaben:

BMEL (2023): Afrikanische Schweinepest (ASP): Informationen zu Fällen in Deutschland. Verfügbar unter: https://www.bmel.de/DE/themen/tiere/tiergesundheit/tierseuchen/asp.html, Download am 20.07.2023

Friedrich-Loeffler-Institut (Hg.) (2022): Qualitative Risikobewertung zur Einschleppung der Afrikanischen Schweinepest in Auslauf– und Freilandschweinehaltungen in Deutschland. Stand: 13.04.2022. Verfügbar unter: https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00045623/ASP_Risikobewertung_Freiland_2022-04-13_bf_K.pdf

Grabkowsky, B., Denzin, N., Conraths, F J., Blaha, T. und M. Gellermann (2021): Online-Unterstützung bei der ASP-Prävention. In: Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle, 28. Jahrgang – 2 / 2021, S. 129-133

Niedersächsische Tierseuchenkasse (2023): Niedersächsisches Biosicherheitskonzept für Schweine haltende Betriebe nach dem EU-Tiergesundheitsrechtsakt. - Verfügbar unter: https://www.ndstsk.de/1165_Biosicherheitskonzept.html

Kontakt:

Dr. Barbara Grabkowsky
Universität Vechta
Barbara.grabkowsky@uni-vechta.de

Wie das Verhalten von Wildschweinen die Ausbreitung der ASP beeinflussen kann – Erkenntnisse aus der Freilandforschung

Maik Henrich[1,2], Christian Fiderer[1,2], Elodie Wielgus[1], Alisa Klamm[3], Janine Rietz[1,2], Franz J. Conraths[4], Franz Kronthaler[5], Ariana Töws[6], Jan-Niklas Michel[2] & Marco Heurich[1,2,7]

[1] Nationalpark Bayerischer Wald, [2] Albert-Ludwigs-Universität Freiburg, [3] Nationalpark Hainich, [4] Friedrich-Loeffler-Institut, [5] Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, [6]Carl-von-Ossietzky-Universität Oldenburg, [7] Inland Norway University of Applied Sciences

Seitdem die Afrikanische Schweinepest (ASP) 2007 durch menschliches Zutun nach Georgien eingeschleppt wurde, breitete sie sich immer weiter nach Westen aus, erreichte 2014 die Baltischen Staaten und Polen und 2020 schließlich auch Deutschland (Friedrich-Loeffler-Institut, 2021). Wildschweine (*Sus scrofa*) stellen ein wichtiges Reservoir für die ASP dar, 95% der seit 2014 in der Europäischen Union gemeldeten Infektionen traten in Wildschweinpopulationen auf (Dixon *et al.*, 2020). Wildschweine können die Krankheit im direkten Kontakt übertragen, aber auch die Kadaver infizierter Tiere bleiben über Monate für andere Schweine infektiös (Probst *et al.*, 2017; Chenais *et al.*, 2019). Ein entscheidender Faktor für die Ausbreitung der ASP ist daher neben der Populationsdichte der Wildschweine auch deren Verhalten: Je größer der Bewegungsradius der Tiere ist, je höher die Kontaktrate zwischen Gruppen ist und je mehr Interaktionen mit Kadavern von Artgenossen stattfinden, desto größer ist das Risiko der Ausbreitung der Seuche.

Im Rahmen zweier Forschungsprojekte haben wir daher folgende Fragestellungen untersucht:

(1) Wie ist die Raumnutzung von Wildschweinen im Nationalpark Bayerischer Wald?

(2) Wie wirken sich menschliche Störungen auf das Bewegungsverhalten der Tiere aus?

(3) Wie groß muss die im ASP-Fall eingerichtete Kernzone sein um sicherzustellen, dass infizierte Tiere das Gebiet mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht verlassen?

(4) Wie verhalten sich Wildschweine gegenüber toten Artgenossen?

Zur Untersuchung der ersten beiden Fragestellungen haben wir in den Jahren 2021 und 2022 38 Wildschweine im Nationalpark Bayerischer Wald mit GPS-Halsbändern ausgestattet. Die Daten zeigen, dass die Tiere den Nationalpark auf deutscher Seite kaum verlassen, aber teils weite Strecken von mehr als 20 km zu Gebieten im benachbarten Tschechien zurücklegen. Zur Untersuchung der Reaktion der Tiere auf menschliche Störungen wurden standardisierte Experimente durchgeführt, bei denen sich Beobachter in gerader Linie von einem Kilometer Entfernung in möglichst gerader Linie auf die letzte bekannte Position eines besenderten Schweins zu bewegten. In 70% der Fälle kam es zu einer Fluchtreaktion, die im Durchschnitt etwa eine Stunde dauerte und in ca. 150 m Entfernung von der Startposition endete. In Gebieten ohne Jagd war die gesamte Fluchtstrecke kleiner. Anhand eines weiteren Datensatzes mit GPS-Daten von 57 Wildschweinen aus dem Nationalpark Hainich konnten wir zeigen, dass das Risiko, dass ein Tier ein Gebiet verlässt exponentiell mit der Zeit zu- und mit der Radiusgröße abnimmt. Für eine Zeitspanne von 14 Tagen, innerhalb der mit dem hochvirulenten ASP Virus-infizierte Schweine sterben, war die Wahrscheinlichkeit ein Gebiet mit einem Radius von 6 km oder mehr zu verlassen, vernachlässigbar klein.

© Maik Henrich

Für weibliche Tiere war das Abwanderungsrisiko im Winter und Frühjahr geringer als im Herbst, während dem es sehr dem der Männchen ähnelte, das kaum Unterschiede zwischen Jahreszeiten aufwies. Das Monitoring von im Nationalpark Bayerischer Wald ausgelegten Wildschweinkadavern mit

Kamerafallen zeigte, dass Wildschweine zwar nicht nachweislich an ihnen fraßen, aber sich in ihnen wälzten und auf Knochen kauten. Solche Kontakte könnten zur potentiellen Übertragung des Virus führen. Ob die Tiere die Kadaver gezielt aufsuchen, wird untersucht. Unsere Resultate liefern neue Erkenntnisse für ein besseres Verständnis des Verhaltens von Wildschweinen, die dazu beitragen können die ASP erfolgreich zu bekämpfen.

Literaturangaben:

Chenais, E., Depner, K., Guberti, V., Dietze, K., Viltrop, A. and Ståhl, K. (2019) 'Epidemiological considerations on African swine fever in Europe 2014–2018', *Porcine Health Management*, 5(1), p. 6. Available at: https://doi.org/10.1186/s40813-018-0109-2.

Dixon, L.K., Stahl, K., Jori, F., Vial, L. and Pfeiffer, D.U. (2020) 'African Swine Fever Epidemiology and Control', *Annual Review of Animal Biosciences*, 8(1), pp. 221–246. Available at: https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021419-083741.

Friedrich-Loeffler-Institut (2021) *Steckbrief Afrikanische Schweinepest*, p. 2. Available at: https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00037053/Steckbrief-Afrikanische-Schweinepest-2021-04-07-bf.pdf (Accessed: 8 May 2023).

Probst, C., Globig, A., Knoll, B., Conraths, F.J. and Depner, K. (2017) 'Behaviour of free ranging wild boar towards their dead fellows: potential implications for the transmission of African swine fever', *Royal Society Open Science*, 4(5), p. 170054. Available at: https://doi.org/10.1098/rsos.170054.

Kontakt:

Maik Henrich
Maik.Henrich@npv-bw.bayern.de

Prävention und Bekämpfung der ASP auf Truppenübungsplätzen der Bundeswehr

Verena Steudel, Jens Oltersdorf, Dr. Nicola Wolff

Überwachungsstelle Ost für öffentlich-rechtliche Aufgaben des Sanitätsdienstes der Bundeswehr Abteilung III Veterinärwesen

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) ist eine anzeigepflichtige Tierseuche, die sich seit 2014 kontinuierlich unter der Haus- und Wildschweinpopulation Ost- und Mitteleuropas ausbreitet. Aufgrund der enormen wirtschaftlichen Bedeutung, zieht ein Ausbruch der ASP für ein betroffenes Gebiet zwingend behördlich angeordnete Bekämpfungsmaßnahmen nach sich. Auf Liegenschaften im Geschäftsbereich des Bundesministeriums der Verteidigung obliegt die Durchführung und Überwachung dieser Maßnahmen den örtlich zuständigen Überwachungsstellen für öffentlich-rechtliche Aufgaben des Sanitätsdienstes der Bundeswehr (ÜbwSt ÖRA) Abt III Veterinärwesen.

Im September 2020 wurde der erste ASP-Ausbruch in Deutschland bestätigt. Aktuell sind mehrere Landkreise und Städte in Brandenburg, Mecklenburg-Vorpommern und Sachsen von der ASP betroffen. In Brandenburg liegen sieben Bundeswehrliegenschaften innerhalb der Restriktionszonen, darunter der Standortübungsplatz Storkow in der Sperrzone I. In Sachsen befindet sich der Truppenübungsplatz Oberlausitz innerhalb der Sperrzone II. Beide Flächen beherbergten vor Ausbruch der ASP eine vitale Schwarzwildpopulation.

Durch die Bundeswehr wird seit 2014 ein Tierseuchen-Monitoringprogramm durchgeführt, welches auch die Beprobung und Untersuchung der im Rahmen der Gesellschaftsjagden erlegten Wildschweine auf klassische und afrikanische Schweinepest beinhaltet. Seit Ausbruch der ASP in Deutschland werden alle Bundeswehrliegenschaften einem verstärkten Monitoring unterzogen und jedes erlegte oder aufgefundene Stück Schwarzwild untersucht.

Nach der ersten ASP-Bestätigung nordöstlich des TrÜbPl OBERLAUSITZ im November 2020 wurde der Übungsbetrieb auf dem TrÜbPl Oberlausitz zunächst eingestellt und erst im September 2021 nach erfolgter Risikobeurteilung einzelner Übungsvorhaben und der Etablierung umfangreicher Präventions- und Bekämpfungsmaßnahmen wieder aufgenommen. Vor Wiederaufnahme des Übungsbetriebes wurden Verfahren zur Durchführung von Reinigungs- und Desinfektionsmaßnahmen an Fahrzeugen und Material etabliert und die vorhandene Infrastruktur für deren Durchführung ertüchtigt. Eine nachweisliche

Belehrung der Soldatinnen und Soldaten zur ASP erfolgt mit Übungsbeginn, die gültigen Verfügungen, Karten und Merkblätter können vorab online durch die übende Truppe abgerufen werden.

Nachfolgend werden weitere der auf Übungsplätzen in Brandenburg und Sachsen angewendeten Bekämpfungsmaßnahmen dargestellt:

Seit Januar 2021 wurden über 400 auf dem Gebiet des Truppenübungsplatz Oberlausitz von Schwarzwild oder Kadaverteilen entnommene Proben im ZInstSanBw Kiel untersucht. Davon wurden 108 positiv auf das ASP-Virus getestet und durch das nationale Referenzlabor bestätigt.

Ein Teil des Übungsplatzes wurde noch im Dezember 2020 gezäunt, die regelmäßige Kontrolle des Zaunes wird durch den Bundesforstbetrieb Lausitz sichergestellt. Neben der repetitiven Fallwildsuche zur Reduktion der Viruslast in der Umgebung, wurde auch die weitestgehende Reduktion der Wildschweinbestände angestrebt.

Zur Fallwild- und Kadaverabsuche wurden die klassische Methode der Menschenkette sowie Kadaverspürhunde ziviler Hundeführer eingesetzt.

Darüber hinaus wurde sowohl in der Oberlausitz als auch in Storkow -nach Erprobung militärischer und ziviler Systeme- zivile Drohnentechnik zur Taxierung der Schwarzwild-population und zur Fallwildsuche verwendet. Nach Bestimmung der Tages- und Nachteinstände konnte auch die drohnengeführte Entnahme einer Rotte und von Einzeltieren erfolgreich abgeschlossen werden.

Als weitere Methode zur Entnahme ganzer Rotten wird der Fallenfang angewendet. Hier kamen in der Oberlausitz sowohl klassische Fallen als auch mobile Netzfänge (Pig Brig Trap®) zum Einsatz. Nach mehrwöchigem Betrieb konnten Vorteile der Netzfänge in Bezug auf Bedienerfreundlichkeit, Arbeitssicherheit und Tierschutzaspekte beobachtet werden.

Netzfalle, aktiviert Quelle: Graf v. Plettenberg, Bundesforstbetrieb Lausitz

Fazit: Die tierseuchenprophylaktische Überwachung von Bundeswehrliegenschaften und die Anordnung geeigneter Maßnahmen zur Bekämpfung im Tierseuchenfall stellen für alle Beteiligten eine Herausforderung dar. Dabei sind sowohl Tierschutz- und Artenschutzaspekte zu beachten und umzusetzen als auch die Einschränkungen für die übende Truppe so gering wie möglich zu halten. Dies erfordert ein abgestimmtes Agieren zwischen den zivilen und militärischen Veterinärbehörden, den örtlich zuständigen Bundesforstbetrieben und der übenden Truppe. Dabei gilt es, die jeweiligen Schwerpunkte der Beteiligten zu kennen und in angemessener Weise zu berücksichtigen.

Desinfektion Kettenfahrzeug Quelle: Verena Steudel, ÜbwSt ÖRA Ost Abt III

Literaturangaben:

Steckbrief Afrikanische Schweinepest und Radar Bulletin, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Der Fallenfang als wirksame Methode zur Reduzierung von Schwarzwildpopulationen vor dem Hintergrund des Seuchenzuges der Afrikanischen Schweinepest, Ministerium für Landwirtschaft, Umwelt und Klimaschutz (MLUK), Referat Öffentlichkeitsarbeit

Kontakt:

Oberfeldveterinär Verena Steudel
Überwachungsstelle Ost für öffentlich-rechtliche Aufgaben des Sanitätsdienstes der Bundeswehr Abteilung III Veterinärwesen
Kaiser-Friedrich-Straße 49 – 61
14469 Potsdam
+49 (0) 331 5861-216
VerenaSteudel@bundeswehr.org
UebwStOeraOstAbtiiiVetWes@bundeswehr.org

ASP – Möglichkeiten der Vermarktung – rechtliche Auslegung aus Sicht der Fleischwirtschaft

Sven Heumann

Verband der Fleischwirtschaft e.V. (VDF)

Die maßgeblichen Bestimmungen zur Tierseuchenbekämpfung in Bezug auf die Afrikanische Schweinepest (ASP) wurden zum 21.04.2023 neugefasst.

Vollzogen wird die Neufassung durch die Durchführungsverordnung (EU) 2023/594, die die bis dahin geltende Durchführungsverordnung (EU) 2021/605 ersetzt.

Die Neufassung geht mit zahlreichen wesentlichen Änderungen einher.

Die Anwendung und Auslegung der neuen Regelungen stellt die Rechtsanwender vor einige Unsicherheiten, die es rasch auszuräumen gilt. Die Schwierigkeit dabei ist, dass im Zweifel einzig und allein das zuständige Gerichte das „letzte Wort“ hat. So stellt die Kommission beispielsweise in der Einleitung ihrer ASP-Richtlinien Folgendes klar:

ASF guidelines are developed by the Commission services and have no prejudice to the applicable Union legislation and do not commit the European Commission. Only the Court of Justice of the EU is competent to authoritatively interpret Union law.

Dieser Grundsatz ist jedoch ein Allgemeinplatz, der keinesfalls davon abhalten sollte, Unklarheiten bei der Auslegung des neuen Tierseuchenrechts im Vorfeld eines etwaigen großflächigen ASP-Ausbruchsgeschehens zwischen Wirtschaftsbeteiligten und Behörden zu klären. **Rechtliche Unwägbarkeiten sind Gift für die Möglichkeiten der Vermarktung von Schweinen aus Restriktionszonen.** Die niedersächsische "AG-Krisenpläne der Wirtschaft - Afrikanische Schweinepest“ leistet in diesem Zusammenhang einen wertvollen Beitrag zur Steigerung der Rechtssicherheit.

Insbesondere gilt es zu klären, wie sich die neue geschaffene engere **Verzahnung der neuen ASP-Durchführungsverordnung mit der Delegierten Verordnung (EU) 2020/687** auswirkt. Erste Anwendungsfälle konnte man kürzlich in Italien und Kroatien beobachten. So ist eine wesentliche Verschärfung der bisherigen Verbringungs-regelungen Artikel 8 (3) der neuen Durchführungsverordnung. Für die **infizierte Zone** wurde ein **Verbringungsverbot betreffend Hausschweinen und daraus gewonnenen Erzeugnissen ins Ausland** eingeführt, dass auf die betroffenen Tierhalter und

den Tierschutz in den Ställen der betroffenen Regionen erhebliche Auswirkungen haben wird. Dies liegt vor allem an den engen Beschränkungen der **Ausnahmeregelung** nach Artikel 8 (4), wonach nur risikomindernd behandelte Fleischerzeugnisse von dem Verbringungsverbot ausgenommen werden können. Insoweit ist offen, in welchem Ausmaß von der neu geschaffenen Wärmebehandlungsmethode (70 °C / 30 Minuten) zur Risikominderung in der Praxis profitiert werden kann.

Eine weitere Verschärfung betrifft den **Transport von Schweinen**. Die **Ausdehnung des Verbringungsverbots auf das Innere der Sperrzonen** ist neu. Die bisherige Verwaltungspraxis in Deutschland hat zwar auch bislang den Transport von Schweinen innerhalb der Sperrzonen II und III ohnehin mit Bezug auf die noch in Teilen geltende Schweinepest-Verordnung unter Genehmigungsvorbehalt gestellt. Bezüglich der Transporte von Schweinen, die in einer Sperrzone I (ehemals Pufferzone) gehalten wurden, ist aber bislang in der Regel von der generellen Ausnahmeregelung des Artikel 9 (2) für innerdeutsche Transporte Gebrauch gemacht worden. Diese Praxis sollte dringend aufrechterhalten werden. Voraussetzung dafür ist die bundesweit einheitliche Gestaltung der tierseuchenrechtlichen Allgemeinverfügungen in diesem Punkt durch die jeweils örtlich zuständige Behörde. Keinesfalls sollte aus Sicht der Wirtschaftsbeteiligten in diesem Zusammenhang ein rechtlicher Flickenteppich entstehen.

Diese und weitere Punkte wird Herr Heumann in seinem Beitrag „ASP – Möglichkeiten der Vermarktung – rechtliche Auslegung aus Sicht der Fleischwirtschaft“ thematisieren.

Kontakt:

heumann@v-d-f.de

Stand der Überarbeitung des nationalen Rechts zur Geflügelpest

F. Uebe

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)

Die Regelungen der delegierten Verordnung (EU) 2020/687 zur Prävention und Bekämpfung der Geflügelpest werden kurz dargelegt.

Im Rahmen der Prüfung auf den Anpassungsbedarf der nationalen Rechtsvorschriften ist besonders zu berücksichtigen, in welchem Rahmen das EU-Recht – hier insbesondere die Verordnung (EU) 2016/429 – den Mitgliedstaaten das Recht einräumt, zusätzliche oder strengere Maßnahmen zu erlassen. Auf den Sachstand zu diesen, mit den Ländern gemeinsam erarbeiteten Vorschlägen zu vorgesehenen nationalen Regelungen wird ebenfalls eingegangen.

Kontakt:

Dr. Friederike Uebe
Referat 322
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL)
Rochusstr. 1
53123 Bonn
Friederike.Uebe@bmel.bund.de

AI-Sequenzierung: Welche Rückschlüsse sind möglich?

Dr. Anne Wöhlke und Dr. Christine Bächlein

Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES), Lebensmittel- und Veterinärinstitut Braunschweig/ Hannover

Die Hochdurchsatzsequenzierung (*Next Generation Sequencing*, NGS) hat sich in den letzten Jahren zu einem wertvollen Werkzeug für die Vollgenomanalyse bakterieller und viraler Erreger entwickelt. Am Lebensmittel- und Veterinärinstitut Braunschweig/Hannover wurde kürzlich die Methodik zur Erstellung von Volllängesequenzen für aviäre Influenzaviren (AIV) etabliert. Die Sequenzierung erfolgt mittels Illumina-Technologie.

Ziel der Untersuchungen ist es, einen Überblick über in Niedersachsen zirkulierende AIV-Varianten zu erhalten und zu überprüfen, ob die Hochdurchsatzsequenzierung dazu beitragen kann, Infektionsketten zu ermitteln. Seit November 2021 sind Proben aus 67 Ausbruchsbeständen und 130 Proben von eingesandten Wildvögeln untersucht worden. Pro Betrieb wurden durchschnittlich acht Proben sequenziert und ein entsprechender Arbeitsablauf zwischen den LAVES-Standorten Oldenburg, Braunschweig und Hannover hierfür etabliert. Nach den bisherigen Untersuchen weisen die innerhalb eines Bestandes untersuchten Viren eine hohe Identität auf, Sequenzabweichungen zwischen den Beständen können aber festgestellt werden. Auch gibt es Hinweise auf unabhängige Einträge des Virus in einzelne Bestände. Zusammenhänge zwischen den Ausbruchsbeständen können anhand der Sequenzierungsergebnisse alleine nicht sicher ermittelt werden, sondern müssen stets mit Ergebnissen der epidemiologischen Untersuchung verknüpft werden. Bei Wildvögeln detektierte virale Sequenzen lassen keine unmittelbaren Rückschlüsse auf direkte Übertragungswege in Geflügelbestände zu. Allerdings muss bei diesen Ergebnissen die schwankende Anzahl der analysierten Wildvogelproben und deren Herkunft berücksichtigt werden. Eine erhöhte Probenanzahl wäre erforderlich, um Sequenzierdaten im Hinblick auf diese Fragestellung korrekt zu interpretieren.

Des Weiteren wurden in einem LAVES-internen Projekt 170 wildlebende Prädatoren auf AIV-Infektionen untersucht und fünf Rotfüchse aus unterschiedlichen Regionen Niedersachsens positiv befundet. Die entsprechenden Tiere zeigten vorberichtlich teilweise zentralnervöse Störungen. Ein entsprechender Neurotropismus des Virus wurde mittels Real-time PCR und Immunhistochemie bestätigt. Mit Hilfe von NGS- und nachfolgenden

phylogenetischen Analysen konnte die genetische Verwandtschaft zu aktuell in Europa kursierenden AIV-Varianten nachgewiesen werden. Zukünftige ist geplant, durch serologische Untersuchungen die Verbreitung der Virusinfektion bei terrestrischen carnivoren Tierspezies zu ermitteln.

Kontakt:

anne.woehlke@laves.niedersachsen.de,
christine.baechlein@laves.niedersachsen.de

Genomsequenzanalysen von hochpathogenen aviären Influenzaviren aus koloniebrütenden Meeresvögeln an Nord- und Ostsee

Anne Pohlmann, Jacqueline King, Ann Kathrin Ahrens, Anne Günther, Christin Hennig, Ronja Piesche, Annika Graaf-Rau, Christian Grund, Martin Beer, Timm Harder

Friedrich-Loeffler-Institut, Institut für Virusdiagnostik, Greifswald-Insel Riems

In Deutschland sind seit 2016 wiederholt Ausbrüche der hochpathogenen aviären Influenza (HPAI) mit H5 Viren der Klade 2.3.4.4b der goose/Guangdong-Linie aufgetreten. Die Ausbrüche in den Jahren 2020 bis 2023 übertrafen aber alle zuvor in Deutschland beschriebenen HPAI Epizootien in Bezug auf die Anzahl der erfassten Fälle, den Zeitrahmen ihres Auftretens und die genetische Vielfalt der detektierten Viren. Das Auftreten der HPAI in den Sommermonaten ist dabei ein neues Phänomen, das den Übergang von einer Epizootie zu einer Enzootie markiert. Im Sommer 2022 wurden Massensterben unter koloniebrütenden Seevögeln im deutschen Wattenmeergebiet der Nordsee und den Küstengebieten der Ostsee beobachtet. Betroffen waren die Kolonien mehrerer Arten, insbesondere von Brandseeschwalben, Flussseeschwalben, Lachmöwen und Deutschlands einzige Basstölpelkolonie auf der Insel Helgoland. An der Ostseeküste waren neben Seeschwalben auch Kormorane betroffen. In allen Fällen wurden Infektionen mit HPAI Viren des Subtyps H5N1 der Klade 2.3.4.4b als Ursache festgestellt.

Für eine weitergehende Untersuchung wurden HPAI Viren aus betroffenen Kolonien sequenziert. Die Genomsequenzierung hat sich als ein wichtiges Werkzeug erwiesen, mit deren Hilfe der Ursprung, mögliche Vorläufer und die Verbreitung der HPAI Viren bestimmt, sowie neue Genotypen identifiziert und klassifiziert werden können. Zusätzlich können Mutationen beschrieben werden, die möglicherweise auf Veränderungen von Schlüsseleigenschaften wie Virulenz, Rezeptorbindung oder Anpassungen an verschiedene Wirtsarten hindeuten könnten. Stichproben der in Deutschland auftretenden HPAI Fälle wurden sequenziert, die Daten ausgewertet und die zugrundeliegenden HPAI Genotypen kontinuierlich klassifiziert. Seit Oktober 2020 wurden mehr als 30 Genotypen in Deutschland beschrieben.

Für die Ausbrüche in koloniebrütenden Meeresvögeln im Jahr 2022 ergab die Analyse von Ganzgenomsequenzen, dass diese von zwei regional zirkulierenden, genetisch unterschiedlichen Genotypen von HPAI H5N1 Viren dominiert wurden (Ger-10-21-N1.2; euC und Ger-10-21-N1.5; euAB). Räumlich-zeitliche Analysen der phylogenetischen Daten legten nahe, dass einer dieser Genotypen (Ger-10-21-N1.2) über die britischen Inseln in die Küstenregionen der Nordsee gelangt sein könnte. Der zweite Genotyp (Ger-10-21-N1.5) war an der deutschen Nord- und Ostseeküste nachweisbar. Die Auswertung

der genetischen Daten deutet auf eine Verbindung zwischen Viren aus Seeschwalbenkolonien an der deutschen Nordseeküste zu Brutkolonien in Belgien und den Niederlanden hin. Entlang der deutschen Ostseeküste wurden ähnliche Viren bis nach Dänemark und Polen verbreitet.

Auch in 2023 sind H5N1 positive Fälle aus Koloniebrütern beschrieben. Entlang der Küstenregionen waren in diesem Jahr erstmals besonders Lachmöwen betroffen. Diese wurden durch einen neuen, Möwen-adaptierten Genotyp verursacht (Ger-02-23-N1.1; euBB), der auch aktuell das HPAIV Geschehen bei Wildvögeln, Geflügel und wildlebenden Fleischfressern (Füchse) in Europa und Deutschland dominiert.

Literaturangaben:

Pohlmann, A., King, J., Fusaro, A., Zecchin, B., Banyard, A. C., Brown, I. H., . . . Harder, T. "Has Epizootic Become Enzootic? Evidence for a Fundamental Change in the Infection Dynamics of Highly Pathogenic Avian Influenza in Europe, 2021." *mBio* (**2022**): e0060922. https://dx.doi.org/10.1128/mbio.00609-22.

King, J., Harder, T., Globig, A., Stacker, L., Günther, A., Grund, C., . . . Pohlmann, A. "Highly pathogenic avian influenza virus incursions of subtype H5N8, H5N5, H5N1, H5N4, and H5N3 in Germany during 2020-21." *Virus Evol* 8, no. 1 (**2022**): veac035. https://dx.doi.org/10.1093/ve/veac035.

Pohlmann, A., Stejskal, O., King, J., Bouwhuis, S., Packmor, F., Ballstaedt, E., . . . Harder, T. "Mass mortality among colony-breeding seabirds in the German Wadden Sea in 2022 due to distinct genotypes of HPAIV H5N1 clade 2.3.4.4b." *J Gen Virol* 104, no. 4 (**2023**). https://dx.doi.org/10.1099/jgv.0.001834.

Pohlmann, A. “HPAIV Genotypes in Germany”. *Zenodo*. (**2023**). https://doi.org/10.5281/zenodo.8135769

Kontakt:

anne.pohlmann@fli.de

Das zoonotische Potential der HPAI

Armin Baillot

Niedersächsisches Landesgesundheitsamt

Neben der saisonalen Influenza, die in der humanen Population zirkuliert, liegt das Reservoir der zoonotischen Influenza in verschiedenen Tiergruppen (z.B. Wasservögel). Bei der Übertragung auf den Menschen sind insbesondere Hausgeflügel und -schweine relevant. Von den verschiedenen Influenzatypen (A, B, C) weist ausschließlich der Typ A zoonotisches Potential auf. Influenza A beinhaltet diverse Subtypen, die anhand der Hämagglutinin- (H) und der Neuraminidase- (N) Proteine der Virushülle differenziert werden. Im Gegensatz zu niedrig pathogenen aviären Influenzaviren (LPAI) besitzen manche Subtypen (H5 und H7) eine deutlich höhere Kontagiosität und Letalität für Geflügel und werden daher als hoch pathogen eingestuft (HPAI). Demgegenüber sind für menschliche Erkrankungen gegenwärtig nur die Influenza-Subtypen A/H1N1pdm09 und A/H3N2 relevant, die zu jährlichen Epidemien führen. Diese Subtypen sind optimal an den Menschen als Wirtsorganismus angepasst. Allerdings besteht fortlaufend die Gefahr, dass durch genetische Anpassung tierischer Subtypen (Antigendrift) oder durch einen Austausch unter verschiedenen Subtypen (Reassortment) neue Subtypen (Antigenshift) entstehen und in die menschliche Population vordringen. Diese Antigen-Shift bzw. -Drift hat im Verlauf der letzten hundert Jahre zu 4 Pandemien geführt, die im Fall der spanische Grippe zu erheblichen Opferzahlen geführt haben[1]. Aber auch ohne weitergehende Anpassung an den Menschen, kommt es immer wieder zu Übertragungen von aviärer Influenza. Seit 1959 gibt es dokumentierte Fälle von aviärer Influenza, seit 1997 auch erste Berichte über humane Infektionen mit HPAI H5N1[2]. Infektionen mit diesem Subtyp wurden seit 2003 international fortlaufend dokumentiert. Bei den resultierenden Erkrankungen sind Fieber und Husten aber auch gastrointestinale Symptomatik typisch. Das H5N1-Virus bindet vornehmlich an Rezeptoren im unteren Respirationstrakt und führt so nicht selten zu schwerwiegenden und letalen Komplikationen[3]. Seit Anfang 2003 bis zum September 2019 wurden weltweit 861 Infektionen und darunter 455 Todesfälle gezählt[3]. Insbesondere Südostasien und Ägypten sind betroffen[4]. In Deutschland wurden bisher keine menschlichen H5N1-Infektionen registriert[4]. Um das Risiko für menschliche Erkrankungen und die dadurch gegebene Gefahr von weiterer Anpassung des Virus im Sinne einer besseren Mensch-zu-Mensch-Übertragbarkeit zu minimieren, sind verschiedene Maßnahmen im Umgang mit infizierten Tieren dringend empfohlen bzw. vorgeschrieben. Dabei handelt es sich u.a. um Hygienemaßnahmen im Rahmen des Arbeitsschutzes, die die

Exposition und Ausbreitung reduzieren sollen, wie beispielsweise persönliche Schutzausrüstung, Atemschutzmasken, Desinfektion und Dekontamination. Zudem sollten die exponierten Personen eine aktuelle Influenzaimpfung erhalten haben, um eine gleichzeitige Infektion mit verschiedenen Influenza A-Subtypen und somit die Gefahr eines Reassortments zu verringern[5]. Darüber hinaus stehen mit den Neuraminidasehemmern Therapeutika zur Verfügung, die den individuellen Infektionsverlauf günstig beeinflussen und eine Ausbreitung verhindern helfen, da die Medikamente auch prophylaktisch eingesetzt werden können. Schließlich ist eine effektive Surveillance der beim Menschen zirkulierenden Viren wesentlich, um Entwicklungen im Bereich der Erregeranpassung rechtzeitig zu bemerken. Nachweise von aviärer Influenza (sowohl H5N1 als auch H7N9) sind nach Infektionsschutzgesetz meldeflichtig[6]. Empfehlungen zum Vorgehen bei Verdachtsfällen werden vom Robert Koch Institut herausgegeben[6]. Im Fall einer pandemischen Ausbreitung von H5N1 wäre ein passender Impfstoff das effektivste Werkzeug zum Schutz der Bevölkerung. Impfstoffe gegen Influenza H5N1 sind in Deutschland bereits zugelassen[7]. Obwohl diese Impfstoffe regelmäßig in Hinblick auf die zirkulierenden Virusvarianten aktualisiert werden, ist im Falle einer pandemischen Entwicklung die Impfeffektivität jedoch nicht garantiert, da die dann vorliegende Variante möglicherweise nicht optimal zum Impfstoff passt. Damit kommt den oben genannten vorbeugenden Maßnahmen umsomehr Gewicht zu.

Literaturangaben:

1. J K Taubenberger, D M Morens: 1918 Influenza: the Mother of All Pandemics. Emerg Infect Dis. 2006 Jan; 12(1): 15–22.

2. E C Claas, A D Osterhaus, R van Beek, J C De Jong, G F Rimmelzwaan, D A Senne, S Krauss, K F Shortridge, R G Webster: Human influenza A H5N1 virus related to a highly pathogenic avian influenza virus. Lancet. 1998 Feb 14;351(9101):472-7

3. Dayan Wang, Wenfei Zhu, Lei Yang, and Yuelong Shu: The Epidemiology, Virology, and Pathogenicity of Human Infections with Avian Influenza Viruses. Cold Spring Harb Perspect Med. 2021 Apr; 11(4): a038620

4. Robert Koch-Institut. Influenza (Teil 2): Erkrankungen durch zoonotische Influenzaviren. Berlin: 2016 Im Internet: https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/EpidBull/Merkblaetter/Ratgeber_Influenza_zoonotisch.html Stand: [12.12.2016]

5. Robert Koch-Institut. Empfehlungen des Robert Koch-Instituts zur Prävention bei Personen mit erhöhtem Expositionsrisiko durch (hochpathogene) aviäre Influenza A/H5. Berlin: 2021 Im Internet: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/ZoonotischeInfluenza/Empfehlungen_1.pdf Stand: [24.02.2021]

6. Robert Koch-Institut. Empfehlungen des Robert Koch-Instituts für die Meldung und das Management von Personen mit Verdacht auf aviäre Influenza (Influenzavirus A/H5N1). Berlin: 2013 Im Internet:

https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/Z/ZoonotischeInfluenza/Empfehlungen.html Stand: [01.08.2013]

7. Paul Ehrlich-Institut. Pandemische Influenza-Impfstoffe mit Musterzulassung. Langen: 2023 Im Internet: https://www.pei.de/DE/arzneimittel/impfstoffe/influenza-grippe/influenza-node.html Stand: [13.07.2023]

Meeressäuger: Gesundheitsmonitoring in Niedersachsen – Entstehung und Ergebnisse

Dr. Peter Lienau[1], Dr. Jens Brackmann[2]

Seehundstation Nationalpark-Haus Norden-Norddeich[1],
Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES),
Lebensmittel- und Veterinärinstitut Oldenburg[2]

Das niedersächsische Wattenmeer ist ganzjähriger Lebensraum von drei Meeressäugerspezies die als Spitzenprädatoren das komplexe Nahrungsnetz und die Strukturvielfalt dieser Landschaft repräsentieren: der Seehund, die Kegelrobbe und der Schweinswal. Die Populationsentwicklung und die Gesundheit dieser drei Tierarten sind daher ein wichtiger Indikator für das gesamte Ökosystem des Weltnaturerbes.

Seit 1991 besteht ein Abkommen zur Erhaltung des Seehundbestandes im Wattenmeer zwischen Dänemark, den Niederlanden und Deutschland. Die Nordsee-Anrainerstaaten sind darüber hinaus durch verschiedene nationale und internationale Vereinbarungen verpflichtet, den Schutz der marinen Säuger und ihres Lebensraums zu gewährleisten. Hier sind beispielhaft das Abkommen zur Erhaltung der Kleinwale in der Nord- und Ostsee (ASCOBANS), das Oslo-Paris-Abkommen zum Schutz der Meeresumwelt des Nordost-Atlantiks (OSPAR) sowie die Fauna-Flora-Habitat- (FFH-) Richtlinie zu nennen. Diese Vereinbarungen beinhalten u.a. Maßnahmen zur Überwachung der Populationsentwicklung und des Gesundheitszustandes der jeweiligen Meeressäugerspezies.

Während sich der Seehundbestand seit 2012 stabil auf einem hohen Niveau befindet, nimmt die Anzahl der Kegelrobben kontinuierlich zu. Auch für die Schweinswale ist die Bedeutung des niedersächsischen Küstenmeeres in den letzten 10 Jahren angestiegen.

Die Seehunde sind die mit Abstand am häufigsten vorkommende und durch den Menschen am ehesten wahrzunehmende Meeressäugerspezies. Im Sommer 2022 wurden im gesamten Wattenmeer 23.654 Seehunde gezählt. In der Vergangenheit gab es immer wieder Ereignisse, die diese besondere Tierart bedrohten. In den Jahren 1988 und 2002 führten zwei Virusepidemien, verursacht durch das Seehund-Staupevirus, jeweils zu drastischen Rückgängen der Seehundpopulation. Für die Kegelrobben- und Schweinswalbestände fanden

im Niedersächsischen Wattenmeer in den letzten Jahrzehnten glücklicherweise keine Epidemien oder Massenstrandungen statt. Im Jahr 2021 wurden in Niederlanden allerdings innerhalb von 10 Tagen etwa 190 Schweinswale tot aufgefunden. Durch pathologische Untersuchungen konnten bakterielle Infektionen mit dem Erreger Erysipelothrix rhusiopathiae als Erkrankungs- und Todesursache identifiziert werden. Die Belastung, insbesondere der Schweinswale, durch Stressoren (Lärmbelästigung) und durch persistente, akkumulierende Umweltgifte wird als Bedrohung für den Bestand angesehen.

Die Seehundstation Norden-Norddeich ist niedersachsenweit die einzige Betreuungsstation für Meeressäuger. Seit 1971 kümmert sich ein nunmehr 40-köpfiges Team um das Wohl der Tiere. Neben der Aufzucht maßgeblich „menschengemachter“ Heuler“, versucht die Station durch intensive Umweltbildung die bis zu 290.000 Besucher der Einrichtung für das WNE Wattenmeer zu sensibilisieren. Eine „Win-Win-Situation“, da sich die Station aus Eintrittsgeldern und Spenden zu 100% autark finanziert. Das Monitoring der Bestände war eine ursprüngliche Aufgabe, die ab Mitte der 1970er Jahre von der Bezirksregierung und nunmehr vom LAVES organisiert wird. Noch immer sind ehrenamtliche Mitarbeiter der Seehundstation an den trilateral abgestimmten Zählflügen beteiligt. Diese Ehrenamtlichen, meist Wattenjagdaufseher, sind auch wichtiger Bestandteil des Gesundheitsmonitorings: Sie bergen und liefern frischtote Meeressäuger zur Seehundstation. Diese Tiere und nicht überlebensfähige Seehunde, die bei Einlieferung erlöst werden müssen, werden vom LAVES untersucht.

Das Niedersächsische Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit wurde durch das Niedersächsische Landwirtschafts-ministerium mit der Untersuchung des Gesundheitsstatus von Seehunden beauftragt. Im Jahr 2021 wurde durch die Nationalparkverwaltung Niedersächsisches Wattenmeer um Einbeziehung der Kegelrobben und insbesondere der Schweinswale in das Gesundheitsmonitoring gebeten.

Diese Untersuchung ist vorrangig über die Sektion von frisch toten Seehunden zu ermitteln. Um diese amtliche Aufgabe im vollen Umfang ausüben zu können, wurde gemeinsam mit der Seehundstation Norden-Norddeich ein System entwickelt, über das die Tiere der Untersuchung zugeführt werden.

In der Vergangenheit sind in Niedersachsen bereits Untersuchungen an tot aufgefundenen Tieren durchgeführt worden. Jedoch fehlte bisher ein systematischer Ansatz mit standardisierter Datenerfassung und Auswertung der Untersuchungsergebnisse. Durch die Standardisierung des Untersuchungs-spektrums, welches routinemäßig an einer zuvor festgelegten Anzahl Tiere (angestrebte werden 50-70) pro Jahr zur Anwendung kommt, sollen tiefgehende Fragestellungen beantwortet werden. Auf neue Untersuchungsanforderungen und besondere Ereignisse (z.B. Massenstrandungen) kann entsprechend reagiert werden.

Im ersten Teil des Vortrags wird die Historie und der aktuelle Stand des Seehund Monitorings, also der Überwachung der Seehundpopulation im Wattenmeer, dargestellt. Im zweiten Teil wird über das Gesundheitsmonitoring der letzten drei Jahre berichtet.

Capripocken – ein Update

Bernd Hoffmann

Institut für Virusdiagnostik
Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald-Insel Riems

Lumpy Skin Disease Virus (LSDV), Goatpox Virus (GTPV) und Sheeppox Virus (SPPV) bilden die Gattung Capripoxvirus innerhalb der Familie Poxviridae. Infektionen mit den Capripockenviren (CaPV) werden als die schwerwiegendsten Pockenviruserkrankungen bei Rindern, Ziegen bzw. Schafe angesehen. Aufgrund der bedeutenden Produktionsverluste, die durch CaPV-Ausbrüche verursacht werden (z. B. verringerte Wachstumsrate und Masseverluste, verringerte Milchleistung, Schäden an Haut und Fell sowie vorübergehende oder dauerhafte Unfruchtbarkeit bei Bullen), haben Ausbrüche dieser Krankheiten massive Auswirkungen auf die nationale wie auch die globale Wirtschaft. Infolgedessen werden CaPVs gemäß den Richtlinien der Weltorganisation für Tiergesundheit (WOAH) als anzeigepflichtige Krankheiten eingestuft.

Im letzten Jahrhundert wurde LSD als eine in Afrika endemische Krankheit betrachtet; der erste Bericht stammt aus Sambia aus dem Jahr 1929. Im Jahr 1989 breitete sich die LSD nach Israel und dann weiter in andere Länder des Nahen Ostens aus. Im Jahr 2015 wurde LSDV in den Balkanländern und 2016 in Serbien nachgewiesen. In den letzten Jahren breitete sich LSDV in Russland, Bangladesch, China, Indien, Mongolei, Vietnam, Pakistan und Indonesien aus.

Bis 2017 zeigten Sequenzanalysen verschiedener LSDV-Feldisolate nur eine begrenzte genomische Variation. Das deutet darauf hin, dass das LSDV-Genom relativ stabil ist. Zwei phylogenetische Cluster wurden definiert, nämlich den Neethling-basierten-Impfstoffe-Cluster (1.1) und den Wildtyp-Cluster (1.2). Diese Einteilung änderte sich im Jahr 2018 mit der Entdeckung eines impfstoffähnlichen Isolats in Russland (Saratov, 2017). Dieses neue LSDV-Isolat stammte von einer Kuh mit typischer LSDV-Symptomatik und das entsprechende Virusgenom zeigte mehrere Rekombinationsereignisse. In den Folgejahren wurden weitere LSDV-Rekombinanten in verschiedenen Ländern Nord-Asiens entdeckt. Obwohl der genaue Ursprung dieser rekombinanten LSDV-Stämme schwer zu beweisen ist, gibt es einen vermuteten Zusammenhang mit einem attenuierten LSDV-Lebend-Impfstoff aus Kasachstan, der in dieser Region verwendet wird. Im Rahmen einer Qualitätskontrolle dieses LSDV-Lebendimpfstoffes, konnten mehrere verschiedene Capripocken-Viren, einschließlich LSDV-Feld- und Impfstoff-Stämme, GTPV und viele differente Rekombinanten im Impfstoff nachgewiesen werden. Es ist wahrscheinlich, dass dieser kontaminierte LSDV-Lebendimpfstoff

für die Verbreitung von verschiedenen LSDV-Rekombinanten in Asien verantwortlich ist. Aktuell ist unklar, welche Verbreitung diese rekombinanten Stämme in der Region haben und zukünftig noch haben werden. Klar scheint aber zu sein, dass sie deutliche Klinik verursachen können und somit wie „normale“ Feldstämme reglementiert und bekämpft werden sollten. Der Nachweis der kontaminierten LSDV-Lebendvakzine macht deutlich, dass bei der Entwicklung und Etablierung von Lebend-Vakzinen ein sehr hoher Qualitätsstandard eingehalten werden sollte und nicht jede der weltweit produzierten Vakzinen diesen Ansprüchen genügt.

GTPV und SPPV sind weit verbreitet in Nord- und Zentralafrika, im Nahen Osten, dem indischen Subkontinent sowie in Teilen Fern-Asiens einschließlich China, Russland und Vietnam. Ausbrüche von Schafpocken und Ziegenpocken, gab es auch in Griechenland und von SPPV aktuell auch in Spanien.

Am 19.09.2022 wurde erst malig über das Auftreten von SPPV in Zentral-Spanien berichtet. Bis zum April 2023 wurde von 32 positiven Betrieben berichtet. Auch über den Winter 22/23 ist das Infektionsgeschehen nicht völlig zum Erliegen gekommen. Es wurden folgende grundsätzliche Bekämpfungsmaßnahmen eingeleitet:

- Die sofortige vor-Ort Keulung aller sich im Betrieb befindlichen Schafe und Ziegen und die sichere Entsorgung der Tierkörper
- Sichere Entsorgung von Risikoprodukten
- Reinigung und Desinfektion der betroffenen Stalleinheiten unter behördlicher Aufsicht
- Epidemiologische Nachforschung zur Ermittlung des Viruseintrages und der Ausbreitungswege der Krankheit in den letzten Wochen. Alle Kontaktfarmen werden umgehend zur klinischen Inspektion und Probenahme besucht.
- Regionalisierung mit Festlegung einer Sperrzone, bestehend aus einer Schutzzone (7 km) und einer Überwachungszone (25 km), in denen Maßnahmen umgesetzt werden, die im Einklang mit der Delegierten Verordnung (EU) 2020/687 stehen

Es bleibt zu hoffen, dass die eingeleiteten Maßnahmen zur Eradikation der Erkrankung in Spanien ausreichen werden.

Kontakt:

bernd.hoffmann@fli.de

Umgang mit Kategorie C- Seuchen bei Wassertieren

Dr. Julia Bauer

Nds. Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Hannover

Kategorie C- Seuchen bei Wassertieren

Bei Kategorie C Seuchen handelt es sich um gelistete Seuchen gemäß Anhang 2 der Verordnung (EU) 2016/429 (AHL), die für einige Mitgliedstaaten relevant sind und für die Maßnahmen getroffen werden müssen, damit sie sich nicht in anderen Teilen der Union ausbreiten, die amtlich seuchenfrei sind oder in denen es Tilgungsprogramme für die jeweilige gelistete Seuche gibt. Wassertierseuchen der Kategorie C gelten gemäß Art. 9 AHL gleichzeitig als Seuche der Kategorie D (Handelsrelevanz) und E (Überwachung). Aktuell sind sieben Wassertierseuchen als Seuchen der Kategorie C gelistet:

<u>Fischseuchen:</u>

- Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS)
- Infektiöse Hämatopoetische Nekrose (IHN)
- Infektion mit dem HPR-deletierten Virus der Infektiösen Lachsanämie (ISA)

<u>Krebstierseuchen:</u>

- Infektion mit dem White Spot Syndrome Virus (WSD)

<u>Muschelseuchen:</u>

- Infektionen mit *Bonamia exitiosa*
- Infektionen mit *Bonamia ostreae*
- Infektionen mit *Marteilia refringens*

Seuchenbekämpfung von Kategorie C- Seuchen bei Wassertieren

Verpflichtende Maßnahmen zur Seuchenbekämpfung betreffen lediglich Aquakulturbetriebe, die Gegenstand eines Tilgungsprogramms für die betreffende Seuche bzw. in Bezug auf die betreffende Seuche als seuchenfrei erklärt wurden. Das AHL sieht bei Ausbrüchen in Aquakulturbetrieben, die keinem Tilgungsprogramm unterliegen oder nicht als seuchenfrei gelten grundsätzlich keine Bekämpfung von Seuchen der Kategorie C vor.

Für die Möglichkeit der Anwendung von Mindestmaßnahmen bedarf es nach aktuellem Stand (Juli 2023) einer Anpassung des EU-Rechts.

Die Art. 110 und 111 der Delegierten Verordnung (EU) 2020/687 verweisen in Bezug auf vorläufige Bekämpfungsmaßnahmen bei Verdacht auf eine Wassertierseuche der Kategorie C bzw. in Bezug auf Bekämpfungsmaßnahmen nach Bestätigung einer Wassertierseuche der Kategorie C in seuchenfreien Mitgliedstaaten, Zonen oder Kompartimenten auf die Delegierte Verordnung (EU) 2020/689 (DelV 2020/689). Diese enthält Seuchenbekämpfungsmaßnahmen (Untersuchungen, Verbringungsverbote und deren etwaige Ausdehnung auf Aquakulturbetriebe in epidemiologischer Verbindung oder wild lebende Wassertiere) in Bezug auf den Verdacht auf bestimmte Wassertierseuchen der Kategorie C sowie Ausnahmen von Verbringungsverboten (Art. 55 - 57). Weiterhin sind Maßnahmen geregelt, die nach Bestätigung bestimmter Wassertierseuchen der Kategorie C Anwendung finden wie die Einrichtung einer Sperrzone, Durchführung von (epidemiologischen) Untersuchungen, Verbringungsverbote und Ausnahmen davon, Entfernung infizierter Tiere, Tötung bzw. Schlachtung, Reinigung und Desinfektion, Stilllegung und weitere Risikominimierungsmaßnahmen (Art. 58 – 65).

© Dr. Julia Bauer

Tilgungsprogramme und Seuchenfreiheit

Es besteht die Möglichkeit den Status „seuchenfrei“ für Kategorie C-Seuchen zu erlangen. Die DelV 2020/689 enthält die verschiedenen Möglichkeiten/Kriterien zur Freiheitserklärung:

- Allgemeine Kriterien gemäß Art. 66 der DelV 2020/689 müssen erfüllt werden. Hierzu zählen u.a. der räumliche Anwendungsbereich, die Erfüllung hinsichtlich Maßnahmen zum Schutz vor biologischen Gefahren, Umsetzung von Seuchenbekämpfungsmaßnahmen bei einem Verdacht auf die Seuche bzw. bei einer Bestätigung der Seuche, Zulassung oder Registrierung des Betriebes sowie Bedingungen zur Identifizierung der Zieltierpopulation, der Rückverfolgbarkeit und zur Verbringung.

- Spezifische Bedingungen gemäß der Art. 67, 68, 70, 71 und 80 der DelV 2020/689 ermöglichten die Erklärung des Status „seuchenfrei“ auf Grundlage

    1. des Nichtvorhandenseins gelisteter Arten
    2. der Unfähigkeit des Seuchenerregers zu überleben
    3. von historischen Daten und Überwachungsdaten
    4. von Tilgungsprogrammen
    5. besondere Bestimmung für unabhängige Kompartimente und neue Betriebe

- Seuchenspezifische Anforderungen gemäß Anhang VI Teil 2 Kapitel 1 bis 6

In der Durchführungsverordnung (EU) 2021/620 werden Mitgliedstaaten bzw. Zonen gelistet, die in Bezug auf bestimmte Seuchen der Kategorie C als seuchenfrei gelten oder einem genehmigten Tilgungsprogramm unterliegen. Das TierSeuchenInformationsSystem (TSIS, https://tsis.fli.de/) enthält eine Bekanntmachung (gemäß Art. 38 AHL) der Zonen und Kompartimente, die in Deutschland den Status „seuchenfrei“ in Bezug auf bestimmte Wassertierseuchen der Kategorie C haben.

Freiwilliges Überwachungsprogramm für bestimmte Seuchen der Kategorie C

Im Wege der Delegierten Verordnungen (EU) 2020/689 und (EU) 2020/691 wurde dieser Gesundheitsstatus ausschließlich für Wassertiere etabliert. Er bietet Aquakulturbetrieben die Möglichkeit einen Gesundheitsstatus zu erlangen ohne ein Tilgungsprogramm durchlaufen zu müssen. Die Teilnahme am freiwilligen Überwachungsprogramm bietet sich an für Betriebe, die zuvor gemäß Richtlinie 2006/88/EG als Kategorie III- Betriebe galten. Hierbei handelt es sich um unauffällige Betriebe, in denen die entsprechende Seuche noch nicht aufgetreten ist. Zusätzlich zu den allgemeinen Verpflichtungen für zugelassene Aquakulturbetriebe zur risikobasierten Tiergesundheitsüberwachung sind im freiwilligen Überwachungs-programm zusätzlich Laboruntersuchungen notwendig.

Verbringungen in Bezug auf Kategorie C Seuchen bei Wassertieren

Die Artikel 191 - 207 AHL enthalten umfassende Regelungen zum innerstaatlichen Verbringen von Wassertieren und zum Verbringen von Wassertieren zwischen Mitgliedstaaten der EU. Nur klinisch unauffällige Wassertiere aus Beständen, in denen keine anormale Mortalität ungeklärter Ursache festgestellt wurde, dürfen verbracht werden. Verbringungen von Aquakulturtieren in Betriebe, die einem Tilgungs-programm unterliegen oder als

seuchenfrei gelten, sind grundsätzlich nur aus Mitgliedstaaten, Zonen oder Kompartimenten möglich, die von der betreffenden Seuche der Kategorie C als frei erklärt wurden. Bei der Verbringung seuchenfreier Tiere sind Veterinärbescheinigungen gemäß Durchführungsverordnung (EU) 2020/2235 bzw. 2020/2236 der Sendung beizufügen. Weiterführende Anforderungen in Bezug auf das Verbringen von Wassertieren zwischen Mitgliedstaaten sind in der Delegierten Verordnung (EU) 2020/990 enthalten.

Das Verbringen von Wassertieren in die Union (Eingang in die Union) ist nur aus gelisteten Drittländern gemäß Durchführungsverordnung (EU) 2021/404 erlaubt. Sie müssen die Tiergesundheitsanforderungen des AHL und der relevanten Tertiärrechtsakte erfüllen und von einer Veterinärbescheinigung begleitet sein. Die Delegierte Verordnung (EU) 2020/692 enthält weitergehende Anforderungen in Bezug auf den Eingang von Land- und Wassertieren in die Union.

Weiterführende Informationen sowie alle relevanten Rechtsgrundlagen können dem **Infoschreiben „Anwendung des AHL ab 21.04.2021“** entnommen werden.

© Dr. Julia Bauer

Kontakt:

Dr. Julia Bauer
Niedersächsisches Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit
Dezernat 32 - Tierseuchenbekämpfung und Task-Force Veterinärwesen
Eintrachtweg 19
30173 Hannover
julia.bauer@laves.niedersachsen.de
Tel.: 0511/28897-924

West-Nil-Virus – Ein Update im 6. WNV-Jahr für Deutschland

Dr. Susanne Kenklies

Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Fachbereich Veterinärmedizin

Einleitung

Die Infektion mit dem West-Nil-Virus (WNV) war für Deutschland bis 2018 eine exotische Tierseuche. Dies änderte sich im Sommer 2018 mit dem ersten WNV-Nachweis bei einem im Zoo in Halle (Saale) gehaltenen Bartkauz. Im selben Jahr wurde das WNV bei elf weiteren Vögeln und zwei Pferden in Deutschland festgestellt (Ziegler et a., 2020).

In allen folgenden Jahren gab es Fälle von WNV bei Vögeln, Pferden und auch bei Menschen. Für manche Regionen blieb es bisher bei nur einem Jahr mit WNV-Nachweisen, z. B. in Bayern, Mecklenburg-Vorpommern und Thüringen. Andere Gebiete haben sich zu WNV-Hotspots entwickelt, in denen WNV-infizierte Tiere in jedem Jahr seit 2018 gefunden wurden (Karte des FLI „WNV-Nachweise bei Vogel + Pferd von 2018 – 2021“ mit Daten bis Ende 2022).

Ganz offensichtlich hat das WNV der Linie 2, das höchstwahrscheinlich durch Zugvögel aus der Tschechischen Republik nach Deutschland eingetragen wurde (Ziegler et al., 2019) in Deutschland gute Bedingungen für eine dauerhafte Etablierung in bestimmten Gebieten Deutschlands vorgefunden.

Basics zum West-Nil-Virus

Das WNV ist ein behülltes Einzelstrang-RNA-Virus mit neurotropen Eigenschaften. Es ist ca. 40 – 50 nm groß und in die Familie der Flaviviridae eingruppiert, dessen namensgebendes Virus das Gelbfiebervirus (flavus lat. für gelb) ist. Zusammen mit dem Usutuvirus (USUV) und weiteren Viren gehört es zur Serogruppe des Virus der Japanischen Enzephalitis (Engler et al., 2013).

Reservoir

Der produktive Infektionszyklus läuft zwischen ornithophilen Mücken und Vögeln ab (Kramer et al., 2008), wobei Vögel als Amplifikationswirte dienen. Viele Vogelarten sind sehr empfänglich für das WNV. Hier sind insbesondere Greif- und Eulenvögel, Rabenvögel, Falken und Sperlingsvögel zu nennen. Diese können mit schweren neurologischen Symptomen erkranken und an der Infektion sterben. Leichtere Verläufe werden ebenso beobachtet.
Ein zugelassener Impfstoff für Vögel steht derzeit nicht zur Verfügung.

Säugetiere können infiziert werden, die meisten Arten zeigen jedoch keine Klinik. Darüber hinaus spielen Säugetiere keine epidemiologische Rolle für die Verbreitung des WNV, da die kurze und niedrige Virämie nicht zu einer Ansteckung von Vektoren führen kann. Sie sind für das Virus Fehl-/Sackgassen-/akzidentelle Wirte.

Allerdings kann eine WNV-Infektion für Pferde und Menschen bedeutsam sein, da diese mit z. T. schweren Symptomen erkranken und auch Todesfälle auftreten können.

Pferde
Etwa 8 % der infizierten Pferde erkranken mit Symptomen einer Enzephalitis / Meningoenzephalitis (Gardner et al., 2007). Zu den häufigen Symptomen gehören Ataxien, Muskelzuckungen, Schwäche der Gliedmaßen und Festliegen. Weniger häufig werden Fieber, Beeinträchtigung der Fazialisnerven (z. B. herabhängende Lippen, Muskelzuckungen am Kopf) beobachtet. Auch Anorexie, Lahmheit oder Koliken können auftreten. Einige neurologisch erkrankte Tiere behalten dauerhaft Schäden zurück. Es sterben etwa 30 % oder müssen eingeschläfert werden.
Für Pferde stehen derzeit drei zugelassene Impfstoffe zur Verfügung.

Menschen
Etwa 20 % der infizierten Menschen entwickeln Symptome. Diese können grippeähnlich mit Fieber, Kopfschmerzen, Schüttelfrost, es kann ein Hautausschlag auftreten. Etwa 1 % der Infizierten entwickeln die neuroinvasive Form, die meist eine gutartige Meningitis ist. Seltener tritt eine Enzephalitis mit schweren Symptomen wie z. B. Bewusstseinsveränderungen, schlaffen Lähmungen, Koma auf. Von den schwer erkrankten Patienten sterben etwa 5 – 10 %. Besonders betroffen sind hier ältere, immunsupprimierte oder kardiovaskulär vorerkrankte Menschen (RKI-Homepage, abgerufen 23.08.23.

Diagnostik am LAV
<u>Pferde</u>:
Für Pferde werden hauptsächlich Plasma oder Serum zum Antikörpernachweis eingesandt. Zunächst wird der IgG-ELISA der Firma Innovative Diagnostics durchgeführt. Wenn dieser positiv reagiert oder wenn im Vorbericht passende klinische Erscheinungen mitgeteilt werden, wird der biphasische IgM-ELISA ebenfalls von Innovative Diagnostics angesetzt.

Alle IgG und/oder IgM-positiven Proben werden zur Differenzierung der Identität der Antikörper an das nationale Referenzlabor für WNV am FLI geschickt. Dort werden in einzelnen Serumneutralisationstests gegen WNV, USUV und das FSME-Virus untersucht, welches dieser drei Flaviviren die IgG-ELISA-Reaktion verursacht hat. Aufgrund der Ähnlichkeit des Hüllproteins E (für envelope) ist eine spezifische Antikörperdiagnostik mit dem verwendeten IgG-ELISA nicht möglich

Eine postmortale Diagnostik wird mittels PCR aus Gehirn und Rückenmark durchgeführt.

Vögel:
Die postmortale Diagnostik wird mittels PCR aus Organmaterial (Gehirn, Milz, Herz, Leber, Niere) durchgeführt.
Aus AI-Monitoringproben von Freilandbeständen (Hühner, Enten, Gänse) wird aus wissenschaftlichem Interesse der IgG-ELISA (s. o.) angesetzt. Hier positiv oder verdächtig reagierende Proben werden an das NRL für WNV gesandt.

Update: was gibt es neues?

aktuelle Zahlen (22.08.2023)

Auch im aktuellen Jahr 2023 gab es bereits WNV-Nachweise bei Tieren und Menschen in Deutschland. Hierbei konzentrieren sich die Fälle wieder auf Gebiete mit „WNV-Historie“, nämlich Sachsen-Anhalt (2 x Greifvogel, 1 x Eule, 2 x Mensch), Berlin (3 x Greifvogel), Brandenburg (1 x Greifvogel) und Sachsen (1 x Eule) (Angaben aus TSN, abgerufen 22.08.2023, 12:41 Uhr).

Dem European Centre for Disease Prevention and Control, ECDC wurden seit Beginn der aktuellen Übertragungssaison acht WNV-Fälle bei Pferden (Spanien 5, Frankreich 2, Ungarn 1) und 47 Fälle bei Vögeln (Italien 37, Deutschland 7, Bulgarien 1, Spanien 1 und Frankreich 1(Daten vom 16.08.2023). Wobei in TSN aktuell (22.08.23) 8 WNV-Ausbrüche für Deutschland gemeldet sind.

Bisher wurden 2023 in Deutschland keine frisch mit WNV infizierten Pferde gefunden.

Taxonomie
2022 hat das internationale Komitee für die Taxonomie der Viren (International Committe on Taxonomy of Viruses, ICTV) die binäre Nomenklatur auch für Viren eingeführt. Das WNV ist weiterhin in die Familie der *Flaviviridae* eingeordnet. Das Genus ist von *Flavivirus* in *Orthoflavivirus* umbenannt und die Virusspezies heißt anstatt *West Nile virus* nun *Orthoflavivirus nilense* (ICTV Homepage, abgerufen am 23.08.2023)

Literaturangaben:

- Ziegler, U. et al., West Nile Virus Epidemic in Germany Triggered by Epizootic Emergence, 2019, Viruses 2020, 12, 448
- West-Nil-Virus: Friedrich-Loeffler-Institut (fli.de)
- Engler et al., European surveillance for West Nile virus in mosquito populations. Int. J. Environ.Res. Public Health 2013, 10, 4869-4895
- Ziegler, U. et al., West Nile Virus Epizootic in Germany, 2018, Antiviral Research 162 (2019) 39 – 43
- Kramer et al.,
- Gardner, I.A. et al., Incidence and effects of West Nile virus infection in vaccinated and unvaccinated horses in California. Vet Res. 2007; 38:109-116
- RKI - West-Nil-Fieber - West-Nil-Fieber im Überblick
- Current ICTV Taxonomy Release | ICTV

Kontakt:

susanne.kenklies@sachsen-anhalt.de;
Tel. 03931-631-281/-0
Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt
Freiimfelder Straße 68
06112 Halle (Saale),
Dienstgebäude Fachbereich Veterinärmedizin Haferbreiter Weg 132-135 39576 Stendal

Tollwut in Deutschland und Europa - ein Update

Conrad M. Freuling und Thomas Müller

Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie
Friedrich-Loeffler-Institut

Die Tollwut ist eine der am längsten bekannten Zoonosen und stellt eine Paradebeispiel für das One-Health-Konzept der Bekämpfung dar. Die Erreger, Lyssaviren aus der Familie der Rhabdoviridae, Ordnung Mononegavirales, führen zu einer Enzephalitis, die schließlich tödliche Folgen für erkrankte Menschen und Tiere hat. Die Übertragung erfolgt in der Regel über infektiösen Speichel mittels Bisskontakt, wobei infizierte Hunde für die überwiegende Zahl der jährlich mehr als 50.000 Todesopfer verantwortlich sind. Innerhalb der Lyssaviren stellen aber Fledermäuse (Mega- und Microchiroptera) Reservoire für fast alle Viren dar.

Fledermaustollwut in Deutschland und Europa

Interessanterweise ist die Tollwut die älteste mit Fledermäusen assoziierte virale Zoonose. Fledermaustollwut in Europa wird hauptsächlich durch zwei verschiedene Lyssavirusspezies der Phylogruppe I, dem European bat lyssavirus 1 und 2; EBLV-1 und EBLV-2) hervorgerufen. Von 1977 bis 2022 sind in Europa 1.401 Fälle von Fledermaustollwut gemeldet worden, wobei in mehr als 95% der Fälle EBLV-1 nachgewiesen wurde. Einzelnachweise von z.T. neuen Lyssaviren zeigen jedoch, dass die Diversität dieses Genus auch in Europa sehr groß ist. So wurden das Westcaucasian Bat Lyssavirus (WCBV) und das Lleida bat lyssavirus (LLBV) als Vertreter der Phylogruppe 2, sowie das Bokeloh bat lyssavirus (BBLV), das Kotalahti Bat Lyssavirus (KBLV) und das Divača bat lyssavirus (DBLV) aus der Phylogruppe 1 in europäischen Fledermäusen detektiert.

Klassische Tollwut (RABV)

Deutschland konnte sich gemäß den Kriterien der Weltorganisation für Tiergesundheit als „tollwutfrei“ (Freiheit von klassischer Tollwut) erklären (Müller et al., 2012). Derzeit tritt durch die EU-koordinierten und unterstützten Impfkampagien die Fuchsvermittelte Tollwut nur noch im Osten Europas auf. Trotz der Aufrechterhaltung eines Impfgürtels, kam es seit 2021 zur Einschleppung und Ausbreitung der fuchsvermittelten Tollwut in vormals tollwutfreien Gebieten in Zentralpolen in der Nähe zu Warschau. Intensive Bekämpfungsmaßnahmen, besonders die orale Immunisierung mittels Köder führten zu einem drastischen Rückgang der Fallzahlen, und in diesem Jahr wurde kein weiterer Tollwutfall gemeldet. In Rumänien traten Tollwutfälle im Grenzgebiet zur Ukraine und Moldawien gehäuft auf, zum Teil auch mit

Ansteckungen von Haustieren und landwirtschaftlichen Nutztieren. Leider verzögert sich die Köderauslage, da es rechtliche Auseinandersetzungen gibt.

Eine ähnlich positive Entwicklung wie in Polen gibt es aus der Türkei zu vermelden, wo auch die orale Immunisierung zur Kontrolle der Tollwut im westlichen Landesteil geführt hat.

Die Bekämpfung der Tollwut ist im Rahmen der neuen EU-Tiergesetzgebung (Verordnung (EU) 2016/429) als Tierseuche der Kategorie B obligat für die Mitgliedsländer. Auch die Kontrolle von Verbringungen von Heimtieren und Überwachung der Impfwirksamkeit (Verordnung (EU) Nr. 576/2013) stellen wirksame Maßnahmen dar, die eine Wiedereinschleppung der Tollwut verhindern. So sind alle importierten Tollwutfälle in der EU bei Tieren aufgetreten, die nicht verordnungskonform und z.t. illegal nach in die EU verbracht wurden. Modellierungen zeigen, dass die derzeitig vorgeschriebene Wartezeit nach serologischem Nachweis von 90 auf 30 Tage gesenkt werden könnte, ohne das Risiko substantiell zu erhöhen. Dieser Vorschlag wurde aber international im Rahmen der WOAH-Delegiertenkonferenz nicht übernommen.

Kontakt:

Dr. Conrad Freuling
Institut für molekulare Virologie und Zellbiologie
Friedrich-Loeffler-Institut, 17493 Greifswald - Insel Riems
E-Mail: Conrad.Freuling@fli.bund.de