

TIERGESUNDHEITS JAHRESBERICHT 2023



Tiergesundheitsjahresbericht 2023

24. Jahrgang 2024

ISSN 1867-9374

Herausgeber

Friedrich-Loeffler-Institut

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Südufer 10

17493 Greifswald - Insel Riems

Internet: www.fli.de

Redaktion

Dr. N. Denzin, Dr. T. Homeier-Bachmann, H. Knittler

Friedrich-Loeffler-Institut

Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Institut für Epidemiologie

Südufer 10, 17493 Greifswald - Insel Riems

Redaktionsschluss

20. Dezember 2024

Fotos

Pferd und Schafe (© M. Pfau, FLI), Mücken und Graugänse (© pixabay)

Einleitung	4
Kapitel 1 Der Viehbestand	6
Kapitel 2 Fallstatistiken	19
1. Afrikanische Schweinepest - African Swine Fever	25
2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen - American foulbrood.....	27
3. Aviäre Influenza bei Geflügel und Wildvögeln - Avian influenza in poultry and wild birds.....	29
4. Beschälseuche der Pferde - Dourine	41
5. Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease - Bovine viral diarrhea/Mucosal disease	43
6. Campylobacteriose (thermophile <i>Campylobacter</i>) - Campylobacteriosis	47
7. Echinokokkose - Echinococcosis.....	53
8. Hantaviren in Mitteleuropa - Hantaviruses in Central Europe	56
9. Kontagiöse Equine Metritis (CEM).....	62
10. Paratuberkulose - Paratuberculosis (Johne´s Disease)	65
11. Q-Fieber - Q (query) Fever.....	69
12. Rauschbrand - Blackleg.....	75
13. Salmonellose der Rinder - Salmonellosis in cattle	79
14. Shigatoxin-bildende <i>Escherichia coli</i> [(STEC, syn. Verotoxin-bildende <i>E. coli</i> (VTEC)] - Shiga toxin-producing <i>E. coli</i> (Vero toxin-producing <i>E. coli</i>)	87
15. Toxoplasmose - Toxoplasmosis.....	93
16. Tuberkulose der Rinder - Bovine Tuberculosis	96
17. Tularämie - Tularemia	103
18. Usutu-Virus-Infektion - Usutu virus infection	107
19. Vibrionenseuche der Rinder - Bovine genital campylobacteriosis	112
20. Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN) - Viral Haemorrhagic Septicaemia and Infectious Haematopoeitic Necrosis	116
21. West-Nil-Virus-Infektion - West Nile virus infection.....	124
Anlagen	130

Einleitung

Friedrich-Loeffler-Institut

Bereits seit mehr als 20 Jahren veröffentlicht das Friedrich-Loeffler-Institut jährlich einen Bericht über die Entwicklung der Tiergesundheit. Dieser jährliche Bericht ist eine gesetzlich verankerte Aufgabe und darüber hinaus auch ein Element für die praktische Umsetzung des One-Health-Ansatzes in Deutschland. Denn nur gesunde Tiere gewährleisten die Versorgung des Menschen mit Lebensmitteln tierischer Herkunft im nötigen Umfang sowie in der erforderlichen lebensmittelhygienischen Qualität. Gesunde Tiere bedürfen auch keiner Therapie mit antimikrobiellen Substanzen. Ein reduzierter Einsatz Letzterer wirkt der seit langem beobachteten massiven Ausbreitung von antimikrobiellen Resistenzen entgegen und trägt somit zum Erhalt zukünftiger Therapieoptionen für Tier und Mensch bei. Schließlich schützen in Bezug auf zoonotische Erkrankungen gesunde Tiere unmittelbar vor entsprechenden Infektionen des Menschen.

Der Tiergesundheitsjahresbericht enthält die Ergebnisse von epidemiologischen und labor-diagnostischen Untersuchungen, von staatlichen Bekämpfungsmaßnahmen sowie eine Einschätzung zur Gefährdung von Tieren und Menschen durch ausgewählte Tierseuchen/Tierkrankheiten im Jahr 2023. Die Reihenfolge der Berichte zu bestimmten anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten richtet sich nach der auf der Generalversammlung der Weltorganisation für Tiergesundheit (WOAH) im Mai 2004 beschlossenen Klassifikation (Listung) von Tierkrankheiten. Diese Gliederung ermöglicht eine bessere Vergleichbarkeit und Bewertbarkeit der vorliegenden Daten mit internationalen Berichten.

Der Tiergesundheitsjahresbericht 2023 zeigt wiederum, dass in der Bundesrepublik Deutschland das Risiko des Auftretens von übertragbaren Krankheiten bei Tieren und die sich daraus ergebenden Folgen nicht unterschätzt werden dürfen.

Das Geschehen der Afrikanischen Schweinepest beim Wildschwein setzte sich zwar in Brandenburg und Sachsen mit 887 Fällen, etwa zu gleichen Teilen auf beide Bundesländer verteilt, fort, dies entspricht aber einem Rückgang gegenüber dem Vorjahr um etwa 50 Prozent und demonstriert die Wirksamkeit der Bekämpfung. Bei Hausschweinen kam es 2023 nur zu einem Ausbruch der Afrikanischen Schweinepest in einer Kleinhaltung in Brandenburg. Auch das HPAIV-Geschehen, das im Oktober 2021 begann, setzte sich über das gesamte Jahr 2023 hinweg fort und zeigt zunehmend enzootische Züge ohne ein vollständiges Erliegen der Nachweise im Sommer. Allerdings haben sich die Ausbrüche beim gehaltenen Geflügel (74) gegenüber dem Vorjahr (203) nahezu auf ein Drittel reduziert und auch die Nachweise bei Wildvögeln waren rückläufig (1.123 versus 1.376 in 2022).

Ab Oktober 2023 kam es zu den ersten Ausbrüchen (insgesamt 24) der Blauzungkrankheit (Serotyp BTV-3), zunächst grenznah zu den Niederlanden, in denen sich die Erkrankung schon ab September sehr schnell verbreitet hatte.

Ungeachtet der skizzierten Ausbruchsgeschehen ist der Tiergesundheitsstatus der Nutztierbestände in Deutschland auf einem sehr hohen Niveau. Dies ist nicht zuletzt das Ergebnis einer erfolgreichen Zusammenarbeit zwischen Bund und Ländern bei der Verhütung und Bekämpfung von Tierseuchen.

In der Bundesrepublik Deutschland waren gemäß der „Statistik 2023: Tierärzteschaft in der Bundesrepublik Deutschland“ zum 31.12.2023 insgesamt 45.163 Tierärztinnen und Tierärzte bei den Kammern gemeldet.

Davon waren 33.419 in Deutschland und 426 im Ausland tierärztlich tätig. Von den im Inland tierärztlich Tätigen waren 23.122 in der tierärztlichen Praxis (einschließlich Assistentinnen und Assistenten sowie Vertreterinnen und Vertretern) und 7.214 im Beamten- (1.476) und Angestelltenverhältnis (5.738) im öffentlichen Dienst tätig. Weitere Tierärzte waren in der Industrie, bei der Bundeswehr und in anderen tierärztlichen Tätigkeiten beschäftigt.

Der Dachverband aller Tierärzte in Deutschland ist die

Bundestierärztekammer
Französische Straße 53, 10117 Berlin
Tel. 030/201 4338-0
Telefax: 030/201 4338-88
E-Mail: geschaeftsstelle@btkberlin.de.

Das öffentliche Veterinärwesen ist der öffentliche Dienst, der die im allgemeinen Interesse liegenden veterinärmedizinischen Aufgaben zum Schutz der Gesundheit von Tier und Mensch wahrnimmt.

Die grundlegenden Aufgabenfelder des öffentlichen Veterinärwesens sind:

- Überwachung, Prävention und Bekämpfung von Krankheiten, insbesondere von übertragbaren Krankheiten der Tiere
- Schutz des Menschen vor Gefahren und Schädigungen durch Tierkrankheiten
- Schutz des Menschen vor Gesundheitsgefährdung und -schädigung sowie vor Irreführung und Täuschung durch Lebensmittel, darunter Erzeugnisse tierischer Herkunft

- Schutz des Lebens und Wohlbefindens der Tiere sowie Verhütung von Schmerzen, Leiden und Schäden
- Schutz der Umwelt vor den von Tieren sowie tierischen Erzeugnissen und Nebenprodukten ausgehenden schädlichen Einflüssen

Die Aufgaben des Veterinärwesens decken somit das Prinzip "vom Stall bis zum Tisch" als grundlegendes Prinzip der Lebensmittelsicherheit vollständig ab. Die Aufgaben werden in Abstimmung mit anderen Fachverwaltungen, vor allem mit der Gesundheitsverwaltung und der Landwirtschaftsverwaltung, durchgeführt. Die Durchführung des überwiegenden Teils der o.g. Aufgaben obliegt den zuständigen Behörden der Länder.

Auf Grundlage der Verordnung (EU) Nr. 2021/690 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 28. April 2021 zur Aufstellung eines Programms für den Binnenmarkt, die Wettbewerbsfähigkeit von Unternehmen, einschließlich kleiner und mittlerer Unternehmen, den Bereich Pflanzen, Tiere, Lebensmittel und Futtermittel sowie europäische Statistiken (Binnenmarktprogramm) beteiligt sich auch die Europäische Union finanziell an verschiedenen Maßnahmen des deutschen öffentlichen Veterinärwesens. Mit der genannten Verordnung werden u. a. die Modalitäten der finanziellen Beteiligung der Union für

- Dringlichkeitsmaßnahmen im Veterinärbereich,
- Programme zur Tilgung, Bekämpfung und Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen festgelegt.

Kapitel 1 Der Viehbestand

Bestandsentwicklung und aktuelle Bestandszahlen für Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen, Pferde und Geflügel in Deutschland

Denzin, N.; Homeier-Bachmann, T.; Wysocki, P.; Knittler, H

Vorbemerkungen

Auf der Grundlage des Agrarstatistikgesetzes (AgrStatG) finden regelmäßige Erhebungen der Bestandszahlen für Rinder, Schweine, Schafe, Ziegen und Geflügel statt. Diese Erhebungen werden zweimal jährlich in allen Bundesländern mit Ausnahme der Stadtstaaten durchgeführt und finden im Rahmen einer Agrarstrukturerhebung, die wechselweise als Vollerhebung oder als Stichprobenbefragung durchgeführt wird, statt. Die Erhebungen zum Rinderbestand werden zweimal jährlich am 3. Mai und am 3. November als Auszug aus dem Herkunfts- und Informationssystem für Tiere (HIT-Datenbank) erstellt und für statistische Zwecke ausgewertet. Im Rahmen der Viehbestandserhebung Schweine werden repräsentativ Betriebe mit mindestens 50 Schweinen oder 10 Zuchtsauen jeweils zum Stichtag 3. Mai und 3. November befragt. Hierzu wird eine geschichtete Stichprobe einmal jährlich gezogen. Zur Erhebung über die Schweinebestände am 3. Mai 2010 wurden die Erfassungsgrenzen auf 50 Schweine oder 10 Zuchtsauen angehoben, um insbesondere die kleineren Betriebe zu entlasten. Daher sind die Schweinebestände zu den Vorerhebungen nur begrenzt vergleichbar und die Betriebszahlen sind nicht vergleichbar. Im Rahmen der Viehbestandserhebung für Schafe werden repräsentativ Betriebe mit mindestens 20 Schafen jeweils zum Stichtag 3. November befragt. Hierzu wird eine geschichtete Stichprobe einmal jährlich gezogen. Die Stadtstaaten Berlin, Bremen und Hamburg nehmen bei der Viehbestandserfassung eine Sonderstellung ein. Dort finden seit Mai 2005 alle vier Jahre repräsentative Erhebungen für Rinder, Schweine, Schafe, Pferde und Geflügel statt, die seit Mai 2003 durch

eine im Vierjahresabstand durchgeführte Totalzählung aufgeführter Tierbestände ergänzt werden.

Die Erhebung ist an die Betriebsgröße gekoppelt, wobei nur landwirtschaftliche Betriebe im Sinne von Artikel 2 Buchstabe a der Verordnung (EG) Nr. 2018/1091 berücksichtigt werden. Es werden nur Tierbestände der Betriebe erfasst, die entweder über eine landwirtschaftliche Nutzfläche (LF) von mindestens 5 ha oder über eine Waldfläche (WF) von mindestens 10 ha verfügen oder die folgenden Bestandszahlen erreichen oder überschreiten:

jeweils 10 Rinder
50 Schweine oder 10 Zuchtsauen
20 Schafe oder 20 Ziegen
oder 1.000 Stück Geflügel

Die Anzahl gehaltener Einhufer wird in diesen Betrieben gegebenenfalls miterfasst (§ 27 Absatz (1) Abschnitt 5 (d) - AgrStatG). Für die Geflügelstatistik werden Einzelerhebungen in Brütereien, Unternehmen mit Legehennenhaltung und in Geflügelschlachtereien durchgeführt.

Die letzten Erhebungsdaten für Rinder, Schweine und Schafe basieren auf dem Zensus vom 3. November 2023. Die Zahlen für das Geflügel, die Ziegen und Einhufer entstammen der Zählung vom 1. März 2023 (Agrarstrukturerhebung - ASE).

Im Jahr 2010 wurde in Deutschland eine Landwirtschaftszählung (LZ) durchgeführt. Die nach dem Agrarstatistikgesetz durchzuführende Großzählung soll alle zehn Jahre stattfinden. Seit dem Jahr 1999 bis zum Jahr 2007 wurde eine Agrarstrukturerhebung

(ASE) im Zweijahres-rhythmus durchgeführt, sie wurde 2010 in die LZ 2010 integriert. Seit dem Jahr 2010 soll die ASE nur noch im dreijährlichen Abstand als Stichproben-erhebung mit 80.000 Erhebungseinheiten durchgeführt werden. Die aktuellsten ASE-Daten wurden im ersten Halbjahr 2023 erhoben.

Langzeitentwicklung des Viehbestandes

Die Darstellung der Langzeitentwicklung des Viehbestandes beruht auf Daten des Statistischen Bundesamtes und wurde bis einschließlich 2022 den Statistiken und Datentabellen der Fachserie 3, Reihe 4.1 - Land- und Forstwirtschaft, Fischerei - Viehbestand entnommen (Erscheinungsfolge: jährlich, letztmals erschienen am 03. November 2022, Artikelnummer: 2030410225324 Herausgeber: Statistisches Bundesamt, Destatis, Wiesbaden). Für das Berichtsjahr 2023 wurden die Daten der die Fachserien ersetzenden Datenbank GENESIS-Online (Statistisches Bundesamt, Wiesbaden, https://www.destatis.de/DE/Home/_inhalt.html) entnommen.

Die seit dem Jahr 1990 zu beobachtende kontinuierliche Abnahme des Rinderbestandes (Abb. 1a) hat sich im Jahr 2023 gegenüber den Vorjahren fortgesetzt. Die Gesamtzahl gehaltener Rinder im Jahr 2023 hat um knapp 1,4 % gegenüber dem Vorjahr abgenommen und liegt jedoch immer noch bei rund 11,0 Mio. Tieren. Ein Vergleich mit dem Jahr 2001 ergibt einen deutlichen Rückgang der Rinderzahlen um ca. 26,0 Prozent oder etwa 3,8 Mio. Rinder (14,6 Mio. Rinder im Jahr 2001).

Allerdings sind diese Zahlenvergleiche mit gewissen Einschränkungen zu bewerten, da sich die Erfassungssysteme geändert haben und man seit dem Jahr 2008 die Erhebung der Zahlen für den Rinderbestand aus den Meldungen in der HI-Tier Rinderdatenbank (Halterbestände) bezieht.

In der Rückschau zeigt sich, dass es einen Trend zu größeren Milchkuhbeständen gibt und gleichzeitig die Zahl der Milchkuhhaltungen insgesamt abnimmt.

Während es 2010 durchschnittlich 45 Milchkühe pro Halter in Deutschland gab, sind es aktuell etwa 73 Tiere.

Der Schweinebestand (Abb. 1a) betrug bei der Novemberzählung des Jahres 2023 21,2 Mio. Tiere (ohne Stadtstaaten). Der Bestand hat somit im Vergleich zum Vorjahr (21,4 Mio. Schweine) nur leicht abgenommen. Allerdings manifestiert sich damit ein deutlicherer Rückgang gegenüber den Jahren vor 2022, in denen der Bestand bei jeweils über 25 Mio. Tieren lag.

Eine ausführliche Darstellung der Schweinebestandszahlen der einzelnen Bundesländer bietet die Tabelle 3.

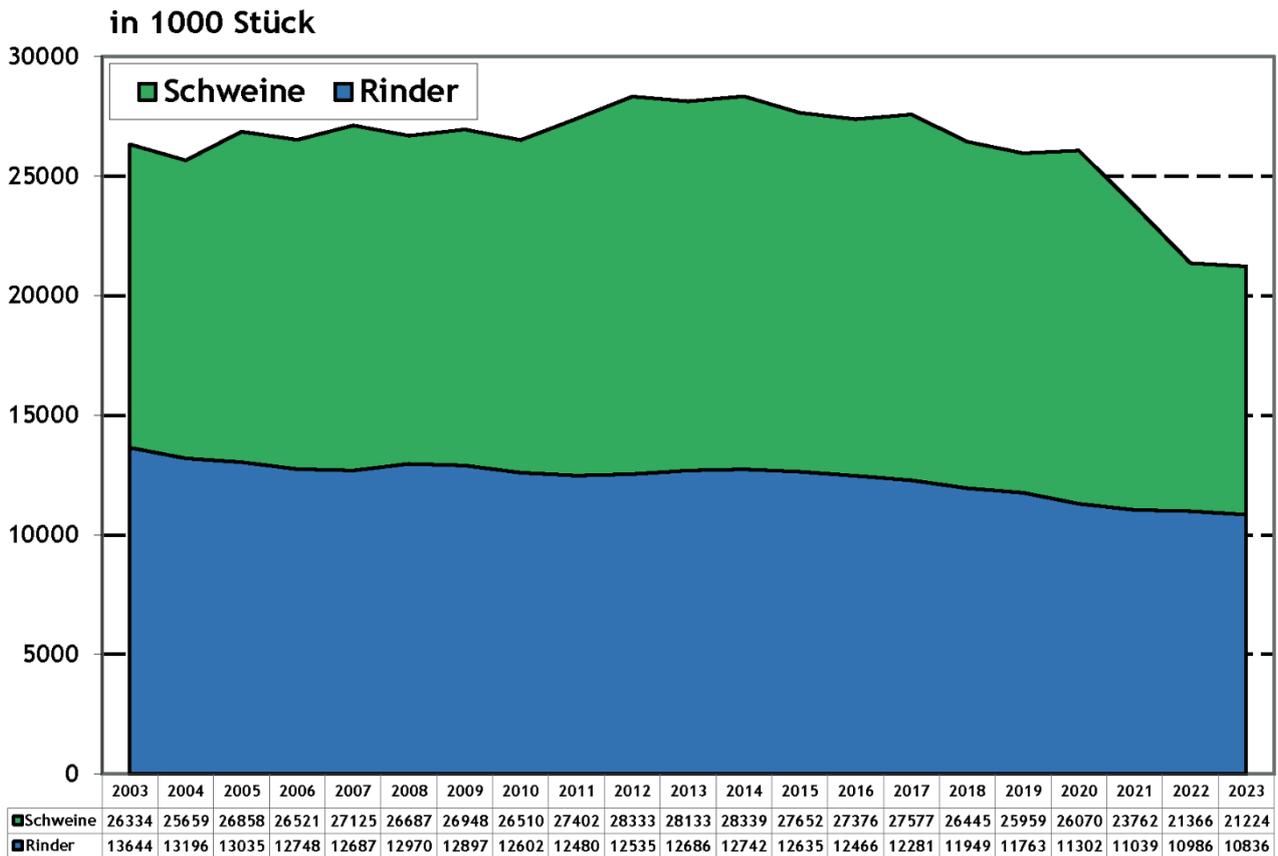


Abb. 1a: Langzeitentwicklung im Viehbestand Deutschlands für Rinder und Schweine. Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021 sowie GENESIS-Online (DESTATIS, Statistisches Bundesamt), 2023

Für Pferde (Abb. 1b) wurden im Berichtszeitraum Daten im Rahmen der ASE mit Stichtag 01. März 2023 erhoben. Es wurden 486.500 Pferde gezählt. Die letzten davor verfügbaren Zahlen stammen aus der ASE vom 01. März 2020. Damals wurden 453.662 Pferde erfasst.

Die Anzahl der Pferdehaltungen beträgt 41.200 in der ASE 2023 (41.423 in der ASE 2020). Bei statistischen Erhebungen zur Pferdehaltung werden ausschließlich in landwirtschaftlichen Betrieben gehaltene Pferde erfasst. Klein- und Hobbyhaltungen gehen nicht in die Erhebung ein. Deshalb ist mit einer sehr großen Dunkelziffer nicht erfasster Pferde mindestens im Größenordnungsbereich der erhobenen Bestandszahlen zu rechnen. Bestandsschätzungen für die Pferdepopulation Deutschlands liegen seit dem Jahr 2007 bei ca. 1 Mio. Pferde.

Bezüglich der Schafpopulation (Abb. 1b) wurden im Jahr 2023 bei der Novemberehebung 1,56 Mio. Schafe erfasst (hier fehlen jedoch die Angaben für die Stadtstaaten). Gegenüber dem Vorjahreswert (1,52 Mio.) ergibt sich erneut, wie im Vorberichtszeitraum, ein leichter Anstieg. Legt man die Zahlen aus der LZ 2010 zu Grunde, damals wurden 2,09 Mio. Schafe in Deutschland gehalten, so ist dies ein deutlicher Rückgang um über 25 Prozent. Ein Vergleich der aktuellen Zahlen mit denen der letzten Erfassung im Jahr 2009 (2,44 Mio.) lässt eine noch größere Abnahme erkennen (etwa 38 %). Genauere Angaben zur Schafpopulation der Bundesländer sind in der Tabelle 4 wiedergegeben.

Für den Ziegenbestand wurden im Berichtszeitraum ebenfalls Daten im Rahmen der ASE mit Stichtag 1.

März 2023 erhoben. Im März 2023 betrug der Ziegenbestand 162.600 Ziegen (154.906 Tiere nach der ASE 2020) (Abb. 1 b).

Beim Geflügel (Abb. 2) beruhen die letzten Zahlen ebenfalls auf der Agrarstrukturerhebung im März 2023. Bei der ASE ist zu bedenken, dass sich die Daten nur auf einer Stichprobenerhebung von 80.000 Betrieben stützen. Nach der ASE 2023 betrug der Geflügelbestand am 01. März 2023 insgesamt 156,3 Mio. gehaltene Hühner (159,1 Mio./ASE 2020),

davon waren 55,8 Mio. Legehennen (54,5 Mio./ASE 2020) und 88,1 Mio. Masthähnchen (92,5 Mio./ASE 2020). Weiterhin wurden 9,0 Mio. Puten (11,6 Mio./ASE 2020), 1,59 Mio. Enten (2,13 Mio./ASE 2020) und 0,41 Mio. Stück sonstiges Geflügel inklusive Gänse (Schätzwert der Erhebung 2023 zu unsicher, um Zahlen spezifisch für Gänse auszuweisen; ASE 2020: 0,50 Mio. Gänse) gehalten.

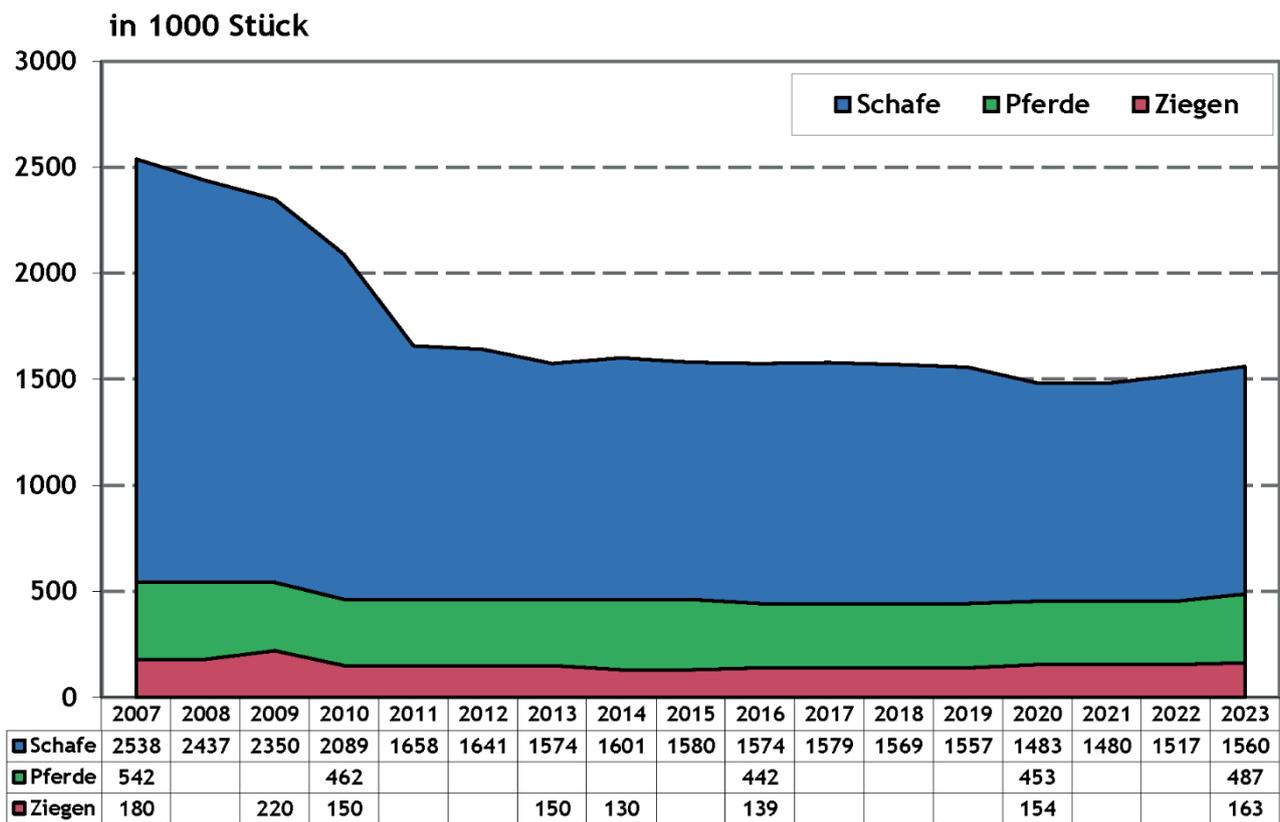


Abb. 1b: Langzeitentwicklung des Pferde-, Schaf- und Ziegenbestands in Deutschland. Quellen: Statistisches Bundesamt, Fachserie 3, Reihe 4.1, November 2021, Fachserie 3, Reihe 2.1.3, 2021 sowie GENESIS-Online (DESTATIS, Statistisches Bundesamt, 2023)

Tabelle 1: Anzahl Rinderhalter Deutschlands nach Bestandsgrößenklassen am 03. November 2023

Bundesland	Anzahl Rinderhalter in genannten Größenklassen							Insgesamt
	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥500	
Baden-Württemberg	3.732	2.368	3.217	2.175	1.939	992	58	14.481
Bayern	6.330	4.890	8.826	8.856	7.774	2.352	85	39.113
Berlin	14	7	6	5	-	-	-	32
Brandenburg	1.749	458	474	311	280	319	245	3.836
Bremen	9	6	10	12	22	10	1	70
Hamburg	21	19	16	17	5	6	2	86
Hessen	2.004	1.469	1.836	968	657	400	39	7.373
Mecklenburg-Vorpommern	1.406	370	400	231	229	290	257	3.183
Niedersachsen	4.091	2.063	2.855	2.323	3.073	3.560	660	18.625
Nordrhein-Westfalen	4.109	2.091	3.118	2.190	2.200	1.631	233	15.572
Rheinland-Pfalz	1.184	702	937	666	563	357	26	4.435
Saarland	185	82	138	76	68	46	6	601
Sachsen	3.739	844	710	321	310	261	227	6.412
Sachsen-Anhalt	1.500	351	276	175	161	209	158	2.830
Schleswig-Holstein	1.342	743	980	760	1.073	1.435	318	6.651
Thüringen	2.310	576	389	171	163	182	165	3.956
Deutschland	33.725	17.039	24.188	19.257	18.517	12.050	2.480	127.256

Quelle: GENESIS-Online (DESTATIS, Statistisches Bundesamt), November 2023

Tabelle 2: Anzahl Rinder in Deutschland nach Bestandsgrößenklassen in 1.000 Tieren am 03. November 2023

Bundesland	Anzahl Rinder in genannten Größenklassen (in 1.000 Tieren)							
	1-9	10-19	20-49	50-99	100-199	200-499	≥500	Insgesamt
Baden-Württemberg	18,7	33,0	104,1	154,0	276,3	282,0	37,7	905,7
Bayern	31,9	69,3	293,9	634,5	1.083,6	633,7	57,5	2.804,4
Berlin	0,1	0,1	0,2	0,4	-	-	-	0,7
Brandenburg	6,4	6,4	15,0	22,2	40,2	103,9	242,6	436,7
Bremen	-	0,1	0,3	0,9	3,2	2,8	-	8,1
Hamburg	-	0,2	0,4	1,3	0,8	1,6	-	5,6
Hessen	10,2	20,6	57,4	67,0	93,1	113,9	27,5	389,7
Mecklenburg-Vorpommern	5,2	5,0	12,6	16,6	33,4	93,4	290,4	456,7
Niedersachsen	18,6	28,7	92,2	168,6	449,7	1.069,0	492,3	2.319,0
Nordrhein-Westfalen	18,9	29,4	99,9	157,4	314,0	481,0	162,2	1.262,8
Rheinland-Pfalz	5,7	9,8	30,1	47,1	80,1	103,2	19,1	295,1
Saarland	0,8	1,1	4,5	5,4	9,8	13,4	3,8	39,0
Sachsen	14,0	11,5	21,8	22,7	43,1	84,0	235,1	432,1
Sachsen-Anhalt	5,4	4,8	8,7	12,7	23,2	67,4	149,2	271,4
Schleswig-Holstein	6,3	10,3	31,7	55,3	157,2	445,7	227,7	934,1
Thüringen	9,0	7,9	11,9	11,8	23,5	58,2	153,0	275,2
Deutschland	151,2	238,2	784,7	1.377,9	2.631,2	3.553,2	2.098,1	10.836,3

Quelle: GENESIS-Online (DESTATIS, Statistisches Bundesamt), Stand: November 2023

Tabelle 3: Anzahl Schweine insgesamt, Ferkel, Jung-, Mast- und Zuchtschweine nach Bundesländern (in 1.000 Stück) im November 2023 (ohne Stadtstaaten)

Bundesland	Ferkel	Jungschweine < 50 kg ohne Ferkel	Mastschweine	Zuchtschweine	Insgesamt
Baden-Württemberg	445,70	203,70	503,60	103,20	1.256,20
Bayern	678,80	425,90	1.170,80	160,10	2.435,60
Brandenburg	257,30	81,00	141,80	57,70	537,80
Hessen	93,90	65,30	188,60	23,40	371,20
Mecklenburg-Vorpommern	194,60	125,30	187,30	60,80	568,00
Niedersachsen	1.822,70	1.306,00	3.545,20	363,90	7.037,80
Nordrhein-Westfalen	1.656,50	1.096,40	2.761,20	336,80	5.850,90
Rheinland-Pfalz	24,50	18,10	44,90	5,70	93,20
Saarland	0,10	0,60	1,10	-	1,80
Sachsen	176,80	106,60	120,80	53,00	457,20
Sachsen-Anhalt	481,80	136,00	233,60	120,40	971,80
Schleswig-Holstein	241,90	194,70	510,30	59,50	1.006,40
Thüringen	336,30	71,90	157,40	70,40	636,00
Deutschland	6.410,90	3.831,50	9.566,60	1.414,90	21.223,90

Quelle: GENESIS-Online (DESTATIS, Statistisches Bundesamt), Stand: November 2023

Tabelle 4: Anzahl Schafe insgesamt mit Unterkategorien (in 1.000 Stück) im November 2023 (ohne Stadtstaaten)

Bundesland	Schafe < 1 Jahr	Weibliche Zuchtschafe: Milchschafe	Weibliche Zuchtschafe: Andere	Schafböcke zur Zucht	Andere Schafe	Insgesamt
Baden-Württemberg	55,1	3	149	2,9	-	211,6
Bayern	68,1	2,6	186,8	4,2	-	264,6
Brandenburg	16,1	0,4	53,7	1,3	-	72,9
Hessen	30,2	0,7	84,3	1,7	2,3	119,1
Mecklenburg-Vorpommern	18,2	0	45,5	1,3	-	66,4
Niedersachsen	51,9	-	109	3,7	5,1	171,7
Nordrhein-Westfalen	39,6	-	101,5	3,5	4	150,9
Rheinland-Pfalz	15,7	-	48,6	1,2	0,9	66,9
Saarland	1,6	0	3,9	0,2	0,2	5,9
Sachsen	15,5	0,5	47,3	1,1	1,9	66,3
Sachsen-Anhalt	16,6	0,3	41,6	0,9	-	60,1
Schleswig-Holstein	61	-	131,3	3,5	-	198
Thüringen	19,2	-	83,9	1,2	-	105,2
Deutschland	408,8	7,5	1086,4	26,7	14,4	1559,6

Quelle: GENESIS-Online (DESTATIS, Statistisches Bundesamt), November 2023

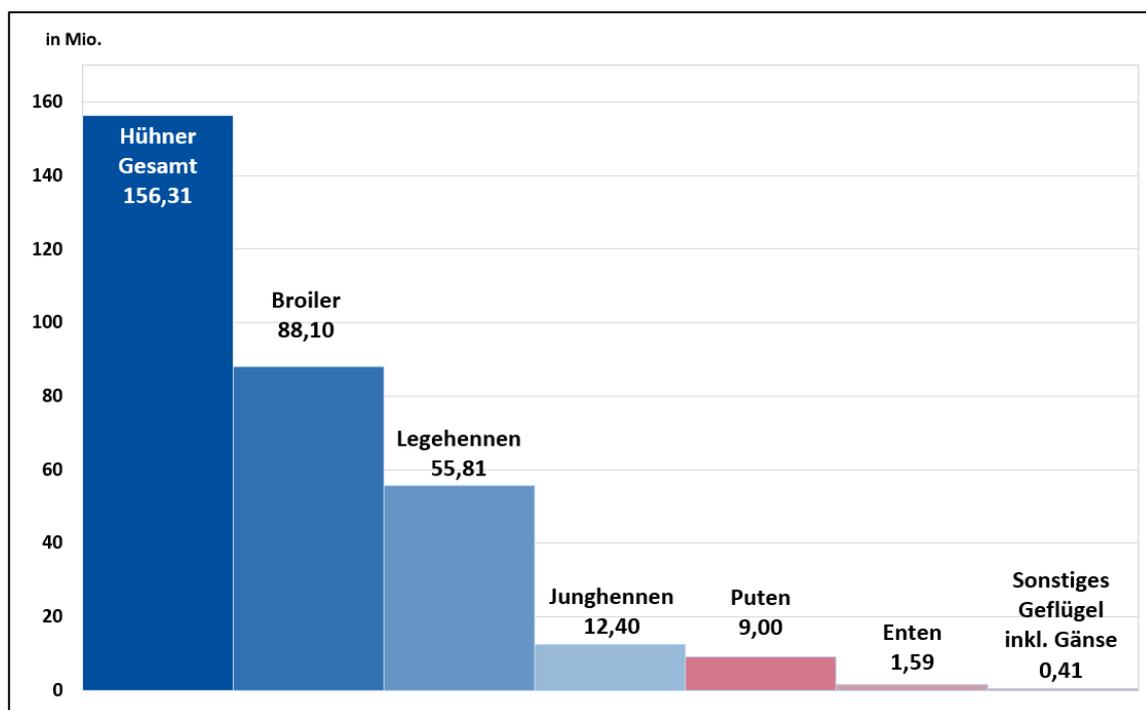


Abb. 2: Geflügelbestand nach Nutzungsrichtung, Quelle: GENESIS-Online (DESTATIS, Statistisches Bundesamt), Stand: 01.03.2023

Handelsverkehr

Bei der Beurteilung des Viehbestandes spielt der Handel eine nicht unerhebliche Rolle.

Innergemeinschaftliches Verbringen nach Deutschland

War in den Jahren 2005 bis 2006 eine kontinuierliche Zunahme der Anzahl innergemeinschaftlich nach Deutschland verbrachter Rinder zu verzeichnen, hat sich der Trend in den Folgejahren 2007 und 2008 umgekehrt. Seitdem ist ein Abwärtstrend der Verbringungen von Zucht- und Schlachtrindern in die Bundesrepublik zu beobachten. Der bisherige Tiefpunkt wurde im Jahr 2019 mit 34.004 Stück Vieh erreicht. Die absoluten Werte sind in Tabelle 5 dargestellt. Im Vergleich mit den frühen 2010er Jahren

bleiben die Importe damit weiterhin auf niedrigem Niveau.

Aus insgesamt 14 Mitgliedstaaten wurden Rinder innergemeinschaftlich nach Deutschland verbracht, wobei im Betrachtungszeitraum der Jahre 2015 bis 2023 erhebliche Verschiebungen bei den Herkunftsländern zu verzeichnen waren. Die Hauptlieferländer im Jahr 2023 waren die Tschechische Republik, Österreich, die Niederlande, Frankreich und Luxemburg. Insgesamt sind die Importe im Jahr 2023 wieder zurückgegangen. Dies insbesondere durch den Rückgang der Importe aus den Niederlanden und der Tschechischen Republik. Die Importe aus Österreich haben sich dagegen nahezu verdreifacht.

Tabelle 5: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz 2015 - 2023

Verbringungsländer	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Belgien	1.464	1.296	806	1.340	386	501	754	565	963
Bulgarien	0	0	150	0	0	0	0	0	0
Dänemark	1.373	141	566	359	165	415	1170	631	2.987
Estland	3.907	3.085	1.175	0	0	0	0	3	0
Frankreich	7.023	7.769	8.538	4.901	3.486	4.346	5.553	5.632	5.689
Irland	889	12	64	49	24	50	88	0	0
Italien	365	88	3	0	1	1	41	2.073	56
Kroatien	0	13	0	0	0	399	0	0	0
Lettland	1.208	1.591	1.555	356	0	0	0	0	23
Litauen	3.107	1.198	325	0	0	0	0	0	0
Luxemburg	5.646	5.401	5.363	5.495	3.985	3.022	3.418	3.620	3.609
Niederlande	6.289	13.552	24.783	12.203	2.608	2.574	6.069	11.042	7.104
Österreich	11.343	7.083	5.448	5.683	4.211	1.898	2.227	2.762	8.264
Polen	845	591	83	62	0	85	6	9	368
Rumänien	605	799	86	25	2	6	0	24	1
Schweden	0	0	0	0	0	0	0	0	5
Schweiz	27	78	22	32	30	33	24	26	206
Slowakei	229	129	62	0	402	0	312	0	0
Slowenien	25	0	0	0	0	0	0	154	0
Spanien	229	476	0	0	0	0	0	0	0
Tschechische Republik	18.488	23.962	25.947	21.282	18.691	22.468	25.485	23.513	13.931
Ungarn	0	0	897	708	12	110	78	92	53
Vereinigtes Königreich*	1.020	537	540	130	1	0	.*	.*	.*
Gesamtverbringung Rinder	64.082	67.801	76.391	52.625	34.004	35.908	45.225	50.146	43.259

(Quelle Eurostat, ab 2023 TRACES) * 2020 aus EU ausgetreten

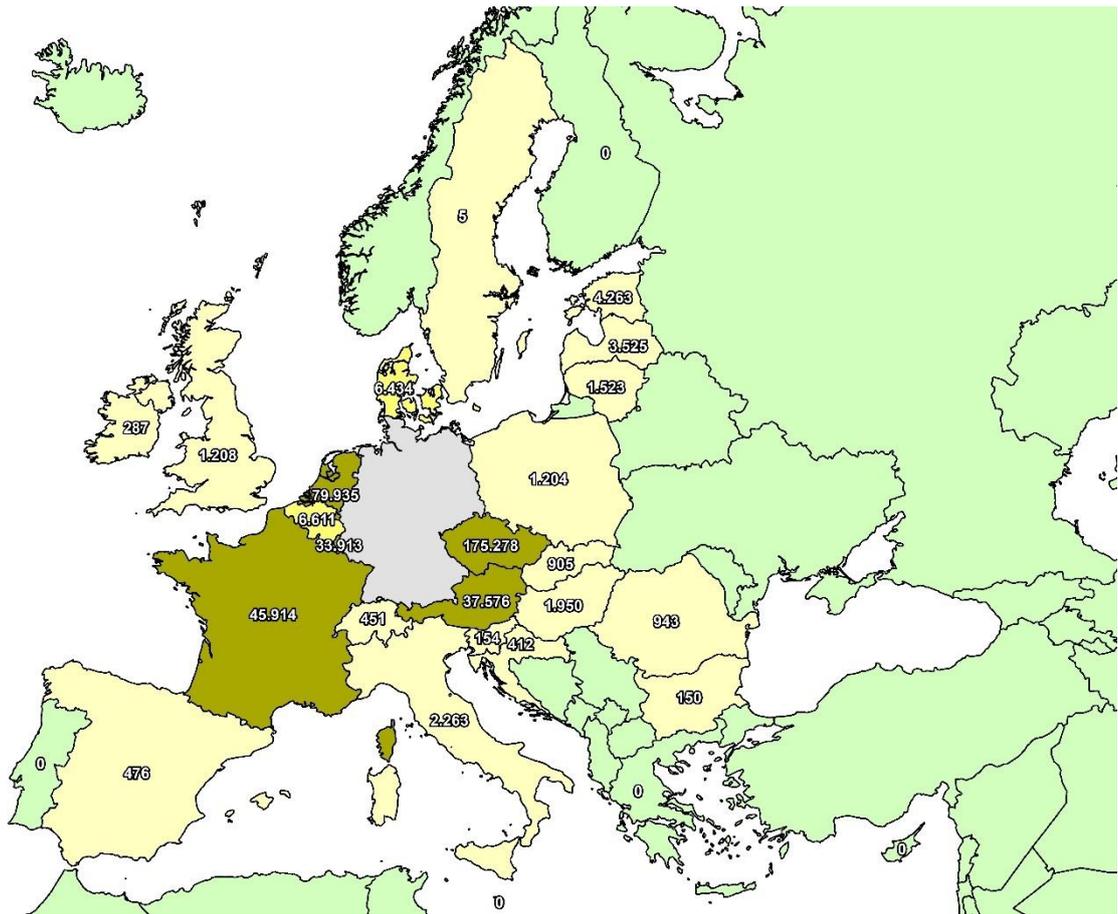


Abb. 3: Verbringungen von Rindern nach Deutschland aus EU-Ländern und der Schweiz (ab 2021 ohne Vereinigtes Königreich) in Stück Vieh kumuliert 2016 - 2023 (Quelle: Eurostat und TRACES (2023))

Innergemeinschaftliches Verbringen aus Deutschland und Exporte in Drittstaaten:

Beim Verbringen von Schlacht- und Zuchtrindern aus Deutschland in EU-Mitgliedstaaten und die Schweiz kehrte die Anzahl der Verbringungen, nach einer deutlicheren Reduktion im Jahr 2022, auf das langjährige Niveau von um die 750 Tausend Verbringungen zurück. Das Allzeithoch aus dem Jahr 2017 wurde in 2023 aber nicht erreicht.

Deutschland verbrachte innergemeinschaftlich im Jahr 2023 Rinder in 25 EU-Mitgliedsländer, nur nach Finnland und Zypern wurden keine Verbringungen

durchgeführt. Die Verbringungen in das Nicht-EU-Land Schweiz lagen im zweiten Jahr in Folge bei etwa 600 Tieren und stabilisieren damit auf höherem Niveau gegenüber den Jahren vor 2021. Die Niederlande sind nach wie vor der Hauptempfänger für deutsche Rinder, auch wenn die Anzahl der Verbringungen gegenüber den Vorjahren etwas rückläufig ist. Weitere wichtige Empfänger, allerdings mit erheblichem Abstand zum Handelsvolumen mit den Niederlanden, sind Belgien, Ungarn, Polen, Italien und Spanien, wobei die Verbringungen nach Belgien und Ungarn gegenüber 2022 erheblich, um den Faktor 4 bis 5, zugenommen haben (siehe Tabelle 6).

Tabelle 6: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder und in die Schweiz 2015 - 2023 (Quelle Eurostat, ab 2023 TRACES)

Verbringungsländer	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Belgien	44.597	30.034	47.572	61.622	27.156	10.373	10.315	6.683	35.936
Bulgarien	251	744	3.331	682	378	519	484	157	311
Dänemark	45	21	39	29	27	188	22	117	158
Estland	538	1.440	864	467	178	0	25	31	259
Frankreich	422	6.330	227	2.833	439	434	5	2.285	1.529
Griechenland	825	605	524	608	339	94	91	97	548
Irland	359	205	683	321	531	1.317	1.546	264	382
Italien	22.750	25.390	21.967	21.015	17.217	19.796	20.828	10.681	26.351
Kroatien	835	292	698	714	1.658	484	461	367	672
Lettland	245	1.077	1.563	1.125	361	556	1.042	203	473
Litauen	236	110	27	79	18	242	474	282	340
Luxemburg	1.462	2.086	1.959	2.309	1.945	2548	1.809	1.804	3.153
Malta	0	1	0	0	119	0	0	0	67
Niederlande	572.239	576.229	589.500	579.590	667.318	634.326	656.765	615.526	569.830
Österreich	969	1.530	11.092	7.829	1.290	3.142	1.201	1.394	1.547
Polen	16.791	14.673	14.131	10.711	10.295	13.744	21.401	24.713	28.433
Portugal	68	74	68	34	170	187	34	88	224
Rumänien	2.029	3.221	2.816	3.077	1.116	738	683	579	2.145
Schweden	1	0	0	1	0	0	0	1	2
Schweiz	209	302	203	277	306	378	807	598	607
Slowakei	17	0	556	63	228	62	258	32	1.919
Slowenien	1	14	105	0	83	69	48	23	162
Spanien	65.166	71.778	69.525	66.558	26.491	20.144	22.475	12.246	17.479
Tschechische Republik	392	205	625	240	978	1.080	551	276	8.034
Ungarn	21.796	19.910	13.558	8.742	7.841	7.672	6.031	7.485	35.000
Vereinigtes Königreich*	3.470	4.443	2.945	3.677	4.048	4.843	-*	-*	-*
Zypern	0	99	98	0	558	461	31	0	0
Gesamtverbringung	755.713	760.813	784.473	772.603	771.088	723.397	753.546	685.932	747.690

* 2020 aus EU ausgetreten

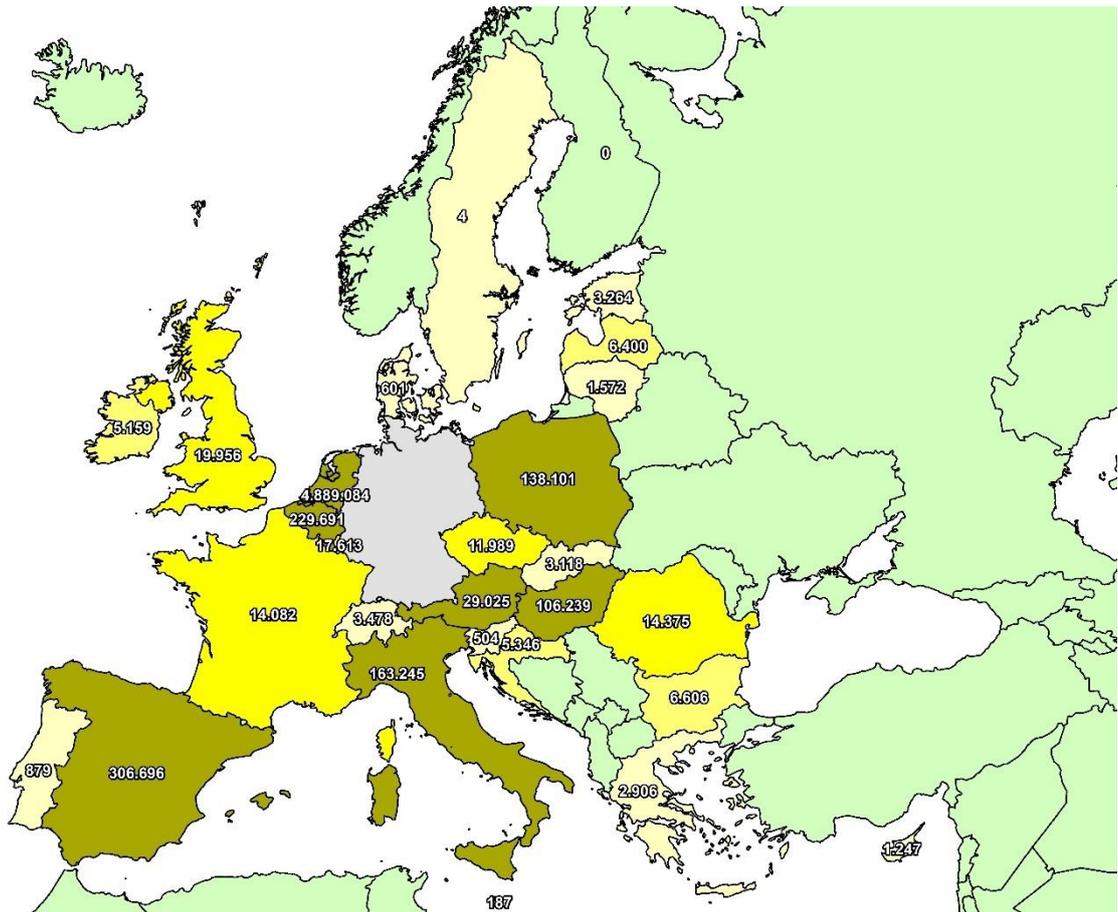


Abb. 4: Verbringungen von Rindern aus Deutschland in EU-Länder (ab 2021 ohne Vereinigtes Königreich) und die Schweiz in Stück Vieh kumuliert 2016 - 2023 (Quelle: Eurostat und TRACES (2023))

In den Jahren 2015 bis 2023 exportierte Deutschland Rinder in 38 Drittstaaten, wie die Daten von EUROSTAT und TRACES (2023) zeigen. Im Berichtsjahr 2023 wurden Rinder jedoch lediglich in 14 Drittstaaten ausgeführt (Daten ab Berichtsjahr aus TRACES). Mit insgesamt 12.129 Tieren wurde der Vorjahreswert (2022: 14.073) abermals unterschritten. Ursache für den massiven Rückgang der Exporte in den letzten Jahren ist der fast vollständige Zusammenbruch des Handels mit der Russischen Föderation. Der weitere Rückgang von 2022 auf das Berichtsjahr 2023

beruht jedoch im Wesentlichen auf dem Ausbleiben jedweder Rinderexporte nach Ägypten, das im Vorjahr noch das Haupt-Empfängerland war. Die Haupt-Empfängerländer 2023 waren Marokko, das Vereinigte Königreich und die Türkei, letztere mit einem sehr deutlichen Anstieg der Exporte. Insgesamt zeigen sich für die einzelnen Länder über den Beobachtungszeitraum von 2015 bis 2023 starke Schwankungen.

Tabelle 7: Rinderexporte aus Deutschland in Drittländer 2015 - 2023 (Quelle Eurostat, ab 2023 TRACES)

AUSFUHR DRITTLÄNDER	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Ägypten	2.865	2.146	986	750	1.000	2.492	2.570	4.816	0
Albanien	0	0	33	96	367	495	229	99	263
Algerien	3.986	2.457	567	3.122	3.299	5.867	0	0	0
Armenien	322	0	124	0	0	66	0	0	0
Aserbajdschan	4.872	1.607	2.137	2.956	1.104	192	0	0	1
Bosnien-Herzegowina	2.260	43	0	0	0	92	186	581	737
Nord Mazedonien	195	0	0	0	0	96	0	265	99
Eritrea	0	0	660	310	156	844	0	0	0
Georgien	130	128	0	164	625	68	0	0	0
Indien	76	0	0	0	0	228	0	0	0
Irak	165	0	331	446	98	0	0	0	0
Iran	0	4	0	0	528	841	0	0	0
Jordanien	2.048	0	1.856	0	0	0	0	0	0
Kasachstan	0	1.024	1.220	2.845	553	0	0	0	0
Katar	0	0	330	10	0	1.132	306	0	0
Kirgistan	86	0	0	0	0	0	0	0	0
Kosovo	238	360	300	119	222	516	660	514	761
Kuwait	1.849	596	1.319	713	0	0	0	0	0
Libanon	6.989	11.144	4.485	980	536	1.137	306	121	199
Libyen	98	292	426	33	66	462	0	0	0
Marokko	1.724	6.881	5.180	5.738	5.266	6.841	4.542	2.942	3362
Mauretanien	0	0	33	0	0	0	0	0	0
Moldawien	365	134	193	118	162	248	99	87	126
Montenegro	10	136	40	110	28	0	0	61	0
Nigeria	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Norwegen	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Russische Föderation	4.634	7.730	17.923	21.164	27.373	12.506	14.975	284	578
Serbien	189	232	45	151	117	37	24	0	20
Syrien	0	0	2.079	1.545	0	0	0	0	0
Tadschikistan	0	245	0	365	0	0	0	0	0
Tunesien	558	128	65	515	435	185	32	132	127
Türkei	22.610	29.368	30.230	15.450	1.951	1.405	288	231	1.806
Turkmenistan	516	545	1.714	1.192	455	68	0	0	0
Ukraine	35	407	951	1.101	0	0	0	0	0
Usbekistan	4.617	4.554	6.865	8.321	7.484	746	0	0	0
Vereinigte arabische Emirate	0	0	656	0	165	0	5	4	0
Vereinigtes Königreich*	-*	-*	-*	-*	-*	-*	6.159	3.936	3.185
Weißrussland	0	0	39	201	198	656	586	0	865
Gesamtausfuhr Rinder	61.632	70.161	81.050	68.515	52.188	37.220	30.967	14.073	12.129

*erst 2020 aus der EU ausgetreten, (Quelle: Eurostat, TRACES (2023))

Kapitel 2 Fallstatistiken

Vorkommen von anzeigepflichtigen Tierseuchen und meldepflichtigen Tierkrankheiten im Jahr 2023

Denzin N.

Anzeigepflichtige Tierseuchen

Einführung

Die Verordnung über anzeigepflichtige Tierseuchen umfasste im Berichtszeitraum 2023 insgesamt 54 Tierseuchen (Verkündigungsstand 31. März 2020), wovon 22 noch nie in Deutschland aufgetreten sind. Im Jahr 2023 wurden Neuausbrüche von 17 anzeigepflichtigen Tierseuchen im Tierseuchen-nachrichtensystem (TSN) dokumentiert (Tabellen 1 und 2).

Die Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen hat sich gegenüber den Jahren vor 2021 auf relativ niedrigem Niveau stabilisiert. Bei der Zahl der BVD-Ausbrüche setzte sich der Abwärtstrend deutlich fort, es wurden nur noch neun Ausbrüche gemeldet (2022: 23). Das bereits im Herbst 2021 begonnene Geflügelpestgeschehen setzte sich bis in das Jahr 2023 fort. Über die Sommer schwächte sich das Geschehen zwar ab, aber im Gegensatz zu den Vorjahren gab es keine Monate ohne Nachweise (zumindest bei Wildvögeln) mehr.

Es fanden sich keine Hinweise, welche auf das Vorkommen des Erregers der klassischen Schweinepest schließen ließen, wohingegen sich das Ausbruchsgeschehen der afrikanischen Schweinepest seit dem erstmaligen Auftreten im September 2020 über den gesamten Berichtszeitraum hinweg im Wildschweinebereich fortsetzte. Nachweise erfolgten wieder in den schon zuvor betroffenen Bundesländern Sachsen und Brandenburg, in letzterem Bundesland kam es auch zu einem Ausbruch in einem Hausschweinebestand.

Insgesamt wurden 18 Fledermaustollwutinfektionen in neun Bundesländern bestätigt. In vier Bundesländern wurden insgesamt sechs Ausbrüche der atypischen Scrapie amtlich festgestellt. Das West-Nil-Virus wurde in 21 Tierhaltungen (sieben Vogel- und 14

Einhufenerhaltungen) und bei 14 Wildvögeln in acht Bundesländern nachgewiesen.

Aviäre Influenza

Im Jahr 2023 wurden im Rahmen des routinemäßigen Wildvogel- und Geflügelmonitorings 699 (2022: 639) Geflügelhaltungen und 9.831 (2022: 5.261) Wildvögel (aktive Überwachung) untersucht.

a) Hochpathogene aviäre Influenza (HPAI)

Die Anzahl der Ausbrüche bei gehaltenem Geflügel ging gegenüber dem Vorjahr deutlich zurück (74 versus 203 in 2022). Die Ausbrüche erfolgten vor allem im Winter, Frühjahr und Herbst, aber auch über den Sommer kam das Seuchengeschehen nicht vollständig zur Ruhe mit einem Ausbruch im Juli. Die Anzahl der Nachweise bei Wildvögeln entsprach mit 1.112 in 2023 nahezu dem Vorjahreswert (1.173). Im Wildvogelbereich lag der Schwerpunkt der Nachweise im ersten Halbjahr bis zum Juni. Es gab keinen Monat ohne Nachweise mit einem Minimum im Oktober 2023 (n = 3). Im Berichtsjahr waren besonders Küsten- und Möwenvögeln, auch in Brutkolonien, betroffen, gefolgt von Wildgänsen, Greifvögeln und Schwänen. In geringerem Umfang gab es auch Nachweise bei anderen Spezies. Insgesamt deuten die Daten auch aus anderen europäischen Ländern darauf hin, dass HPAIV H5N1 seit 2022 einen enzootischen Status in europäischen Wildvogelpopulation erreicht haben dürfte. Somit wäre in Europa ganzjährig mit einem erhöhten Infektionsdruck für Geflügelhaltungen durch direkte und mittelbare Kontakte zu Wildvögeln zu rechnen.

b) Niedrigpathogene aviäre Influenza (NPAI)

Anzeigepflichtige Infektionen mit aviären Influenzaviren niedriger Pathogenität wurden 2023 in vier Haltungen detektiert (LPAIV H5N4 (1), H5N2 (1); H5Nx (1) und H5N1 (1)).

Afrikanische und klassische Schweinepest

Entsprechend der Schweinepest-Monitoring-Verordnung zur Früherkennung der klassischen Schweinepest wurden im Jahr 2023 57.230 (Vorjahr: 60.304) gesund erlegte Wildschweine serologisch sowie 1.495 (Vorjahr: 2.148) verendet aufgefundene und 415 (Vorjahr: 661) krank erlegte Wildschweine virologisch mit negativem Ergebnis auf klassische Schweinepest untersucht.

Virologisch auf afrikanische Schweinepest (ASP) wurden 120.290 (Vorjahr: 125.064) gesund erlegte, 2.724 (Vorjahr: 3.916) verendet aufgefundene sowie 450 (Vorjahr: 712) krank erlegte sowie 2.343 verunfallte und 2.656 Wildschweine ohne detaillierte Angaben untersucht. Von diesen Tieren waren 53 der gesund erlegten, 728 der verendet aufgefundenen, 25 der krank erlegten, drei der verunfallten sowie keine der Tiere ohne detaillierte Angaben in der virologischen Untersuchung positiv für das Virus der ASP.

Nachweise erfolgten im Wildschweinbereich wieder in den schon in den Vorjahren betroffenen Bundesländern Brandenburg und Sachsen, mit etwa der gleichen Anzahl von Fällen beim Wildschwein. Im Hausschweinbereich kam es nur zu einem Ausbruch in einer sehr kleinen Mischhaltung in Brandenburg.

West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd

Nachdem es im Jahr 2018 erstmals zu Fällen von West-Nil-Virus Infektion bei Vogel und Pferd kam und der Erreger sich in den Folgejahren erfolgreich ausbreitete, erfolgten im Jahr 2023 insgesamt 35 Anzeigen der Infektion. Betroffen waren 14 einzelne Wildvögel (ganz überwiegend Greifvögel, eine Eule), neun weitere Vögel (überwiegend Eulen) aus

sieben Wildgehegen sowie 17 Pferde aus insgesamt 14 Haltungen. Die Anzeigen stammten aus den acht Bundesländern Berlin (n = 9), Brandenburg (n = 9), Sachsen-Anhalt (n = 8), Sachsen (n = 5) sowie Niedersachsen, Rheinland-Pfalz, Schleswig-Holstein und Thüringen (je n = 1).

BHV1-Infektion

Mit dem Durchführungsbeschluss (EU) 2017/888 der Kommission vom 22. Mai 2017 wurde die Bundesrepublik Deutschland insgesamt der Status „frei von der infektiösen bovinen Rhinotracheitis“ zuerkannt. Im Jahr 2023 wurde dennoch in vier Fällen in Nordrhein-Westfalen (n= 3) und Bayern (n=1) der Ausbruch amtlich festgestellt.

Tollwut

Zur Aufrechterhaltung des tollwutfreien Status gemäß den WOAH-Kriterien wurden im Jahr 2023 bundesweit insgesamt 5.352 Tiere (davon 2.735 Füchse) mit negativem Ergebnis auf Tollwut (Rabies Virus, RABV) getestet.

Daneben wurden insgesamt 18 Fledermaus-tollwutfälle aus den Bundesländern Niedersachsen (n = 8), Brandenburg und Sachsen-Anhalt (jeweils n = 2) sowie Bayern, Berlin, Nordrhein-Westfalen, Sachsen, Schleswig-Holstein und Thüringen (jeweils n = 1) gemeldet. Bei allen Fällen konnte mittels Sequenzierung EBLV-1 als Erreger identifiziert werden.

Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (TSE)

Scrapie bei Schaf und Ziege

Im Rahmen des TSE-Überwachungsprogramms gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurden im Jahr 2023 18.978 Schafe (Vorjahr: 20.585) und 2.230 Ziegen (Vorjahr: 2.268) getestet. Es wurden im Jahr 2023 sechs Ausbrüche atypischer Scrapie in vier Bundesländern amtlich festgestellt.

Bovine Spongiforme Enzephalopathie beim Rind (BSE)

Basierend auf der Untersuchung von 170.167 Rindern (Vorjahr: 163.715) gemäß den Maßgaben der Verordnung (EG) Nr. 999/2001 wurde im Jahr 2022 kein BSE-Fall diagnostiziert.

Tab. 1: Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen in den Jahren 2014 bis 2023 gemäß TSN
 (Stand: 20.11.2024)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Afrikanische Schweinepest - gesamt	-	-	-	-	-	-	403	2.724	1603	888
Hauschweine	-	-	-	-	-	-	-	4	3	1
Wildschweine (Fälle)	-	-	-	-	-	-	403	2.720	1.600	887
Amerikanische Faulbrut	266	150	174	159	136	203	162	91	74	90
Ansteckende Blutarmut der Einhufer	2	5	-	14	1	-	1	-	-	-
Aujeszkysche Krankheit*	1	3	2	4	5	1	-	-	-	-
Blauzungkrankheit	-	-	-	-	1	59	2	1	-	24
Bovine Herpesvirus Typ-1-Infektion (alle Formen)	19	22	20	14	10	2	2	14	25	4
Bovine Virus Diarrhoe	1.068	562	338	142	129	97	65	29	23	9
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	1	4	1	3	1	2	-	5	-	-
Geflügelpest (HPAI) - gesamt	3	4	613	738	5	-	543	1.587	1376	1.186
Geflügel, gehaltene Vögel	3	4	28	79	2	-	31	282	203	74
Wildvögel (Fälle)	-	-	585	659	3	-	512	1.305	1.173	1.112
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	16	21	5	5	10	20	32	81	14	19
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	49	68	60	158	94	51	51	45	34	35
Milzbrand	1	-	-	-	-	-	-	2	1	-
Newcastle Krankheit	-	-	-	-	-	-	-	2	4	20
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	2	3	11	3	-	1	2	4	9	4
Rauschbrand	6	3	7	9	6	2	3	4	6	1
Salmonellose der Rinder	70	66	101	109	98	131	93	74	68	85
Tollwut - klassisch	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
- Fledermaus	7	13	23	15	18	8	7	17	6	18
Transmissible Spongiforme Enzepha- lopathie (alle Formen)	13	11	5	5	4	4	14	6	2	6
Tuberkulose der Rinder (Mykobakte- rium bovis und Mykobakterium caprae)	13	12	2	3	6	3	10	9	4	3
Vibrionenseuche der Rinder	2	2	-	-	1	-	-	-	-	-
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	19	24	27	32	35	12	6	14	6	9
West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd	-	-	-	-	12	90	82	42	65	35

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

Tab. 2: Monatliche Neuausbrüche anzeigepflichtiger Tierseuchen im Jahr 2023 gemäß TSN
(Stand: 20.11.2024)

Anzeigepflichtige Tierseuchen	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Ges.
Afrik. Schweinepest - ges.	216	150	116	88	70	75	48	58	15	8	23	21	888
Hausschweine	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Wildschweine (Fälle)	216	149	116	88	70	75	48	58	15	8	23	21	887
Amerikanische Faulbrut	-	-	3	13	13	5	8	17	24	7	-	-	90
Blauzungkrankheit	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5	10	9	24
Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)	1	1	-	-	-	1	-	-	-	-	1	1	4
Bovine Virus Diarrhoe	-	1	2	-	1	-	2	-	-	1	2	-	9
Geflügelpest (HPAI) - ges.	114	228	196	104	201	158	84	16	10	3	29	43	1.186
Geflügel, gehalt. Vögel	23	15	8	4	2	-	1	-	-	-	7	14	74
Wildvögel (Fälle)	91	213	188	100	199	158	83	16	10	3	22	29	1.112
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	-	-	-	2	2	1	1	-	4	2	7	-	19
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	1	-	2	2	1	6	15	4	3	1	-	-	35
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	-	1	1	-	-	-	-	-	-	2	-	-	4
Newcastle Krankheit	-	-	5	-	-	1	1	1	-	4	3	5	20
Rauschbrand	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
Salmonellose der Rinder	6	1	3	3	2	9	7	7	11	9	10	17	85
Tollwut - klassisch	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
- Fledermaus	-	-	-	-	-	1	1	6	7	2	1	-	18
Transmissible Spongiforme Enzephalopathie (alle Formen)	-	4	-	-	1	-	-	-	1	-	-	-	6
Tuberkulose der Rinder (Mykobakterium bovis und Mykobakterium caprae)	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	2	-	-	2	1	2	1	1	-	-	-	-	9
West-Nil-Virus Infektion bei Vogel oder Pferd	-	-	-	-	-	-	4	10	13	6	2	-	35

Meldepflichtige Tierkrankheiten

Einführung

Gemäß der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (in der Fassung der Bekanntmachung vom 11. Februar 2021) unterlag im Jahr 2023 der diagnostische Nachweis von 26 Tierkrankheiten durch die untersuchenden Einrichtungen der Meldepflicht. Bis auf

die Transmissible Virale Gastroenteritis des Schweines (TGE), den Rauschbrand der Schafe und Ziegen und SARS-CoV-2 wurden 2023 für alle Tierkrankheiten Nachweise in TSN erfasst

Tab. 3: Zusammenfassende Darstellung der meldepflichtigen Tierkrankheiten seit dem Jahr 2018 gemäß TSN (Stand: 18.11.2024)

Meldepflichtige Tierkrankheit	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Ansteckende Metritis des Pferdes (CEM)	25	32	43	46	61	41
Bornavirus-Infektionen der Säugetiere*	-	-	3	12	7	4
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	965	858	1.218	1.901	1.076	860
Chlamydiose	179	158	158	141	150	136
Echinokokkose	121	230	95	141	111	124
Equine Virus-Arteritis	8	6	38	4	9	1
Gumboro Krankheit	6	4	11	1	5	1
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	32	36	44	33	26	25
Leptospirose	75	64	80	76	112	110
Listeriose (Listeria monocytogenes)	153	128	154	155	126	142
Maedi/Visna	45	49	58	61	56	73
Mareksche Krankheit (akute Form)	58	65	91	129	111	96
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	2	7	7	9	15	11
Paratuberkulose	466	333	359	371	296	288
Q-Fieber	174	189	193	135	115	110
Salmonellose (Salmonella spp außer Rind)	2.058	2.133	1.894	1.911	1.652	1.676
SARS-CoV-2-Infektion bei Haustieren*	-	-	4	13	4	-
Säugerpocken (Orthopoxinfektion)	9	30	22	10	6	11
Schmallenberg-Virus-Infektion	21	34	46	45	54	32
Toxoplasmose	11	31	41	67	57	50
Tuberkulose ausgenommen Mycobacterium bovis und Mycobacterium caprae bei Rindern	99	99	112	96	88	83
Tularämie	75	208	146	155	79	107
Verotoxin (=Shiga-Toxin)-bildende Escherichia coli	155	132	76	128	116	131
Vogelpocken (Avipoxinfektion)	30	14	17	12	7	8

*Meldepflicht 2020 neu- oder wieder eingeführt

1. Afrikanische Schweinepest - African Swine Fever

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

Summary

In 2023, African swine fever (ASF) continued to spread throughout Europe, affecting a total of 14 EU Member States. The virus was identified for the first time in Sweden and Croatia, and disseminated to new regions within Italy. In comparison to the preceding year, the number of wild boar cases increased by 10 %. However, this trend was not observed in Germany, where the number of recorded cases was significantly lower than in the previous year. By the end of the year, 887 cases in wild boar had been officially documented. The federal states of Brandenburg, Saxony and Mecklenburg-Western Pomerania were impacted. Additionally, an outbreak occurred in domestic pigs in Brandenburg. The virus variants that were observed during the initial introduction into Germany were subsequently investigated using genomic epidemiology.

Zusammenfassung

Die Afrikanische Schweinepest (ASP) eroberte auch 2023 neue Gebiete in Europa und betraf insgesamt 14 EU-Mitgliedstaaten. Das Virus wurde erstmals auch in Schweden und Kroatien nachgewiesen und breitete sich auf neue Gebiete in Italien aus. Insgesamt stiegen die Fälle beim Wildschwein im Vergleich zum Vorjahr um 10 %. Dieser Trend war jedoch in Deutschland nicht zu verzeichnen, wo deutlich weniger Fälle verzeichnet wurden, als im Vorjahr. Bis Ende des Jahres wurden 887 Fälle bei Wildschweinen offiziell gemeldet. Betroffen waren die Bundesländer Brandenburg, Sachsen und Mecklenburg-Vorpommern. Darüber hinaus gab es einen Ausbruch bei Hausschweinen in Brandenburg. Die bei der Einschleppung in Deutschland beobachteten Virusvarianten wurden weiter verfolgt und für die genomische Epidemiologie genutzt.

Labordiagnostische Untersuchungen

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

Die serologische Diagnostik gewann durch das anhaltende Seuchengeschehen an Bedeutung. Die entsprechenden Testkits wurden vergleichend getestet und flankierende Testsysteme wurden etabliert.

Statistische Angaben

Im Berichtsjahr wurden insgesamt 128.463 Wildschweine virologisch mittels PCR auf ASP untersucht. Darunter befanden sich 120.290 gesund erlegte Tiere, 2.724 verendet aufgefundene, 450 krank erlegte, 2.343 verunfallte sowie 2.656 Tiere ohne detaillierte Angaben.

Von diesen waren 53 der gesund erlegten, 728 der verendet aufgefundene, 25 der krank erlegten und 3 der verunfallten Wildschweine positiv für virales Genom. Der passiven Surveillance kommt daher die größte Bedeutung zu.

Epidemiologische Untersuchungen

Im Jahr 2023 wurden weitere ASP-Fälle in Brandenburg und Sachsen entlang der Grenze zu Polen festgestellt. Darüber hinaus traten weitere Fälle in der Region um Meißen auf.

Die Erkrankungsdynamik in Sachsen wurde in einer detaillierten, inzwischen publizierten Studie analysiert (Schulz et al., 2024). Der Fokus lag auf zwei

Regionen: den östlichen Landkreisen an der polnischen Grenze, in die das Virus vermutlich durch infizierte Wildschweine eingeschleppt wurde und den Daten aus dem Landkreis Meißen, in dem ein durch Menschen verursachter Eintrag vermutet wurde. Die Daten aus der aktiven und passiven Überwachung wurden sowohl deskriptiv als auch mittels eines Bayes'schen Raum-Zeit-Modells analysiert. In den östlichen Landkreisen wurden höhere Prävalenzschätzungen verzeichnet, was auf eine höhere Viruslast hindeutet.

Ende Februar 2023 musste Brandenburg einen ASP-Ausbruch in einem Hausschweinebetrieb (Bio-Landhof) in der Nähe von Cottbus melden. Das Virus zeigte alle Marker der Linie IV, die in der Region in Wildschweinen vorherrschte.

Forschung

Das NRL-ASP ist in diverse drittmittelgeförderte Forschungsprojekte eingebunden und aktives Mitglied der Global African swine fever Research Alliance (GARA). Forschungsschwerpunkte sind derzeit die Ableitung von Schutzkorrelaten nach Impfung und überstandener Infektion, das Verständnis pathogenetischer Mechanismen sowie die Optimierung von pragmatischen Diagnoseverfahren. Im Rahmen eines Gemeinschaftsprojektes mit der IUCN SSC Wild Pig Specialist Group, dem europäischen Verband der Zoo- und Wildtierärzte (EAZWV / European Association of Zoo and Wildlife Veterinarians), sowie der Tapir and Suiform Taxon Advisory Group (TAG) der EAZA wurde die Wirts-Virus-Interaktion voll empfänglicher europäischer Schweinearten mit der resistenter, afrikanischer Schweinearten verglichen. Des Weiteren wurden in einem durch die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) geförderten Projekt die Stabilität des ASP-Virus auf verschiedenen Futtermitteln und Einstreu- bzw. Beschäftigungsmaterialien sowie in Arthropoden untersucht.

Staatliche Maßnahmen

Auf EU-Ebene bildet die Durchführungsverordnung (EU) 2023/594 zur Festlegung besonderer Maßnahmen zur Bekämpfung der Afrikanischen Schweinepest den rechtlichen Rahmen.

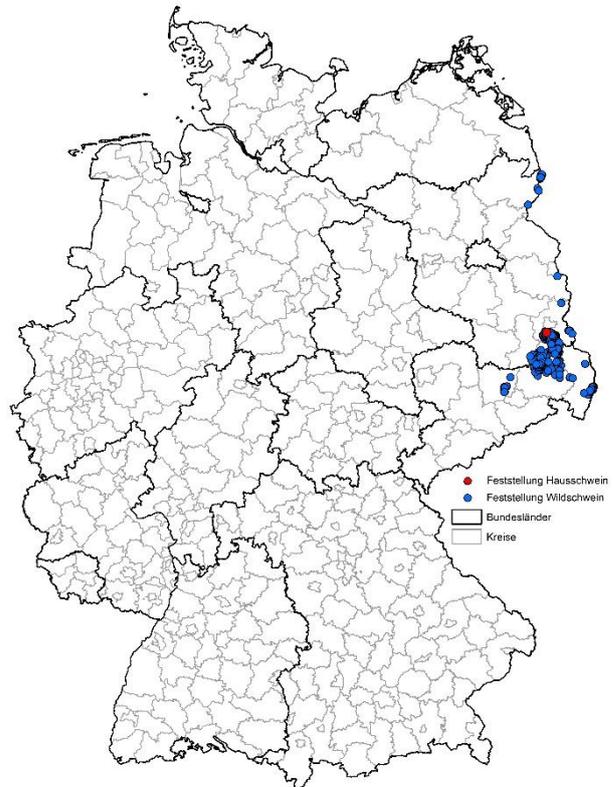


Abb. 1: Geographische Darstellung der im Jahr 2023 in Deutschland gemeldeten ASP-Fälle bei Hausschweinen (1) und Wildschweinen (887)

2. Amerikanische Faulbrut der Honigbienen - American foulbrood

Schäfer, M. O.

Summary

With 90 affected apiaries the number of outbreaks of American foulbrood (AFB) in Germany in 2023 was slightly higher compared to 74 reported outbreaks in the year before. However, the number is well below the average over the last 25 years, which is now 221 outbreaks per year. The agent, *Paenibacillus larvae*, is detected by microbiological and molecular biological methods.

Zusammenfassung

Die Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut (AFB) in Deutschland lag im Jahr 2023 mit 90 betroffenen Bienenständen leicht über den in 2022 gemeldeten 74 Ausbrüchen. Jedoch liegt die Zahl weit unter dem Durchschnitt der letzten 25 Jahre, welcher jetzt bei 221 Ausbrüchen pro Jahr liegt (die Daten sind ab 1995 im TSN verfügbar). Der Erreger, *Paenibacillus larvae*, wird mit mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden nachgewiesen.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchungen auf AFB werden in den einzelnen Bundesländern von veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. von beauftragten Untersuchungsstellen durchgeführt. Das NRL wird nur in einzelnen Fällen zur Absicherung des Befundes herangezogen. Die hierbei verwendeten mikro-biologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung, auf der Webseite des Referenzlabors für Bienengesundheit der Europäischen Union (EURL) und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ der WOAH aufgeführt.

Statistische Angaben

In Deutschland werden von ca. 142.858 Imkern ca. 963.881 Bienenvölker gehalten. Die meisten Imker

betreiben die Bienenzucht als Hobby oder im Nebenerwerb, nur sehr wenige sind Berufsimker. Die Zahl der Bienenstände, auf welchen die AFB ausgebrochen ist, ist mit 90 Neuausbrüchen im Jahr 2023 leicht höher als im Vorjahr (Tab. 1). Der Durchschnitt der letzten 25 Jahre liegt aktuell bei 221 gemeldeten Ausbrüchen.

Staatliche Maßnahmen

Die Amerikanische Faulbrut ist eine anzeigepflichtige Tierseuche nach der Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 9. März 2016 zu Tierseuchen und zur Änderung und Aufhebung einiger Rechtsakte im Bereich Tiergesundheit („Tiergesundheitsrecht“) und allen spezifischen Rechtsvorschriften, die entsprechend dieser Verordnung erlassen wurden. Die AFB wird nach den Bestimmungen der Bienenseuchen-Verordnung in der Fassung der Bekanntmachung vom 3. November 2004 (BGBl. I S. 2738), die zuletzt durch Artikel 7 der Verordnung vom 17. April 2014 (BGBl. I S. 388) geändert worden ist, in der jeweils geltenden Fassung staatlich bekämpft. Ein Ausbruch der Seuche liegt vor, wenn die AFB amtlich festgestellt worden ist. Hierfür ist neben einem Auftreten von klinischen Symptomen im Bienenvolk der Nachweis des Erregers *Paenibacillus larvae* im Labor erforderlich. Die klinischen Symptome der AFB können je nach Erregertyp und begleitenden Infektionen variieren. Je früher infizierte Larven nach der Infektion sterben, desto wahrscheinlicher werden diese von Arbeiterinnen bemerkt und aus den Brutzellen ausgeräumt, wodurch ein lückiges Brutbild entsteht. Sterben die Larven erst nach der Verdeckelung der Brutzellen und werden diese nicht bemerkt und nicht ausgeräumt, wird in diesen Zellen in der Regel entweder eine breiige, milchkaffeebraun verfärbte, fadenzie-

hende Masse vorgefunden oder der Zellinhalt ist bereits zu einem fest an der Zellwand haftenden Faulbrutschorf eingetrocknet. Leider bestehen Diskrepanzen zwischen nationalem und EU-Recht, was

dazu führt, dass teilweise auch AFB-Ausbrüche gemeldet werden, welche lediglich durch ein positives Untersuchungsergebnis im Labor begründet werden. Die Zahl der AFB-Ausbrüche mit klinischer Relevanz liegt somit unter der Zahl der gemeldeten.

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen in Deutschland seit 2010 (TSN; Stichtag: 20.06.2024)

Jahr	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Bienenstände	193	207	268	229	266	150	172	159	136	203	162	91	74	90

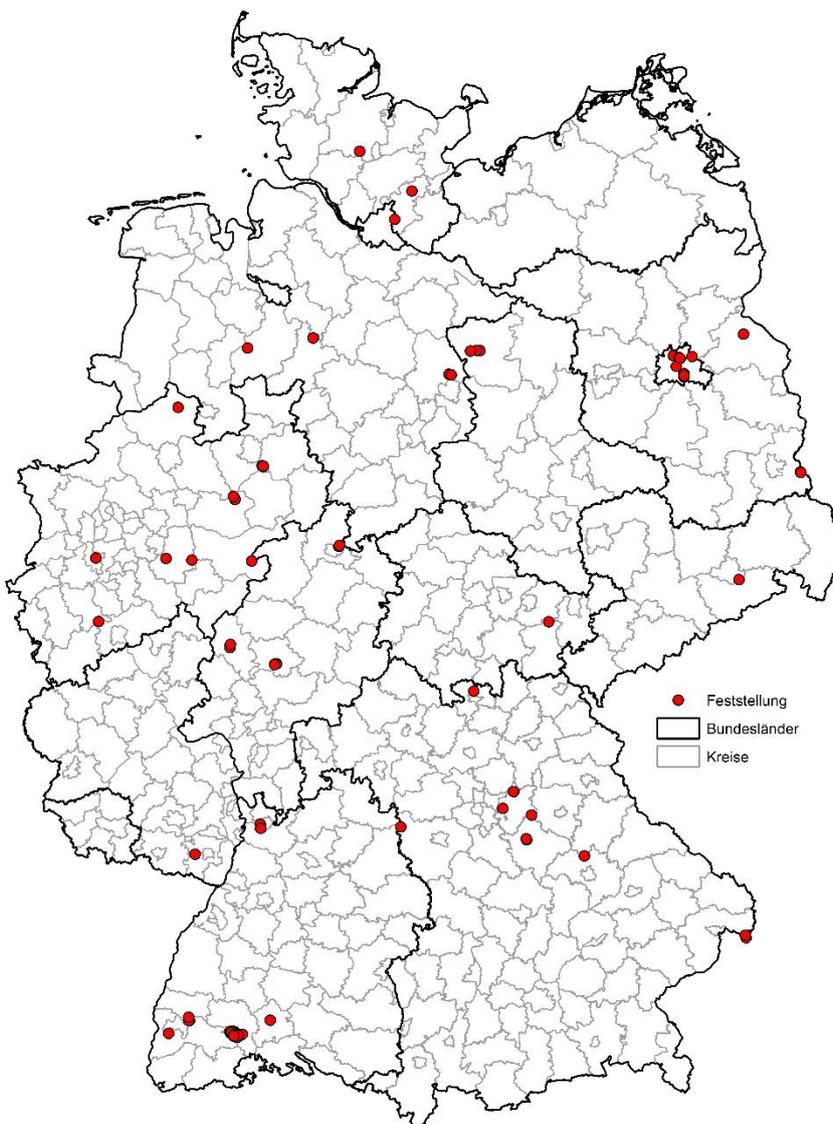


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2023 angezeigten Neuausbrüche der Amerikanischen Faulbrut der Bienen (TSN; Stichtag: 10.12.2024)

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

Harder, T.

Summary

The year 2023 was characterised by continuing presence of the Asian goose/Guangdong (gs/GD) lineage of highly pathogenic avian influenza viruses (HPAIV) of subtype H5N1 in Germany. Overall, a more even-distributed occurrence of virus infections in wild birds and outbreaks in poultry farms was observed throughout the year, and seasonal clusters, especially in summer in colony-breeding seabirds, were less significant. The main colony-breeding species affected in 2023 was the black-headed gull; however, as this is not tied to coastal waters, outbreaks occurred throughout Germany. Overall, the data confirm a continued enzootic status of HPAIV H5N1 in local wild bird populations in 2023. This results in a year-round, increased infection pressure for poultry farms due to direct and indirect contacts with wild birds, which led to a total of 74 outbreaks in kept birds. Phylogenetically, the HPAIV situation in Germany is characterised by a high fluctuation of different genotypes within the H5N1 subtype (Figure 1). Over the course of the year, the spectrum changed fundamentally and previously dominant genotypes such as "euBB" were completely replaced by new reassortants. The introduction of preventive vaccination of kept birds against HPAIV continues to be the subject of lively discussions. However, the unclear effects on international trade relations are still a major obstacle to a positive assessment.

Zusammenfassung

Das Jahr 2023 war durch eine fortlaufende Anwesenheit der asiatischen goose/Guangdong (gs/GD) Linie hochpathogener aviärer Influenzaviren (HPAIV) des Subtyps H5N1 gekennzeichnet. Insgesamt war über das Jahr verteilt ein gleichmäßigeres Auftreten von Virusinfektionen bei Wildvögeln und Ausbrüchen in

Geflügelhaltungen zu beobachten, und saisonale Häufungen, vor allem im Sommer bei koloniebrütenden Wildvögeln, fielen weniger stark ins Gewicht. Im Wesentlichen war als koloniebrütende Art noch die Lachmöwe betroffen; da diese allerdings nicht an Küstengewässer gebunden ist, resultierten Ausbrüche im gesamten Bundesgebiet. Insgesamt bestätigen die Daten einen auch in 2023 fortgesetzten enzootischen Status des HPAIV H5N1 in hiesigen Wildvogelpopulationen. Hieraus resultiert ein ganzjähriger, erhöhter Infektionsdruck für Geflügelhaltungen durch direkte und mittelbare Kontakte zu Wildvögeln, der zu insgesamt 74 Ausbrüchen bei gehaltenen Vögeln führte. Phylogenetisch bleibt in Deutschland eine hohe Fluktuation verschiedener Genotypen innerhalb des Subtyps H5N1 kennzeichnend; im Verlauf des Jahres veränderte sich das Spektrum wiederum grundlegend, und zuvor dominierende Genotypen wie „euBB“ wurden vollständig durch neue Reassortanten verdrängt (Abbildung 1). Die Einführung präventiver Impfungen bei gehaltenen Vögeln gegen HPAIV wird weiter angeregt diskutiert. Die unklaren Auswirkungen auf internationale Handelsbeziehungen stehen jedoch als wesentliches Hemmnis einer positiven Bewertung noch entgegen.

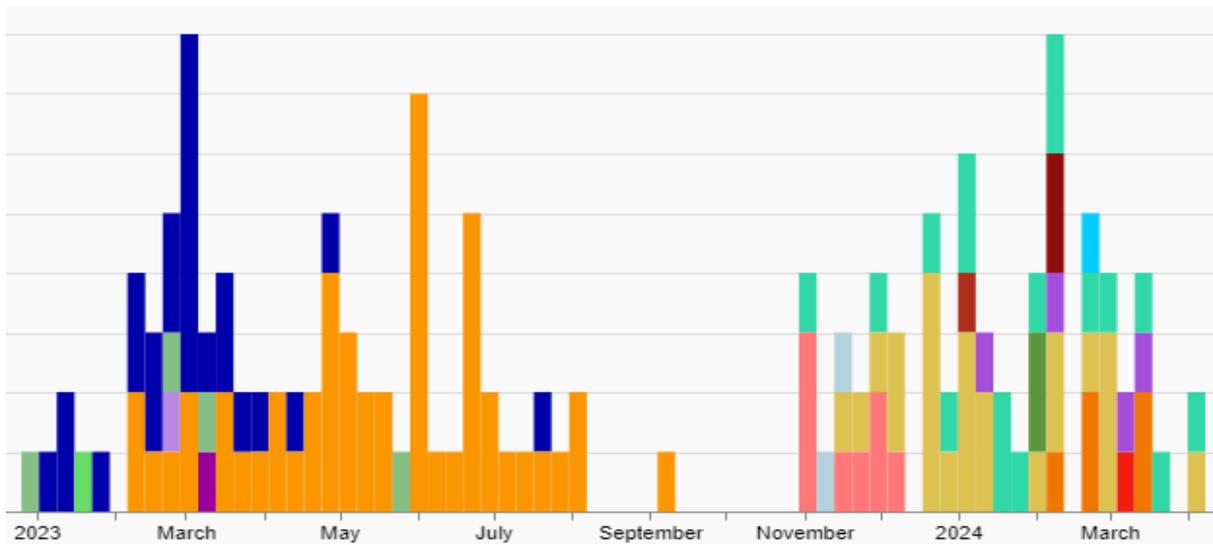


Abbildung 1. Genotypen des HPAIV H5N1 in Deutschland seit dem 01.01.2023 (Geflügel und Wildvögel). Jede Farbe stellt einen distinkten Genotyp dar; die Höhe der Säulen stellt die relative Häufigkeit des jeweiligen Genotyps im Untersuchungsgut dar (Datenquelle: <https://microreact.org/project/hpaiv-genotypes-in-germany>).

Tab. 1: Virologischer Nachweis von AI Infektionen in Beständen gehaltener Vögel in Deutschland, 2023
(Quelle: TSN, FLI, Institut f. Epidemiologie, NRL-AI, FLI, Institut f. Virusdiagnostik)

Bundesland	Influenzavirus	Pathotyp	Anzahl Bestände
<i>Anzeigepflichtige HP</i>			
Baden-Württemberg	H5N1	HP	3
Bayern	H5N1	HP	12
Berlin	H5N1	HP	0
Brandenburg	H5N1	HP	2
Bremen	H5N1	HP	0
Hamburg	H5N1	HP	2
Hessen	H5N1	HP	1
Mecklenburg-Vorpommern	H5N1	HP	11
Niedersachsen	H5N1	HP	20
Nordrhein-Westfalen	H5N1	HP	1
Reinland-Pfalz	H5N1	HP	2
Saarland	H5N1	HP	0
Sachsen	H5N1	HP	0
Sachsen-Anhalt	H5N1	HP	6
Schleswig-Holstein	H5N1	HP	9
Thüringen	H5N1	HP	5
Gesamt			74
<i>Anzeigepflichtige LP</i>			
Niedersachsen	H5N4	LP	1
Sachsen-Anhalt	H5N2	LP	1
Gesamt			2
<i>Nicht anzeigepflichtig</i>			
Bayern	H11N9		1
Hessen	H6N1		1
Mecklenburg-Vorpommern	H4N6		1
	H6N2		1
	H6N8		1
	H11N9		1
Niedersachsen	H6N1		1
	H6N2		1
	H9N2		1
Nordrhein-Westfalen	H9N2		1
Gesamt			10

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen von gehaltenen Vögeln und Wildvögeln zur aviären Influenza werden in den einzelnen Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern, jedoch im Bereich der Geflügelwirtschaft auch von Privatlaboren im Rahmen sogenannter Eigenkontrollen als Teil einer aktiven Surveillance durchgeführt. Das nationale Referenzlabor (NRL) wird bei allen Verdachtsfällen und Nachweisen aviärer Influenzaviren bei Geflügel und Wildvögeln sowie bei Nachweisen von Antikörpern gegen anzeigepflichtige AIV (Subtypen H5, H7) bei Geflügel zur Absicherung und Spezifizierung des Befundes hinzugezogen. Die Methodik ist in der amtlichen Methodensammlung aufgeführt und entspricht den Vorgaben des europäischen Tiergesundheitsrechtsakts in der geltenden Version bzw. folgen den spezifischen Empfehlungen des Europäischen Referenzlabors für aviäre Influenza, Padua, Italien. Aufgrund der Variabilität der Influenzaviren bleibt insbesondere die molekular orientierte Diagnostik fortgesetzten Anpassungen unterworfen. Kommerzielle Testkits bedürfen der Zulassung durch das FLI. Eine Liste der für AI zugelassenen Kits sowie gültiger Chargen kann über die Homepage der Zulassungsstelle [abgerufen werden](https://www.fli.de/fileadmin/FLI/Service/Zulassungsstelle/deutsch/02_d_Zul_Mittel.pdf) (https://www.fli.de/fileadmin/FLI/Service/Zulassungsstelle/deutsch/02_d_Zul_Mittel.pdf).

Statistische Angaben

AIV-Monitoringprogramme bei Wildvögeln (passiv, virologisch) und Geflügel (aktiv, serologisch) werden gemäß den Vorgaben des europäischen Tierseuchenrechts durchgeführt. Die Festlegung der Beprobungsdichte bezogen auf die Bundesländer sowie die Stratifizierung nach Geflügelnutzungsrichtung bzw. Wildvogelspezies erfolgt in einem risikobasierten Ansatz durch das FLI in enger Kooperation mit den Bundesländern und dem Bundesministerium. Die Auswahl einzelner Geflügelbestände sowie die inti-

ale Untersuchung der Proben obliegt den Bundesländern. Die ermittelten Daten werden im NRL gesammelt und in aggregierter Form (Geflügelmonitoring) bzw. gesondert für jede Einzelprobe (Wildvogeluntersuchungen) der European Food Safety Agency (EFSA) gemeldet. Im EFSA-Meldeverfahren steht in Kürze ein Systemwechsel bevor, der eine detailliertere Darstellung der Epidemiologie der aviären Influenza in der EU ermöglichen soll.

Epidemiologische Untersuchungen

Nachweis anzeigepflichtiger aviärer Influenza (HPAI) bei Geflügel in Deutschland, 2023

Für 2023 wurden in Deutschland 74 HPAI Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln registriert. Vorwiegend waren Kleinhaltungen betroffen (Tabelle 1). Bei den kommerziellen Haltungen ergab sich ein im Vergleich zu den Vorjahren ausgeglicheneres Verhältnis der verschiedenen Geflügelarten und -haltungsformen (Abbildung 2). Sekundäre Verbreitungsszenarien spielten im Bereich kommerzieller Haltungen keine Rolle. Lediglich zwei Fälle anzeigepflichtiger (H5)-LPAIV Infektionen wurden 2023 in Deutschland gemeldet (Tabelle 1); einer davon betraf einen Zoo. Darüber hinaus wurden zehn weitere Fälle von Infektionen mit non-H5/H7 AIV bei gehaltenen Vögeln diagnostiziert (Tabelle 1).

Im aktiven (serologischen) Monitoring gehaltener Vögel wurden 2023 in Deutschland 699 Bestände untersucht (Tabelle 2). Die risikobasiert gehäufte Beprobung von Beständen in Niedersachsen und Nordrhein-Westfalen wird deutlich. In 58 Haltungen ergaben sich Hinweise auf AIV Infektionen; 22 davon wurden dem Subtyp H5 zugeordnet, einer dem Subtyp H7. In 10 dieser Bestände wurde AIV durch PCR Untersuchungen nachgewiesen.

Tab. 2: Umfang und Ergebnisse des aktiven Monitorings in Geflügelbeständen in Deutschland, 2023 (Quelle: Bundesländer).

Bundesland	Haltungen, sero-negativ	Haltungen, seropositiv ¹		
		Non H5/H7	H5	H7
BB	27(39, 32)	0	2	0
BE	0	0	0	0
BW	41 (33, 36)	1	0	0
BY	55 (56, 53)	9	2	0
HB	0 (1, 3)	0	0	0
HE	21 (13, 15)	0	1	0
HH	28 (2, 2)	0	1	0
MV	26 (17, 23)	2, 1	1, 9	0
NI	226 (182, 228)	18	1	0
NW	97 (101, 85)	2	2	0
RP	6 (6, 10)	0	0	0
SH	37 (41, 37)	0	0	0
SL	35 (4, 5)	0	0	0
SN	38 (40, 33)	0	0	0
ST	49 (42, 53)	3	2	1
TH	13 (17, 16)	0	0	0
Gesamt	699	35	22	1

¹ Schwarze Ziffern bezeichnen Ergebnisse aufgrund serologischer Tests, blaue Ziffern kennzeichnen PCR Ergebnisse

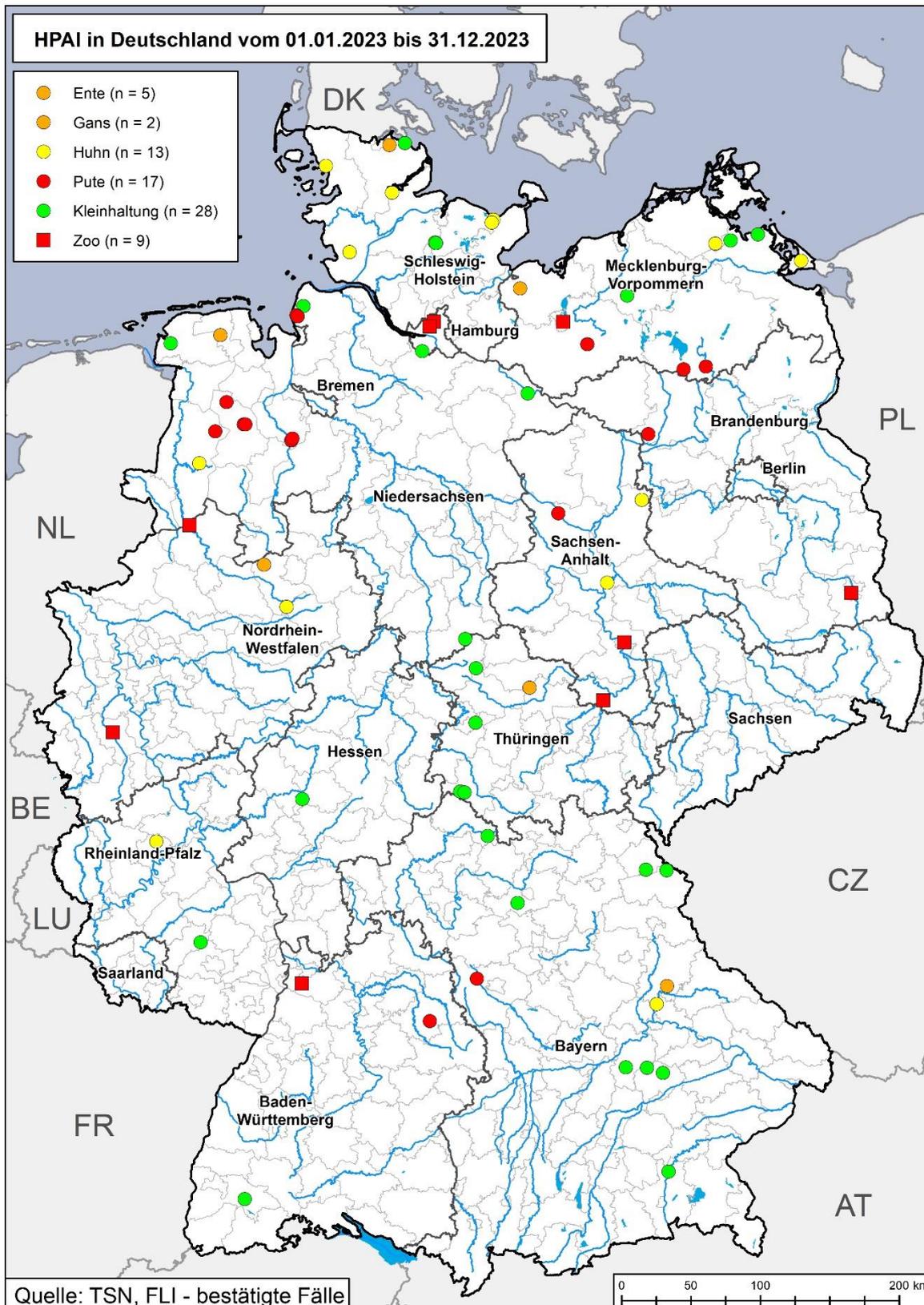


Abb. 2 Ausbrüche bei gehaltenen Vögeln in Deutschland, stratifiziert nach Geographie und Geflügelart bzw. -haltungstform

Monitoring von Wildvögeln in Deutschland, 2023

In 2023 waren Wildvögel weiter massiv von HPAIV Infektionen betroffen (insgesamt 1112 registrierte Fälle; Abbildung 3). Insgesamt wurden in Deutschland 9831 Wildvögel (Vorjahre: 9935, 15556, 7489) auf AIV Infektionen untersucht (Tabelle 3). Gegenüber dem Vorjahr sind die Untersuchungszahlen nahezu konstant auf einem sehr hohen Niveau verblieben. Der zuvor ausgeprägt saisonale Charakter der Surveillanceaktivität mit hohen Untersuchungszahlen vor allem in den Herbst- und Wintermonaten weicht einer ausgeglichenen Tendenz, wobei vor allem in den Küstenländern Schleswig-Holstein und Niedersachsen eine Tendenzumkehr zu den Sommermonaten zu beobachten ist. Dies wurde auch 2023 durch vermehrte Todesfälle von Seevögeln im Bereich der Nordseeküste verursacht. Kofinanzierungsfähig sind Untersuchungen im Rahmen der passiven Surveillance. Diese belaufen sich auf n=5108. In Relation zur Gesamtzahl untersuchter Proben erhöhte sich der Anteil des passiven Monitorings mit 52,1% gegenüber dem Vorjahr (47,1%) leicht.

Im aktiven Monitoring fokussierten die Untersuchungen weiterhin vor allem auf Proben von Wildgänsen. Zusätzlich wurde eine größere Anzahl von Watvögeln untersucht. Bei den aktiv beprobten Wildenten stammt ein Großteil aus der Jagdstrecke. Im passiven Monitoring bleibt die Zahl tot aufgefundener Greifvögel (einschließlich Eulen) hoch; hier sind insbesondere aasfressende Arten zu nennen (z.B. Mäusebussard, Seeadler), die sich durch Fressen an infizierten Vogelkadavern infizieren. Bei den Arten, die auf lebende Beute angewiesen sind, fallen vor allem Wanderfalken mit HPAIV Infektionen auf; bei dieser im Fortbestand stark gefährdeten Art stellen tödlich verlaufende HPAIV Infektionen weiterhin eine Bestandbedrohung dar. Aufgrund der ganzjährigen Anwesenheit des HPAI Virus kam es auch zu Nestlingssterben bei Greifvögeln (z.B. Uhu), aufgrund von am Horst verfütterten infizierten Beutevögeln. Im Jahr

2023 standen darüber hinaus Lachmöwen als koloniebrütende Art im Vordergrund der Infektionen bei Wildvögeln, wobei in betroffenen Kolonien erhebliche Sterblichkeit beobachtet wurde.

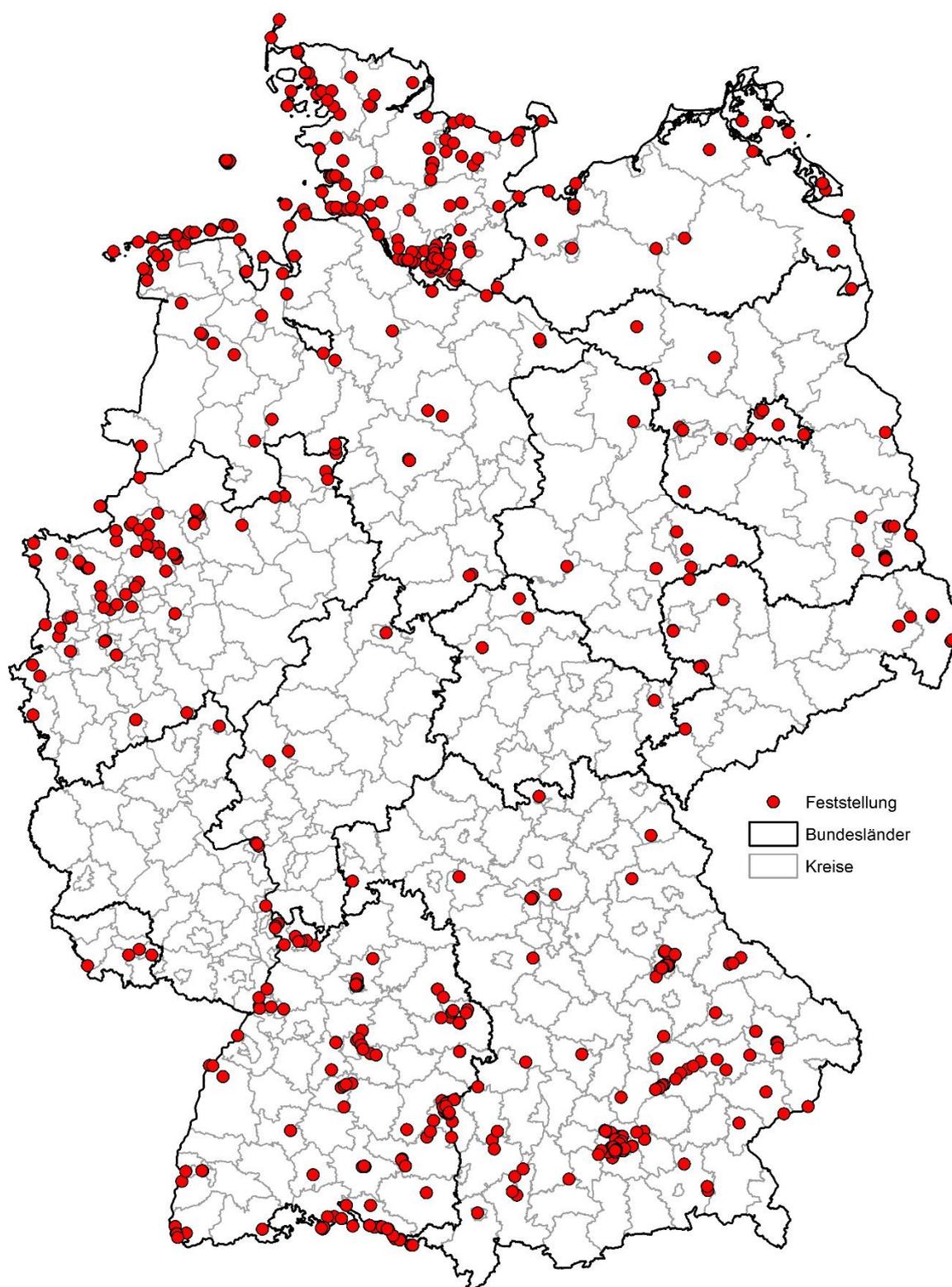


Abbildung 3. HPAIV H5N1 Ausbrüche bei Wildvögeln in Deutschland, stratifiziert nach Geographie.

Tabelle 3. Untersuchungsumfang in Bezug auf aviäre Influenzaviren bei Wildvögeln in den Bundesländern Deutschlands, 2023 (Quelle: AI-DB, FLI, Institut f. Epidemiologie; NRL-AI, FLI, Institut f. Virusdiagnostik)

Bundesland	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Gesamt
Baden - Württemberg	213	329	376	149	130	92	52	26	102	123	96	153	1.841
Bayern	54	133	157	119	156	67	35	28	20	57	94	40	960
Berlin	2	4	7	3	6	3	8	14	4	6	6	10	73
Brandenburg	24	12	22	11	33	115	24	8	108	6	17	4	384
Bremen	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Hamburg	35	27	45	32	51	17	43	4	5	13	16	34	322
Hessen	168	157	165	156	165	157	168	117	137	135	122	0	1.647
Mecklenburg - Vorpommern	18	5	7	16	51	61	18	6	2	3	66	10	263
Niedersachsen	128	89	46	29	57	156	90	103	160	262	158	121	1.399
Nordrhein - Westfalen	176	142	118	68	46	92	98	22	35	143	140	105	1.185
Rheinland - Pfalz	6	12	7	15	10	12	5	1	4	6	8	7	93
Saarland	1	10	12	2	0	1	11	0	0	0	2	0	39
Sachsen	19	16	33	48	64	30	16	26	19	8	37	10	326
Sachsen - Anhalt	11	10	8	16	9	5	7	6	2	10	7	6	97
Schleswig - Holstein	170	62	100	17	70	223	79	43	68	73	79	90	1.074
Thüringen	18	9	11	3	3	9	11	24	2	12	8	17	127
Summe	1.043	1.017	1.114	684	851	1.040	666	428	668	857	856	607	9.831

Tabelle 4. Nachweis aviärer Influenzaviren in Wildvogelproben, 2023

Sub- und Pathotyp	WV	Geflügel	Zoo
H1Nx	1	0	0
H1N1	1	0	0
H1N2	2	0	0
H2N3	2	0	0
H3N8	4	0	0
H4N6	7	0	2
HP H5Nx	22	0	0
HP H5N1	1.124	65	9
HP H5N5	1	0	0
LP H5N2	2	1	0
LP H5N4		1	0
H6Nx	3	0	0
H6N1	4	1	1
H6N2	12	3	0
H6N4	1	0	0
H6N5	1	0	0
H6N8	3	1	0
H6N9	1	0	0
H8N4	1	0	0
H9N2	29	1	1
H9N5	1	0	0
H11N9	4	1	1
H12N5	1	0	0
H13N6	1	0	0
HxN2	7	0	0
HxN3	1	0	0
HxN4	1	0	0
HxN6	1	0	0
Gesamt	1.238	74	14

Das Spektrum subtypspezifisch charakterisierter Proben ist 2023 ähnlich breit wie im Vorjahr (Tabelle 4). Die Mehrzahl der non-H5/H7-AIV Nachweise in Wildvögeln rührt vor allem aus Untersuchungen von Wildgänsen und -enten her und zeigt ein Spektrum von Subtypen, die häufig in Mitteleuropa bei anseriformen Wildvögeln anzutreffen sind (H6, H9, H1; Tabelle 4).

Forschung

Forschungsbeteiligungen des NRL bezogen sich 2023 u.a. auf die Epidemiologie und Pathogenese von HPAIV Infektionen bei koloniebrütenden Seevögeln (Pohlmann et al., 2023), wildlebenden Fleischfressern in Deutschland (Bächlein et al., 2023). Hauschweine erwiesen sich in einem Infektionsexperiment als wenig empfänglich auch gegenüber sehr hohen Virusdosen eines weit verbreiteten Genotyps des HPAIV H5N1 (Graaf et al., 2023). Als Partner im Netzwerk international operierender Referenzlabore der WOAH und FAO war das NRL 2023 vor allem mit Aspekten der HPAI Impfung und der Überwachung geimpfter Bestände befasst. Hierzu wurden in internationalen Kooperationen Überblicke und Richtlinien erarbeitet (EFSA, 2023; Harder et al., 2023).

Staatliche Maßnahmen

Maßnahmen zum Schutz vor bzw. zur Bekämpfung von anzeigepflichtigen AIV Infektionen sind direkt aus den einschlägigen delegierten Rechtsakten der EU abzuleiten. Mit der Inkraftsetzung der delegierten EU-Verordnung 2023/361 bestehen nunmehr auch gesetzliche Regelungen zur Durchführung von HPAIV Impfungen bei gehaltenen Vögeln. Das FLI ist an einer einer Bund-Länder-Kommission zu den Risiken und Möglichkeiten der Impfung von Geflügel gegen HPAIV in Deutschland beteiligt.

Zoonosepotential

AIV sind überwiegend wirtsspezifisch und an einen Infektionszyklus in Vögeln adaptiert. In seltenen Fällen kann es jedoch zu Übertragungen über Speziesgrenzen hinweg auch auf Säugetiere und den Menschen kommen. Die sporadische Infektion eines Säugetieres kann ein erhöhtes zoonotisches Potential eines AIV signalisieren. In diesem Zusammenhang sind natürliche Infektionen von Füchsen und anderen terrestrischen Fleischfressern sowie von marinen Säugern wie Seehunden bzw. Kegelrobben zu nennen, die auch 2023 vereinzelt europaweit und auch in Deutschland von HPAIV H5N1 Infektionen betroffen waren. Als Ursache der Infektionen wird vor allem die orale Virusaufnahme durch das Fressen infizierter Wildvögel vermutet. Infektionen des Menschen mit HPAIV H5N1 wurden 2023 nur sehr vereinzelt weltweit, jedoch nicht aus Europa, gemeldet. Bei der Entsorgung infizierter Wildvögel und anderer Wildtiere (insbesondere Fleischfresser) sowie bei der Räumung von Ausbrüchen betroffener Geflügelbetriebe sind geeignete Hygiene- und Schutzmaßnahmen für das Personal umzusetzen. Hierzu novelliert der Ausschuss für biologische Arbeitsstoffe, ABAS, seine Empfehlungen (<https://www.baua.de/DE/Angebote/Regelwerk/TRBA/Beschluss-608.html>).

Abkürzungen

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

Literaturhinweise

Baechlein C, Kleinschmidt S, Hartmann D, Kammeyer P, Wöhlke A, Warmann T, Herms L, Kühl B, Beineke A, Wohlsein P, Harder T, Runge M. Temporal clustering of neurotropic HPAIV H5N1 infections in red foxes, Northern Germany. *Emerg Inf Dis.* 2023, 12: 2509-2512. doi: 10.3201/eid2912.230938.

EFSA Panel on Animal Health and Animal Welfare (AHAW), European Union Reference Laboratory for Avian Influenza; Nielsen SS, Alvarez J, Bicout DJ, Calistri P, Canali E, Drewe JA, Garin-Bastuji B, Gonzales Rojas JL, Gortázar C, Herskin M, Michel V, Miranda Chueca MÁ, Padalino B, Roberts HC, Spoolder H, Stahl K, Velarde A, Winckler C, Bastino E, Bortolami A, Guinat C, Harder T, Stegeman A, Terregino C, Aznar Asensio I, Mur L, Broglia A, Baldinelli F, Viltrop A. Vaccination of poultry against highly pathogenic avian influenza - part 1. Available vaccines and vaccination strategies. *EFSA J.* 2023 Oct 10;21(10):e08271. doi: 10.2903/j.efsa.2023.8271.

Graaf A, Piesche R, Sehl-Ewert J, Grund C, Pohlmann A, Beer M, Harder T. Low Susceptibility of Pigs against Experimental Infection with HPAI Virus H5N1 Clade 2.3.4.4b. *Emerg Infect Dis.* 2023; 29: 1492-1495. doi: 10.3201/eid2907.230296.

Harder T, de Wit S, Gonzales JL, Ho JHP, Mulatti P, Prajitno TY, Stegeman A. Epidemiology-driven approaches to surveillance in HPAI-vaccinated poultry flocks aiming to demonstrate freedom from circulating HPAIV. *Biologicals.* 2023 Jul 24;83:101694. doi: 10.1016/j.biologicals.2023.101694

Pohlmann A, Stejskal O, King J, Bouwhuis S, Packmor F, Ballstaedt E, Hälterlein B, Hennig V, Stacker L, Graaf A, Hennig C, Günther A, Liang Y, Hjulsgager C, Beer M, 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.* 2023; 104. doi: 10.1099/jgv.0.001834

4. Beschälseuche der Pferde - Dourine

Schares, G.

Summary

Dourine is a classical venereal infection of equines caused by the protozoal parasite *Trypanosoma equiperdum*. It mostly presents as chronic disease with an irregularly long incubation time, possibly of several months. Dourine is a notifiable disease and has been eradicated from Germany several decades ago. To prevent an introduction of the pathogen, the importation of equids into the EU is permitted exclusively from approved third countries, where dourine has not occurred for at least 6 months. This also applies to the holdings of origin of equids if animals are moved from one EU member state to another one. According to the import regulations of the EU, testing of animals prior to import is based on complement fixation test (CFT; prescribed test according to OIE) to detect specific serum antibodies. However, the close relationship to *T. evansi*, causing “Surra” in camelids, but also infections in horses (with symptoms similar to dourine) and other animal species, may induce cross-reactions in serological tests, since the antigen recommended for CFT consists of a whole-cell lysate of *T. equiperdum*. Detection and isolation of the pathogen itself is rarely successful, even during the acute stage of the disease.

Zusammenfassung

Die Beschälseuche ist eine durch den einzelligen Parasiten *Trypanosoma equiperdum* hervorgerufene, meist chronisch verlaufende klassische Deckinfektion bei Equiden mit einer unregelmäßig langen Inkubationszeit von bis zu mehreren Monaten. Sie zählt zu den anzeigepflichtigen Tierseuchen und ist seit vielen Jahrzehnten in Deutschland getilgt.

Um Einschleppungen des Erregers zu verhindern, dürfen Equiden gemäß unionsrechtlicher Bestim-

mungen nur aus zugelassenen Drittländern importiert werden, in welchen seit mindestens sechs Monaten keine Beschälseuche aufgetreten ist. Letzteres gilt auch für die Herkunftsbetriebe von Equiden im Fall des innergemeinschaftlichen Verbringens. Im Rahmen unionsrechtlich vorgeschriebener Importuntersuchungen muss ferner eine Untersuchung mittels Komplement-Bindungsreaktion (KBR; von der OIE empfohlene Methode) auf spezifische Serum-Antikörper erfolgen. Die enge Verwandtschaft des Erregers mit *T. evansi*, dem Erreger der „Surra“ bei Kameliden sowie von Infektionen bei Equiden (mit Symptomen ähnlich der Beschälseuche) und anderen Tierarten, kann jedoch zu serologischen Kreuzreaktionen führen, da das für die KBR empfohlene Antigen aus einem Gesamtzell-Lysat von *T. equiperdum* besteht. Ein direkter Nachweis und die Isolierung des Erregers sind sogar im akuten Stadium der Erkrankung nur selten erfolgreich.

Labordiagnostische Untersuchungen

In Tabelle 1 sind die Ergebnisse der Aktivitäten des NRLs aufgelistet.

Staatliche Maßnahmen

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

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

Forschung

Im Rahmen eines vom Bundesministerium für Bildung und Forschung geförderten Forschungsprojektes (Förderkennzeichen: 0316009C) wurden Bedingungen für die Antigenherstellung mittels *in vitro*-Kultivierung von *T. equiperdum* erarbeitet, um den

derzeit notwendigen Tierversuch verzichtbar zu machen. Dieses Vorhaben konnte erfolgreich abgeschlossen werden. Die Methode zur *in vitro*-Kultivierung als Alternative zum Tierversuch ist in das WOAHA Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals aufgenommen worden.

Zoonosepotential

Der Erreger der Beschälseuche besitzt nach heutigem Wissen keine zoonotische Bedeutung. Der ihm nah verwandte Erreger *T. evansi*, der durch Arthropoden übertragen wird, wurde im Jahr 2005 erstmals in Indien als Infektionserreger des Menschen identifiziert. Er verursachte eine fluktuierende Parasitämie mit Fieberepisoden über mehrere Monate und induzierte die Bildung von spezifischen Antikörpern im Blutserum.

Tabelle 1: Diagnostische Untersuchungen und weitere Aktivitäten zur Erfüllung der hoheitlichen Aufgaben

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen	Blutserum	0
Erregernachweis	Blut / Gewebe	0
Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Positiver Antikörpernachweis	Komplement-Bindungsreaktion	0
Positiver Erregernachweis	Polymerase-Kettenreaktion	0
Zulassungsuntersuchungen/ Chargenprüfungen	Antigenherstellung und -prüfung	0
Abgabe Referenzmaterial	Antigen	16
	Positivkontrollserum	6
	Negativkontrollserum	3
Ringtest	Teilnahme an einer Laborvergleichsstudie international	0
Ringtest	Durchführung einer Laborvergleichsstudie national	0

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

Wernike, K., Gethmann, J. M., Sauter-Louis, C., Beer, M.

Summary

Bovine viral diarrhoea (BVD) causes high economic losses in the cattle population worldwide. In Germany, BVD is a notifiable disease since 2004. In December 2008, a regulation for an obligatory nationwide control program was decreed by BMEL which came into force in January 2011. Since 2011 more than 50,000 BVDV-infected animals were removed from the cattle population, while about 55 million animals were classified as “unsuspicious”. In 2023, a total of only 9 BVD outbreaks were reported to the German animal disease notification system (TSN). Since 2021, BVD is regulated on European level, as implemented in the EU Animal Health Law. In December 2020, all German federal states submitted applications to the EU Commission to either grant the status “free from BVD” or for approval of an eradication program for BVD. The applications have been approved. In the following years, some of the districts with an approved eradication program applied for the status “free from BVD”. All BVD-free regions and areas with an authorized BVD eradication program are listed in the Commission Implementing Regulation (EU) 2021/620.

Zusammenfassung

Die Bovine Virusdiarrhoe (BVD) zählt zu den wirtschaftlich bedeutendsten Erkrankungen der Rinder weltweit. In Deutschland wird diese anzeigepflichtige Tierseuche seit 2011 verpflichtend bekämpft. Von 2011 bis einschließlich 2023 wurden mehr als 50.000 BVDV-infizierte Tiere aus der Rinderpopulation eliminiert, wobei im gleichen Zeitraum ungefähr 55 Mio. Rinder den Status „unverdächtig“ erhielten. Im Jahr 2023 wurden im TSN insgesamt nur noch 9 Ausbrüche von BVD/MD gemeldet.

Mit dem neuen EU-Tiergesundheitsrecht wird die BVD seit 2021 auch auf EU-Ebene geregelt. Alle Bundesländer haben im Dezember 2020 Anträge bei der EU-Kommission entweder zur Gewährung des Status „frei von BVD“ oder zur Genehmigung von „BVD-Tilgungsprogrammen“ gestellt, um den damit verbundenen Außenschutz schnellstmöglich zu erhalten. Alle Anträge wurden genehmigt. In den folgenden Jahren haben etliche Landkreise mit genehmigten Tilgungsprogrammen den Antrag zur Gewährung des Status „frei von BVD“ gestellt. Alle BVD-freien Regionen und Gebiete mit einem anerkannten BVD-Tilgungsprogramm sind in der Durchführungsverordnung (EU) 2021/620 und den dazugehörigen Änderungsverordnungen gelistet.

Allgemeine Informationen

Die Bovine Virusdiarrhoe/Mucosal Disease (BVD/MD) ist eine durch das Bovine Virusdiarrhoe Virus (BVDV) verursachte Infektionskrankheit bei Rindern. Es werden drei selbständige Virusspezies unterschieden (BVDV-1 [syn. *Pestivirus bovis*], BVDV-2 [syn. *Pestivirus tauri*], BVDV-3 oder HoBi-like Pestiviren [syn. *Pestivirus brasilense*]), weitere Subtypisierungen sind möglich. Weiterhin unterscheidet man nach dem Verhalten in Zellkulturen die beiden Biotypen „zytotoxischen (cp)“ und „nicht-zytotoxischen“ (ncp).

Die Übertragung des Virus erfolgt horizontal, meist oronasal, über verschiedene Körpersekrete oder vertikal als diaplazentare Infektion. In Abhängigkeit vom Infektionszeitpunkt kann es zu einer transienten oder, nach einer *in utero*-Infektion vor etwa dem 90. Trächtigkeitstag, einer dauerhaften (persistierenden) Infektion kommen.

Bei transienten BVDV-Infektionen hängt die Ausprägung der Krankheitserscheinungen vom Alter und

dem Trächtigkeitstadium des Einzeltieres ab. Während die Infektion nicht tragender Tiere in der Regel klinisch inapparent verläuft, Ausnahmen stellen vereinzelt perakute Verlaufsformen mit einem hämorrhagischen Syndrom dar, kann eine Infektion seronegativer trächtiger Rinder zu Fruchttretentionen, Aborten, Missbildungen oder der Entstehung von persistent infizierten (PI) Kälbern führen. Diese PI-Kälber scheiden das Virus lebenslang aus und spielen damit für die Aufrechterhaltung von Infektketten in Beständen oder Regionen eine zentrale Rolle. Eine in der Regel tödlich verlaufende Spätform der Erkrankung stellt die Mucosal Disease (MD) dar, die entsteht, wenn der ncp-Biotyp im PI-Tier zum cp-Virus mutiert oder wenn PI-Tiere mit einem sehr nah verwandten cp-BVDV infiziert werden.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Labordiagnostik der BVD erfolgt in den veterinärmedizinischen Untersuchungseinrichtungen der Bundesländer mittels zugelassener Testkits und auf der Grundlage der amtlichen Methodensammlung. Der Schwerpunkt der Diagnostik liegt auf dem Virus- bzw. Genomnachweis, wobei kolostrale Antikörper die Erkennung von PI-Tieren testabhängig und in Abhängigkeit von der Probenmatrix beeinträchtigen können (sog. „diagnostische Lücke“). Um ein möglichst frühes Ergebnis zu erhalten, wird die erste BVDV-Untersuchung eines Tieres mit Hilfe von Hautstanzproben, die beim Einziehen der Ohrmarke gewonnen werden, durchgeführt. Antikörpernachweise über sogenannte Jungtierfenster (serologische Blutuntersuchung von Tieren nach dem Abklingen von kolostralen Antikörpern) oder Tankmilchtestung werden in Pilotstudien und in zunehmendem Rahmen in Monitoringprogrammen durchgeführt. Sie sollen zukünftig eine deutlich größere Bedeutung erlangen.

Statistische Angaben

Im TSN wurden im Jahr 2023 insgesamt nur noch 9 Ausbrüche von BVD/MD gemeldet (Abbildung 1).

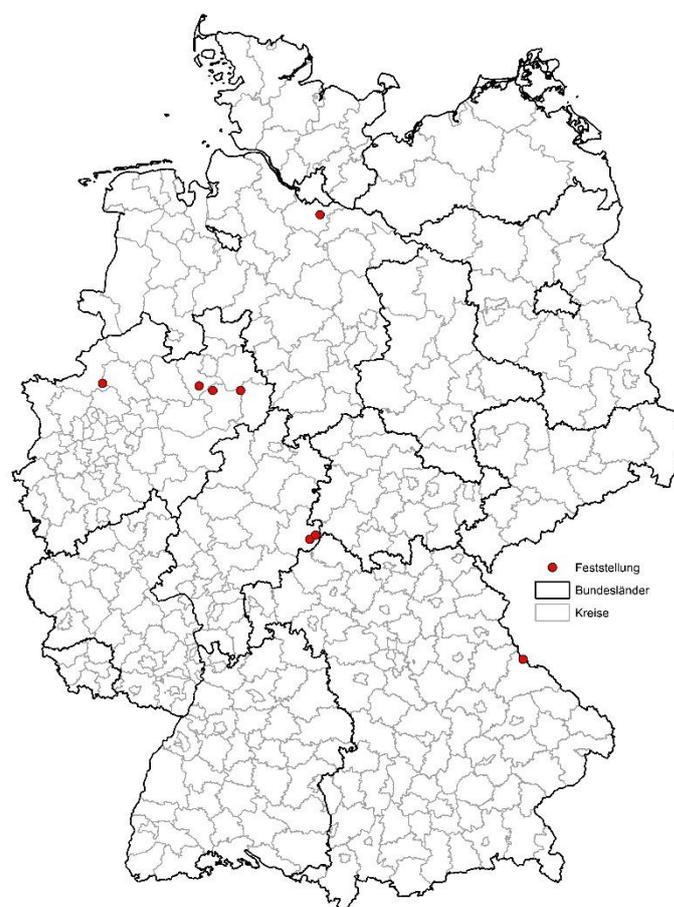


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2023 angezeigten BVD-Ausbrüche (TSN; Stichtag: 12.12.2024)

Epidemiologische Untersuchungen

Die Bestimmung des BVDV-Subtypes und die epidemiologische Einordnung (= molekulare Epidemiologie) BVDV-positiver Proben erfolgt am BVD-NRL, Insel Riems. Dazu bittet das NRL um Übersendung BVDV-positiver Proben. In den von 2018 bis 2023 typisierten Proben waren die Subtypen BVDV-1d und -1b vorherrschend, weiterhin wurden vereinzelt die Subtypen BVDV-1a, -1e, -1f und -1h detektiert.

Staatliche Maßnahmen

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

Alle Bundesländer haben im Dezember 2020 Anträge bei der EU-Kommission entweder zur Gewährung des Status „frei von BVD“ oder zur Genehmigung von „BVD-Tilgungsprogrammen“ gestellt. Die Anträge der Bundesländer wurden genehmigt und die BVD-freien Regionen und Gebiete mit einem anerkannten BVD-Tilgungsprogramm sind in der Durchführungsverordnung (EU) 2021/620³ gelistet und in der Abbildung 2 dargestellt. Weitere Informationen und Karten, die die Situation in den anderen EU-Mitgliedstaaten darstellen, finden sich unter https://food.ec.europa.eu/animals/animal-diseases/surveillance-eradication-programmes-and-disease-free-status_en.

Die seuchenspezifischen Regelungen zu BVD-Tilgungsprogrammen und zur Gewährung und Aufrechterhaltung des Status „frei von BVD“ (analog zum bisherigen Status „BVDV-unverdächtig“) in Bezug auf gehaltene Rinder sind in der Delegierten

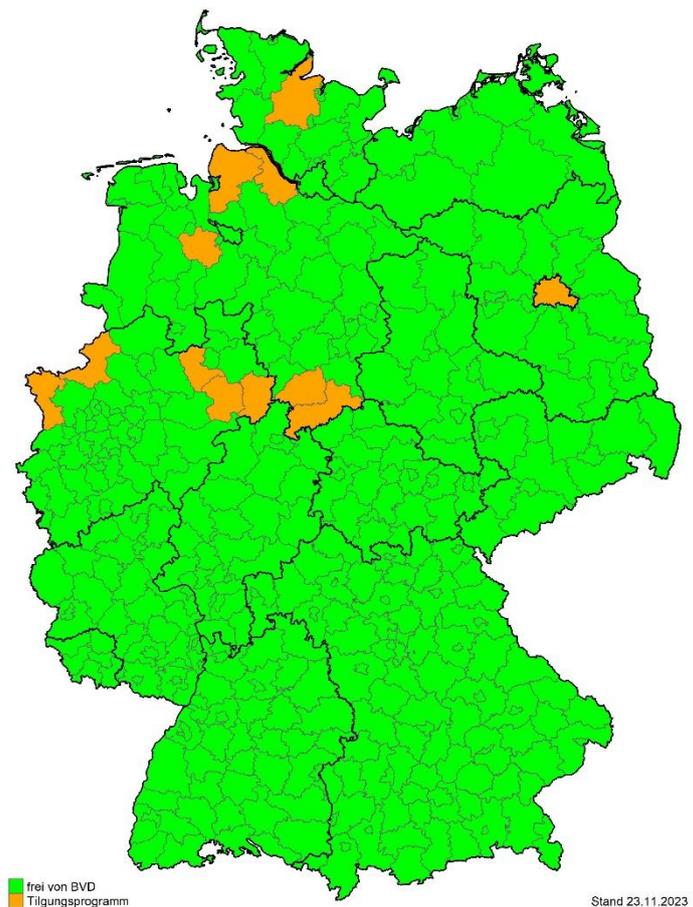


Abb. 2: BVD-freie Gebiete (grün) und Gebiete mit einem genehmigten Tilgungsprogramm (orange) (Stand: 31.12.2023)

Verordnung (EU) 2020/689⁴ niedergelegt. Sie beziehen sich auf die Betriebsebene und auf die Ebene von Mitgliedstaaten oder Zonen und adressieren die Verantwortlichkeiten der Tierhalter sowie der zuständigen Behörden.

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

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

³ Durchführungsverordnung (EU) 2021/620 der Kommission vom 15. April 2021 mit Durchführungsbestimmungen

zur Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates hinsichtlich der Genehmigung des Status „seuchenfrei“ und des Status der Nichtimpfung für bestimmte Mitgliedstaaten oder Zonen oder Kompartimente dieser Mitgliedstaaten in Bezug auf bestimmte gelistete Seuchen und der Genehmigung von Tilgungsprogrammen für diese gelisteten Seuchen

⁴ Delegierte Verordnung (EU) 2020/689 der Kommission vom 17. Dezember 2019 zur Ergänzung der Verordnung (EU) 2016/429 des Europäischen Parlaments und des Rates hinsichtlich Vorschriften betreffend Überwachung, Tilgungsprogramme und den Status „seuchenfrei“ für bestimmte gelistete und neu auftretende Seuchen (ABl. L 174 vom 3.6.2020, S. 211).

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

In Betrieben bzw. Regionen, die ein Tilgungsprogramm durchführen, und mit dem Status „frei von BVD“ besteht ein Impfverbot und BVD-freie Betriebe in einem BVD-freien Land oder Landkreis dürfen keine geimpften Tiere einstellen. In Ausnahmefällen kann eine Impfung für einzelne Bestände von der zuständigen Behörde genehmigt werden.

6. Campylobacteriose (thermophile *Campylobacter*) - Campylobacteriosis

EL-ADAWY, H. H.

Summary

Campylobacter species are ubiquitously distributed and colonize the mucous membranes of the intestinal tract, the oral mucosa or the urogenital tract in animals and humans. Various species are pathogenic and cause disease in both animals and humans. Twelve of the 17 *Campylobacter* species are associated with human diseases. Of these species, the thermophilic *C. jejuni* and *C. coli* are the most important pathogens of *Campylobacter* enteritis (campylobacteriosis) in terms of public health. Campylobacteriosis is a zoonosis which, in contrast to humans, is usually asymptomatic in birds, poultry and many mammals. Campylobacterioses in various animal species caused by the thermophilic *Campylobacter* species including *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari* and *C. upsaliensis* are notifiable.

Zusammenfassung

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

Labordiagnostische Untersuchungen

Es wurde eine Arbeitsanleitung zur Diagnostik der Campylobacteriose erarbeitet, welche in der amtlichen Methodensammlung des FLI zu finden ist. Aufgrund der Empfindlichkeit der *Campylobacter* gegenüber Sauerstoff sollten für den Transport spezielle Transportmedien verwendet werden (z.B. „Amies Agar Gel with Charcoal“). Das Untersuchungsmaterial (Wasser, Milch, Kotproben, Leber- oder Zäkumproben, Futterproben und Fleisch- oder Kloakentupfer etc.) muss frisch sein und spätestens nach 6 h sollte die Kultivierung auf mCCDA-Platten mit Zusatz von 10 % Schafblut begonnen werden. Die Agarplatten werden bei 41,5°C in mikroaerober Atmosphäre (85 % N₂, 10 % CO₂, 5 % O₂) bebrütet und nach 44±4h auf *Campylobacter*-verdächtige Kolonien untersucht.

Anschließend werden die *Campylobacter*-Isolate phänotypisch und molekularbiologisch charakterisiert. In den meisten konventionellen biochemischen Tests sind *Campylobacter* relativ inaktiv und es gibt keine geeigneten Methoden, die eine einfache Differenzierung aller Spezies ermöglichen. Die Tests zur Differenzierung sind bisher nur teilweise standardisiert und in der Literatur weit verstreut (On, 1996). Methodische Hinweise zur Durchführung und Bewertung der Reaktionen finden sich bei Lander, Gill (1985) sowie Nachamkin (1999). Die Anwendbarkeit kommerzieller Differenzierungssysteme (z.B. API Campy, bio-Mérieux) wird unterschiedlich bewertet. Diese Systeme erreichen nicht die Aussagekraft konventioneller Tests.

Campylobacter-Isolate können mit MALDI-TOF MS identifiziert werden, wenn entsprechende Referenzspektren in der Datenbank vorhanden sind. Die Präparation erfolgt mit dem Ethanol-Extraktionsverfahren (entsprechend dem Protokoll der Fa. Bruker

Dal-tonics). Nach 20 min in Ethanol sind die *Campylobacter* abgetötet und die übliche Präparation kann gefahrlos erfolgen. Das Picken und das direkte Auftragen der Kolonien auf das Target werden nicht empfohlen.

Zur molekularbiologischen Identifizierung von *Campylobacter* spp., *C. jejuni* und *C. coli* hat sich eine konventionelle Multiplex-PCR bewährt (El-Adawy et al., 2012).

Die Gesamtgenomsequenzierung von *Campylobacter jejuni*-Isolaten mit anschließender bioinformatischer Datenanalyse ist in vielen Ländern bereits Standard bei der Isolat-basierten Feintypisierung, bei Ausbruchsanalysen und zur Detektion genetischer Marker für bestimmte Phänotypen (Antibiotikaresistenz, Virulenz) in der phänotypischen Charakterisierung von *Campylobacter jejuni* (El-Adawy et al., 2023).

Entsprechend den gesetzlichen Vorgaben (TÄHAV § 12c, d), ist bei Einsatz eines Antibiotikums ein Antibiogramm des isolierten Erregers nach qualifizierter Probennahme zu erstellen. Die Empfindlichkeitsprüfung der *Campylobacter* gegenüber antibakteriellen Wirkstoffen kann nach verschiedenen national oder international anerkannten Verfahren wie der Agardiffusion, der Bouillondilution oder mittels Epsilon-Test durchgeführt werden. Die Methoden und die Interpretationskriterien orientieren sich am Standard für antimikrobielle Empfindlichkeitstestung für Bakterien des Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI, 2018) (El-Adawy et al., 2012; El-Adawy et al., 2015; El-Adawy et al., 2023).

Statistische Angaben

Die Zahl der Neuausbrüche dieser Tierseuche betrug im Jahr 2023 insgesamt 860 Fälle (siehe Tabelle und Abbildungen).

Die meisten *Campylobacter*-Ausbrüche wurden 2023 in den Bundesländern Bayern, Sachsen und Nordrhein-Westfalen festgestellt (Tabelle 2).

Epidemiologische Untersuchungen

Ein wesentlicher Schwerpunkt der Aufgaben des NRL *Campylobacter* sind Untersuchungen zur Epidemiologie der *Campylobacter* in Tierbeständen. Damit sollen auch allgemeingültige Erkenntnisse gewonnen werden, um eine bessere Beratungsfunktion gewährleisten zu können. Im Jahr 2023 wurden durch das NRL *Campylobacter* in Zusammenarbeit mit den zuständigen Veterinärbehörden und den Untersuchungsämtern nach einer entsprechenden Anfrage zahlreiche Ausbrüche an *Campylobacter* begleitet. Darüber hinaus steht das NRL *Campylobacter* bei Rückfragen zur Diagnostik, Epidemiologie, Prophylaxe und Bekämpfung von Ausbrüchen an *Campylobacter* bei allen anderen landwirtschaftlichen Nutztieren beratend zur Verfügung.

Forschung

Im letzten Jahr lag der Schwerpunkt weiterhin auf der bioinformatischen Analyse von Gesamtgenomdaten. Weiterhin wurde die antimikrobielle Empfindlichkeit getestet. Zielstellung ist es, die Möglichkeiten der molekularen Epidemiologie weiter auszubauen und Antibiotikaresistenzen besser abklären zu können. Eine bioinformatische Pipeline zur Genotypisierung von *Campylobacter jejuni* wurde auf GitHub publiziert und ist öffentlich und kostenlos zugänglich. Ein Link zu der Linux-basierten Pipeline für die automatische Analyse von Gesamtgenomdaten von *Campylobacter jejuni* findet sich hier: https://gitlab.com/FLI_Bioinfo/WGSBAC. Letztere Pipeline wurde zur genomischen Charakterisierung von aus kommerziellen Putenherden in Deutschland isolierten *Campylobacter jejuni* angewendet (El-Adawy et al., 2023).

Ziel der Untersuchung war es, die Epidemiologie und genetische Heterogenität von *C. jejuni* aus kommerziellen Putenbetrieben in Deutschland mittels Gesamtgenomsequenzierung zu bewerten (El-Adawy et al., 2023). Die Illumina MiSeq®-Technologie wurde verwendet, um 66 *C. jejuni*-Isolate zu sequenzieren,

die zwischen 2010 und 2011 aus kommerziellen Putenherden in zehn deutschen Bundesländern gewonnen wurden. Die Isolate wurden 28 verschiedenen Sequenztypen (ST) zugeordnet und 11 klonale Komplexe (CC) zeigten einen hohen genetischen Unterschied zwischen den Isolaten. Dreizehn virulenzassoziierte Gene wurden in den *C. jejuni*-Isolaten identifiziert. Das mit dem Guillain-Barré-Syndrom assoziierte *wlaN*-Gen wurde bei neun (13,6 %) Isolaten nachgewiesen. Die Gene für die Resistenz gegen Ampicillin (*bla_{OXA}*), Tetracyclin [*tet(O)*], Neomycin [*aph(3')*-IIIa], Streptomycin (*aadE*) und Streptothricin (*sat4*) wurden in isolierten *C. jejuni* mittels whole genome sequencing (WGS) nachgewiesen. Ein Gencluster aus den Genen *sat4*, *aph(3')*-IIIa und *aadE* war in sechs Isolaten vorhanden. Die einzelne Punktmutation T86I im Housekeeping-Gen *gyrA*, die eine Resistenz gegen Chinolone verleiht, wurde in 93,6 % der phänotypisch fluorchinolonresistenten Isolate gefunden. Ein Sortiment von 13 β -Lactam-Resistenzgenen (*bla_{OXA}*-Varianten) wurde in 58 *C. jejuni*-Isolaten nachgewiesen. Von den 66 sequenzierten Isolaten trugen 28 (42,4 %) plasmidgebundene Contigs. Sechs Isolate beherbergten einen pTet-ähnlichen, plasmidgestützten Contig, der das *tet(O)*-Gen trägt.

Die bioinformatischer Datenanalyse erfolgte unter Nutzung vorgenannter Pipeline. Während die Sequenzierung mittels Verfahren der zweiten Generation (next generation sequencing) etabliert ist, befinden sich Verfahren der dritten Generation erst in der Validierungsphase. Für Sequenzierung und Datenanalyse sollte der Leitfaden ISO: 23418 in der jeweiligen aktuellen Fassung beachtet werden. DNS-Isolierung und Erstellung von Sequenzierbibliotheken (engl. Libraries) sollten nach Herstellerangaben durchgeführt werden. Die Datenanalyse beginnt mit einer Qualitätskontrolle. Dabei sollten 70 % 80 % der Basen einer Probe einen Qualitätswert (Phred Score) von mindestens 30 aufweisen. Quantitativ sollte

eine Coverage von mindestens 30 angestrebt werden, wobei möglichst mindestens 70 % der Reads taxonomisch dem Genus *Campylobacter* zugeordnet werden sollten. In der Datenanalyse folgt nun meist die Assemblierung der Reads zur Vorhersage von Contigs. Die assemblierten Genome sollten eine Größe von 1,4 bis 1,7 MB und einen N50-Wert von 15 kB aufweisen. Basierend auf den assemblierten Genomen können genetische Faktoren für Resistenz gegen Antibiotika, Virulenz und mobile genetische Elemente durch Vergleich mit entsprechenden Datenbanken detektiert werden (z.B. AMRFinderPlus, VFDB, Plasmidfinder). Zur groben Typisierung ist das klassische Multi Locus Sequence Typing (MLST, 7 Gene), basierend auf der Genomsequenz, möglich. Hochauflösende Phylogenie kann einerseits durch die Bestimmung von Einzelnukleotidänderungen Single Nucleotide Polymorphism (SNPs) durchgeführt werden. Andererseits haben sich Verfahren basierend auf Kerngenom-MLST etabliert. Hier bietet sich die kostenfreie Software Chewiesnake (Deneke et al., 2021) oder die lizenzierte Software Ridom SeqSphere+ (Jünemann et al., 2013) an.

Staatliche Maßnahmen

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

Literaturverzeichnis

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

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

El-Adawy H, Hotzel H, Düpre S, Tomaso H, Neubauer H, Hafez HM. (2012). Determination of antimicrobial sensitivities of *Campylobacter jejuni* isolated from commercial turkey farms in Germany. *Avian Dis.* 56(4):685-92. doi: 10.1637/10135-031912-Reg.1

El-Adawy H, Hotzel H, García-Soto S, Tomaso H, Hafez HM, Schwarz S, Neubauer H, Linde J. (2023). Genomic insight into *Campylobacter jejuni* isolated from commercial turkey flocks in Germany using whole-genome sequencing analysis. *Front Vet Sci.* 10:1092179. doi: 10.3389/fvets.2023.1092179

Jünemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, Albersmeier A, John U, Kalinowski J, Mellmann A, Goesmann A, von Haeseler A, Stoye J, and Harmsen D (2013). Updating benchtop sequencing performance comparison. *Nat. Biotechnol.* 31: 294-6: 294-6.

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

Nachamkin I (1999). *Campylobacter* and *Arcobacter*. In: Manual of Clinical Microbiology. 7th Edition. Eds. Murray, P.R., Baron, E.J., Tenover, M. A., Tenover, F. C. u. Tenover, R. H. Am. Soc. Microbiol., Washington, D. C. 716-72

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der Campylobacteriose in Deutschland in den Jahren 2016 - 2023 nach TSN (Stand 28.10.2024)

Jahr	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Campylobacteriose (thermophile <i>Campylobacter</i>)	1033	881	965	859	1222	1902	1076	860

Tabelle 2: Zahl der Ausbrüche der Campylobacteriose in Bundesländern für das Jahr 2023 nach TSN (Stand 28.10.2024)

Bundesland	2023
Baden-Württemberg	64
Bayern	213
Berlin	14
Brandenburg	29
Hamburg	9
Hessen	22
Mecklenburg-Vorpommern	12
Niedersachsen	29
Nordrhein-Westfalen	132
Rheinland-Pfalz	16
Saarland	3
Sachsen	210
Sachsen-Anhalt	44
Schleswig-Holstein	49
Thüringen	14
Summe	860

Tabelle 3: Monatsübersicht der Ausbrüche der Campylobacteriose in Deutschland für das Jahr 2023 nach TSN (Stand 28.10.2024)

Name	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Summe
Campylobacteriose (thermophile <i>Campylobacter</i>)	94	67	74	63	63	57	85	78	68	83	66	62	860

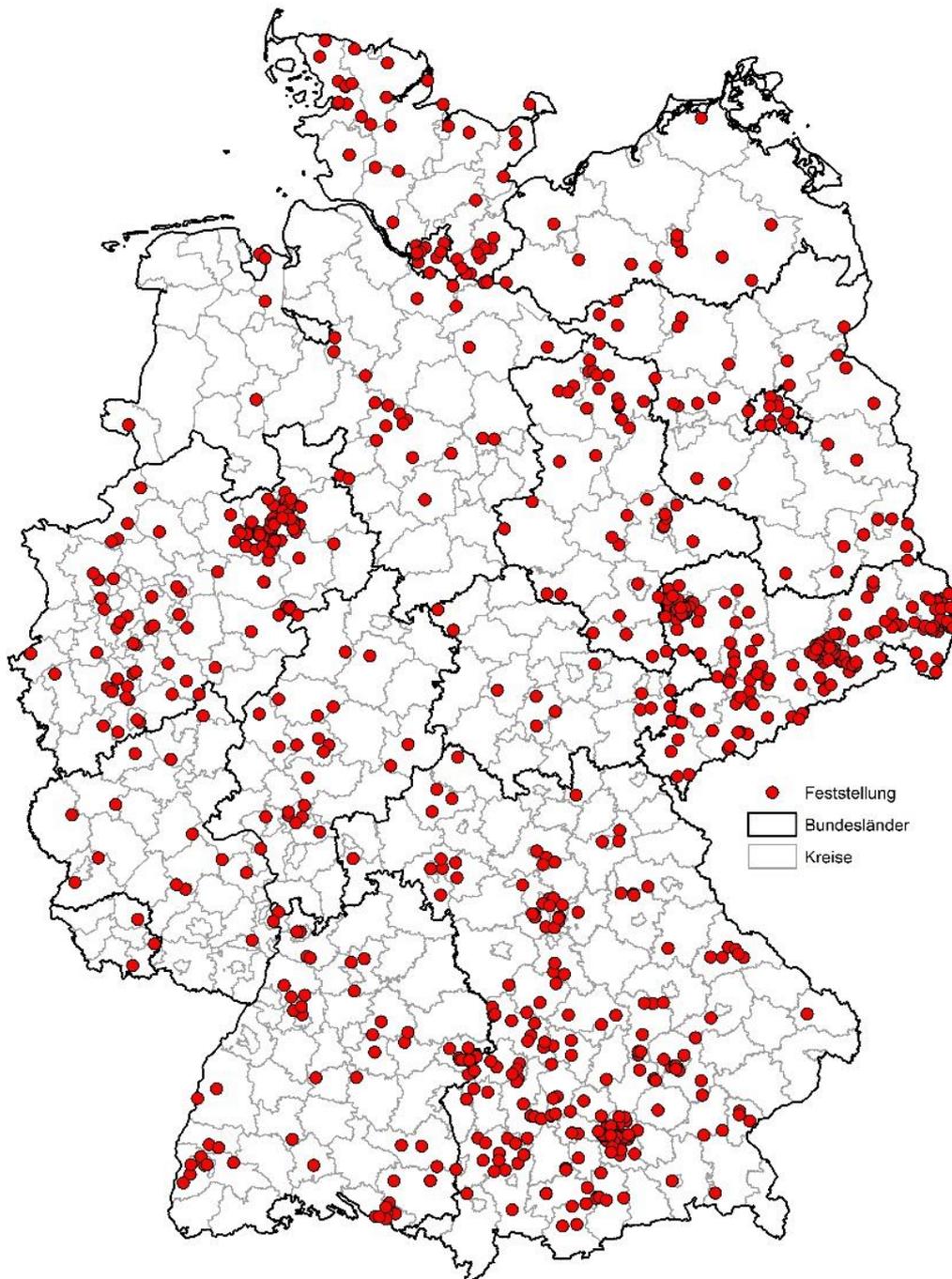


Abb. 1: Geografische Verteilung der 2023 gemeldeten Campylobacteriose-Fälle (TSN; Stichtag: 28.10.2024)

7. Echinokokkose - Echinococcosis

Maksimov, P.

Summary

Infections of humans with the larval stage of the small fox tapeworm *Echinococcus (E.) multilocularis* are regarded as one of the most dangerous parasitic zoonoses in Central Europe.

Since 9 November 2004, infections of animals with *E. spp.* have been reportable in Germany. *E. multilocularis* is a parasite with an indirect life cycle. Infected definitive hosts (*Canidae*, also *Felidae*; in Europe in most cases the red fox [*Vulpes vulpes*], but also the raccoon dog [*Nyctereutes procyonoides*]), harbor the mature, 1-3 mm sized tapeworm, whose numbers can range from a few to several 100,000, in their small intestines. They excrete tapeworm eggs, which are also infectious for humans, with their feces. The eggs remain infectious for months in the environment, e.g. on the vegetation covering the soil. Regular intermediate hosts are rodents, which become infected by oral uptake of infective *E. multilocularis* eggs. In most cases of alveolar echinococcosis, larval stages of the parasite are found in the liver of the intermediate hosts. The life cycle of *E. multilocularis* is completed when definitive hosts ingest tissues from infected intermediate hosts containing larval stages (metacestodes) with fertile protoscolices. In 2023, a total of 124 cases of echinococcosis were reported, which were recorded in 12 German federal states. The National Reference Laboratory (NRL) for Echinococcosis examined 158 intestine mucosa, 10 liver, 260 faecal samples, and two blood samples. Infection with the parasite were confirmed in 35 submitted samples (Table 1).

Zusammenfassung

Infektionen von Menschen mit dem Larvenstadium des Kleinen Fuchsbandwurms *Echinococcus (E.) multilocularis* gelten als eine der gefährlichsten parasitär bedingten Zoonosen Mitteleuropas. Infektionen

bei Tieren mit *E. spp.* sind seit dem 9. November 2004 meldepflichtig (Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten). *E. multilocularis* hat einen obligaten Wirtswechselzyklus. Infizierte Endwirte (*Canidae*, auch bedingt *Felidae*; in Europa vor allem der Rotfuchs [*Vulpes vulpes*], aber auch der Marderhund [*Nyctereutes procyonoides*]) beherbergen wenige bis zu mehreren 100.000 geschlechtsreife, 1 bis 3 mm lange Bandwürmer im Dünndarm. Sie scheiden die auch für den Menschen infektiösen Eier mit dem Kot aus. Die Eier können über Monate in der Umwelt infektiös bleiben, zum Beispiel an der bodennah wachsenden Vegetation. Reguläre Zwischenwirte sind Nager, die sich durch eine orale Aufnahme der Bandwurmeier infizieren und das Larvenstadium in nahezu allen Fällen der Infektion in der Leber und gelegentlich in der Lunge beherbergen. Der Lebenszyklus schließt sich über die Räuber-Beute-Beziehung der End- und Zwischenwirte. Im Jahre 2023 wurden im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) insgesamt 124 Fälle von Echinokokkose gemeldet, die in zwölf Bundesländern bei End- und Zwischenwirten diagnostiziert worden waren. Das Nationale Referenzlabor (NRL) für Echinokokkose untersuchte 158 Darmschleimhäute, 10 Lebendproben, 260 Kotproben und zwei Blutproben. Eine Infektion mit dem Parasiten wurde in 35 eingesandten Proben bestätigt (Tabelle 1).

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchungen auf Echinokokkose werden in den Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungssämtern bzw. von beauftragten Untersuchungsstellen durchgeführt.

An das NRL für Echinokokkose werden Gewebe-/Kotproben entweder für eine direkte Untersuchung, oder für die Bestätigung einer bereits befundeten

Echinokokkose bei End- bzw. Zwischenwirten gesandt. Der Nachweis einer Echinokokkose bei Endwirten wird *post mortem* mit Hilfe der Intestinal Scraping Technique (IST) durchgeführt. Diese Methodik ist in der amtlichen Sammlung der Verfahren zur Probenahme und Untersuchung von Untersuchungsmaterial tierischen Ursprungs für meldepflichtige Tierseuchen (Methodensammlung) beschrieben und kann über TSN oder die Homepage des FLI unter <https://www.fli.de/de/publikationen/amtliche-methodensammlung/> abgerufen werden kann. Des Weiteren wird eine *Echinococcus*-Infektion bei Endwirten *intra vitam* mit Hilfe von Sedimentations-/Flotationsverfahren und anschließender Mikroskopie auf Eier vom Taenientyp sowie molekularbiologischer Bestimmung der Parasitenspezies diagnostiziert.

Statistische Angaben

Im Jahre 2023 wurden in TSN insgesamt 124 Fälle von Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten gemeldet, die in zwölf Bundesländern diagnostiziert worden waren (Tabelle 2).

Die meisten Fälle wurden aus Thüringen (n=33), Sachsen-Anhalt (n=29), und Mecklenburg-Vorpommern (n=13) gemeldet (Tabelle 2).

Die gemeldeten Echinokokkose-Fälle der oben genannten Bundesländer spiegeln jedoch die wahre Verteilung von *Echinococcus spp.* in Deutschland nicht wieder, sondern sind das Ergebnis einer aktiven Überwachung der Echinokokkose bei End- und Zwischenwirten, die in verschiedenen Bundesländern in unterschiedlicher Intensität durchgeführt wird. Echinokokkose wurde bei Füchsen (n=83), Hunden (n=24), Marderhunden (n=2), Nagetiere (n=5), Hausschweine (n=3), Schwarzwild (n=2), einem Einufer sowie sechs sonstigen, nicht näher definierten Tierarten nachgewiesen.

Staatliche Maßnahmen

Die Echinokokkose ist eine meldepflichtige Erkrankung bei Menschen (§ 7 Abs. 3 IfSG) und Tieren (§ 26 Absatz 3 TierGesG). Weitergehende staatliche Maßnahmen zur Bekämpfung sind nicht vorgesehen.

Tabelle 1: Diagnostische Untersuchungen und weitere Aktivitäten zur Erfüllung der hoheitlichen Aufgaben.

Probeneingänge/ Untersuchungen	Spezifizierung	Anzahl
Einsendungen	Darmschleimhaut/Gewebematerial/Hydatidenflüssigkeit/Kot/DNA	485
Erregernachweis (DNA von <i>E. multilocularis</i>)	PCR	35
Erregernachweis (<i>E. multilocularis</i> Würmer)	IST (Intestinal Scrapping Technique)	2
Erregernachweis (<i>E. multilocularis</i> Würmer)	SCT (Sedimentation and Counting Technique)	-
Erregernachweis (<i>E. multilocularis</i> Eier)	Sedimentations-/Flotationsverfahren	-
Antikörpernachweis gegen <i>E. multilocularis</i>	Immunoblot	-
Antikörpernachweis gegen <i>E. granulosus</i>	-	-
Zulassungsuntersuchungen/Chargenprüfungen	-	-
Ringtest (Teilnahme)	Laborvergleichsstudie	1

Tabelle 2: Zahl der in TSN gemeldeten Echinokokkose-Fälle im Jahr 2023 pro Bundesland und Monat

Bundesland	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Gesamt
Baden-Württemberg				3		1	2	1	3	2			12
Bayern	2		2		2	1	1		1	1			10
Hamburg		2	3	1				1					7
Hessen								3	2				5
Mecklenburg-Vorpommern					1						6	6	13
Niedersachsen									1				1
Nordrhein-Westfalen							1						1
Rheinland-Pfalz		1	1	3	1			2		1	1		10
Saarland									1			1	2
Sachsen				1									1
Sachsen-Anhalt	7	5	2		1		6			1	2	5	29
Thüringen	8	1	9	7					1	5		2	33
Gesamt	17	9	17	15	5	2	10	7	9	10	9	14	124

8. Hantaviren in Mitteleuropa - Hantaviruses in Central Europe

Drewes, S. und Ulrich, R.G.

Summary

During the years 2001-2023 a total of 16,384 human hantavirus cases were registered by the Robert Koch-Institut (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, data as of 06.11. 2024). The number of recorded cases shows strong oscillations between the years with major peaks in 2007, 2010, 2012, 2017, 2019 and 2021. At least nine hantavirus species are present in Germany: Human infections by the striped field mouse-associated Dobrava-Belgrade orthohantavirus (DOBV, species *Orthohantavirus dobravaense*), genotype Kurkino, were documented in northern, north-eastern and eastern Germany. Tula orthohantavirus (TULV, species *Orthohantavirus tulaense*) was detected by molecular analysis in the reservoir, the common vole *Microtus arvalis*, but frequently also in other vole species. In 2021 a human disease case due to TULV infection was molecularly detected. Traemmersee virus was detected in a field vole (*Microtus agrestis*) from Brandenburg; this virus is highly related to Rusne virus discovered in the root vole (*Microtus oeconomus*) from Lithuania and field vole-associated Tatenale virus (TATV, species *Orthohantavirus tatenalense*) in Great Britain. Furthermore, a human infection with Seoul orthohantavirus (SEOV, species *Orthohantavirus seoulense*) was identified that was transmitted by a pet rat (*Rattus norvegicus*). The majority of human cases are caused by Puumala orthohantavirus (PUUV, species *Orthohantavirus puumalaense*) with the bank vole (*Clethrionomys glareolus* syn. *Myodes glareolus*) as reservoir. In addition to the five rodent-borne hantaviruses further hantaviruses have been identified in Germany in shrews, mole and bat; their pathogenicity to human is still unknown.

Zusammenfassung

In den Jahren 2001-2023 wurde durch das Robert Koch-Institut eine Gesamtzahl von 16.384 humanen Hantavirus-Erkrankungen erfasst (Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 06.11. 2024). Die Anzahl der gemeldeten Fälle zeigte starke Schwankungen mit den höchsten Fallzahlen in den Jahren 2007, 2010, 2012, 2017, 2019 und 2021. In Deutschland kommen mindestens neun Hantavirus-Arten vor: Humane Infektionen mit dem Brandmaus-assozierten Dobrava-Belgrad-Orthohantavirus (DOBV, Species *Orthohantavirus dobravaense*), Genotyp Kurkino, wurden in Nord-, Nordost- und Ostdeutschland gefunden. Das Tula-Orthohantavirus (TULV, Species *Orthohantavirus tulaense*) wurde bei molekularen Analysen im Reservoirwirt, der Feldmaus *Microtus arvalis*, aber auch in verwandten Wühlmausarten nachgewiesen. Im Jahr 2021 wurde in einem humanen Erkrankungsfall molekular eine TULV-Infektion detektiert. Das Traemmerseevirus wurde in einer Erdmaus (*Microtus agrestis*) aus Brandenburg entdeckt; dieses Virus ist eng verwandt mit dem in der nordischen Wühlmaus (*Microtus oeconomus*) in Litauen gefundenen Rusnevirus und mit dem in Großbritannien vorkommenden, Erdmaus-assozierten Tatenalevirus (TATV, Species *Orthohantavirus tatenalense*). Darüber hinaus wurden ein humane Infektionen mit dem Seoul-Orthohantavirus (SEOV, Species *Orthohantavirus seoulense*) in Deutschland entdeckt; die Übertragung erfolgte jeweils durch Heimtierratten (*Rattus norvegicus*). Die Mehrzahl der humanen Erkrankungen wird durch das Puumala-Orthohantavirus (PUUV, Species *Orthohantavirus puumalaense*) verursacht, das von der Rötelmaus (*Clethrionomys glareolus* syn. *Myodes glareolus*) übertragen wird. Neben den Nagetier-assozierten Hantaviren kommen in Deutschland auch weitere

Hantaviren bei Spitzmäusen, Maulwurf und Fledermaus vor, über deren Humanpathogenität jedoch bisher nichts bekannt ist.

Erreger/Epidemiologie

Bei den Vertretern der Familie *Hantaviridae*, Ordnung *Bunyvirales*, handelt es sich um behüllte Viren mit einem segmentierten Negativstrang-RNA-Genom. Hantaviren sind ursprünglich vor allem in unterschiedlichen Nagetierarten, aber in den vergangenen Jahren auch in Insektenfressern (Spitzmäuse und Maulwürfe) und Fledermäusen sowie Reptilien und Fischen entdeckt worden; deren Humanpathogenität ist jedoch bisher unklar. Die bei Säugetieren vorkommenden Hantaviren (Unterfamilie *Mammantavirinae*) werden vier Gattungen zugeordnet: Die Gattung *Orthohantavirus* umfasst Nagetier-, Spitzmaus- und Maulwurf-assoziierte Hantaviren, während die anderen Gattungen *Thottimvirus*, *Mobatvirus* und *Loanvirus* Hantaviren von Spitzmäusen, Maulwürfen und Fledermäusen beinhalten.

Verschiedene Nagetiere bilden das Reservoir für humanpathogene Hantaviren. Die persistent infizierten Reserviertiere scheiden das Virus mit Speichel, Kot und Urin aus. Das Virus scheint außerhalb des Wirtes über mehrere Wochen stabil zu sein. Entsprechend kann eine indirekte Übertragung durch aerogene Aufnahme von Virus-kontaminiertem Staub erfolgen. Bei humanen Infektionen kann es zu unterschiedlich schweren Krankheitsverläufen kommen, die durch Fieber, grippale Symptome, akutes Nierenversagen und/oder schwere Lungenfunktionsstörungen gekennzeichnet sind (siehe „Steckbrief ‘Hantavirus-Infektionen‘“). Die geografische Verbreitung der Viren folgt in der Regel dem Vorkommen des jeweiligen Reservoirs.

Humane Hantavirus-Infektionen wurden in Deutschland erstmals in den 1980er Jahren beschrieben (Ulrich *et al.*, 2004). Seit der Einführung der Meldepflicht wurden dem Robert Koch-Institut für den

Zeitraum 2001-2023 insgesamt 16.384 Hantavirus-Erkrankungen gemeldet, wobei die Zahl der gemeldeten Fälle zwischen den Jahren stark schwankte (**Tabelle 1**; Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 06.11.2024).

Die Mehrzahl der gemeldeten Fälle ist auf autochthone Infektionen mit dem Puumala-Orthohantavirus (PUUV, Species *Orthohantavirus puumalaense*) zurückzuführen und wurde bisher in Baden-Württemberg, Bayern, Nordrhein-Westfalen, Niedersachsen und Hessen registriert. Die geografische Verteilung der gemeldeten Fälle zeigt Landkreise mit sehr hohen Inzidenzen, während in einigen Landkreisen bisher keine oder nur wenige Hantavirus-Infektionen gemeldet wurden. Die Ungleichverteilung des PUUV in Deutschland ist wahrscheinlich auf die nachezeitliche Besiedlung Deutschlands mit der westlichen evolutionären Linie der Rötelmaus zurückzuführen. Die umfangreichen molekularen Studien zeigten eine Assoziation des mitteleuropäischen PUUV mit der westlichen Linie der Rötelmaus; die vermutliche nördliche und östliche Verbreitungsgrenze des Virus verläuft durch Niedersachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen (Drewes *et al.*, 2017). In Regionen mit einem gleichzeitigen Auftreten der östlichen bzw. karpatischen Linie der Rötelmaus konnte PUUV auch in diesen Linien nachgewiesen werden. Interessanter Weise wurde ein PUUV-Erkrankungsausbruch in einem Unternehmen in Niedersachsen zu einer ungewöhnlichen Zeit, Ende des Jahres 2021, beobachtet; eine starke Vermehrung des Rötelmausreservoirs im Hantavirus-Ausbruchsjahr 2021 ist sehr wahrscheinlich die Ursache dafür (Princk *et al.*, 2022).

Gemeinsame Studien des Nationalen Konsiliarlabors für Hantaviren (Humanmedizin) der Charité - Universitätsmedizin Berlin, dem Nationalen Referenzlabor für Hantaviren (Veterinärmedizin) am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) zusammen mit Kliniker*innen und Labormediziner*innen, lokalen und regionalen

Gesundheitsbehörden zeigten autochthone humane Infektionen mit dem Seoulvirus (SEOV, Species *Orthohantavirus seoulense*), die durch Heimtierratten (*Rattus norvegicus*) übertragen worden sind (Hofmann *et al.*, 2020; Hofmann *et al.*, 2024), sowie den molekularen Nachweis einer durch Tulavirus (TULV, Species *Orthohantavirus tulaense*) verursachten Hantavirus-Erkrankung (Hofmann *et al.*, 2021). Umfangreiche Untersuchungen zum Vorkommen des TULV in Deutschland bestätigten die Feldmaus als Reservoirwirt und führten zur Identifizierung von Faktoren, die die Durchseuchung in den Feldmauspopulationen beeinflussen (Jeske *et al.*, 2021; Schmidt *et al.*, 2021). Daneben wurde das mit dem großen Abendsegler (*Nyctalus noctula*) assoziierte Brno-Loanvirus (Species *Loanvirus brunaense*) erstmals in Deutschland beschrieben (Dafalla *et al.*, 2023).

Forschung

Im Rahmen des Netzwerkes „Nagetier-übertragene Pathogene“ wurde die seit 2005 laufende Longitudinalstudie zur räumlichen und zeitlichen Dynamik des PUUV in lokalen Populationen der Rötelmaus im Landkreis Osnabrück, einem Hantavirus-Endemiegebiet in Niedersachsen (Binder *et al.*, 2020), in Zusammenarbeit mit dem Niedersächsischen Landesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (LAVES), dem Gesundheitsamt Osnabrück und dem Niedersächsischen Landesgesundheitsamt (NLGA, Hannover), fortgesetzt. In einer Pilotstudie an Rötelmäusen aus dieser Region wurde eine hohe Koinfektionsrate von PUUV-infizierten Rötelmäusen mit den Endoparasiten *Hepatozoon* spp. und *Sarcocystis (Frenkelia)* spp. beobachtet (Schlohsarczyk *et al.*, 2023).

In einer gemeinsamen Studie mit dem Julius Kühn-Institut wurde auf der Basis von Daten zur Zusammensetzung von Kleinsäugerpopulationen in vier verschiedenen Bundesländern (2010-2013) der Einfluss von Populationsveränderungen auf die PUUV-

Prävalenz im Reservoirwirt Rötelmaus untersucht. Interessanterweise hatte die Abundanz von Spitzmäusen einen negativen Einfluss auf die Rötelmausabundanz. Die Rötelmausabundanz hatte einen positiven Einfluss auf die PUUV-Seroprävalenz, während eine erhöhte Abundanz der Nichtreservoirarten Waldmaus (*Apodemus sylvaticus*) und Gelbhalsmaus (*Apodemus flavicollis*) zu einer reduzierten PUUV-Seroprävalenz im Reservoirwirt führte. Diese Ergebnisse zeigten für PUUV in Rötelmäusen einen durch erhöhte interspezifische Konkurrenz verursachten Verdünnungseffekt („dilution effect“) (Bujnoch *et al.*, 2024).

Im Rahmen des vom DZIF-geförderten Projektes „CoRoPa“ wurden Hantavirus-Untersuchungen in Ratten fortgesetzt (Heuser *et al.*, 2023). Während eine humane Erkrankung mit SEOV auf Heimtierratten zurückgeführt wurde; wurde in wildlebenden Ratten und in Haltungen von wildlebenden Ratten in Deutschland kein SEOV nachgewiesen.

Da für Hantaviren nach wie vor keine kausale Therapie und kein zugelassener Impfstoff zur Verfügung stehen, kommt der Expositionsprophylaxe weiterhin große Bedeutung zu (Faber *et al.*, 2019). Im Rahmen der Öffentlichkeitsarbeit des RoBoPub-Verbundes, des Netzwerkes „Nagetier-übertragene Pathogene“ und des Nationalen Referenzlabors für Hantaviren (Veterinärmedizin) wurden mehrere Übersichtsarbeiten zu Hantaviren und anderen Nagetier-assoziierten Zoonoseerregern sowie zu den zur Verfügung stehenden diagnostischen Hantavirus-Antigenen veröffentlicht (Avižiniene *et al.*, 2023; Beermann *et al.*, 2023; Schmitz *et al.*, 2023; Ulrich *et al.*, 2023).

Ausblick

Die im Rahmen des Netzwerkes „Nagetier-übertragene Pathogene“ (Ulrich *et al.*, 2009) durchgeführten Untersuchungen zu Orthopockenviren, Rickettsien, und weiteren Erregern sollen mit den Untersuchungsergebnissen zur Hantavirus- und *Lep-tospira*-Durchseuchung zusammengeführt werden,

um mögliche Effekte von Koinfektionen im Nagetierreservoir aufzudecken. Darüber hinaus sollen vergleichende Untersuchungen zukünftig den möglichen Einfluss der Biodiversität auf die Übertragungswahrscheinlichkeit von Hantaviren und anderen Erregern sowohl innerhalb der Nagetierreservoirpopulationen als auch auf den Menschen klären.

Zusätzliches Infomaterial

Steckbrief Hantavirus-Infektionen:

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

Informationen zur Vermeidung von Hantavirus-Infektionen:

https://www.openagrar.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00020232/Hantavirus-Informationsblatt_2019.pdf

Literatur

Avižiniene A, Kučinskaitė-Kodžė I, Petraitytė-Burneikienė R, Žvirblienė A, Mertens ML, Schmidt S, Schlegel M, Lattwein E, Köllner B, Ulrich RG. (2023). Characterization of a Panel of Cross-Reactive Hantavirus Nucleocapsid Protein-Specific Monoclonal Antibodies. *Viruses*, 15.

Beermann S, Dobler G, Faber M, Frank C, Habedank B, Hagedorn P, Kampen H, Kuhn C, Nygren T, Schmidt-Chanasit J, Schmolz E, Stark K, Ulrich RG, Weiss S, Wilking H. (2023). Auswirkungen von Klimaveränderungen auf Vektor- und Nagetier-assoziierte Infektionskrankheiten. *Journal of Health Monitoring*, 8: 36-66.

Binder F, Drewes S, Imholt C, Saathoff M, Below DA, Bendl E, Conraths FJ, Tenhaken P, Mylius M, Brockmann S, Oehme R, Freise J, Jacob J, Ulrich RG. (2020). Heterogeneous Puumala orthohantavirus situation in endemic regions in Germany in summer 2019. *Transbound Emerg Dis*, 67: 502-509.

Bujnoch FM, Reil D, Drewes S, Rosenfeld UM, Ulrich RG, Jacob J, Imholt C. (2024). Small mammal community composition impacts bank vole (*Clethrionomys glareolus*) population dynamics and associated seroprevalence of Puumala orthohantavirus. *Integr Zool*, 19: 52-65.

Dafalla M, Orłowska A, Keleş SJ, Straková P, Schlottau K, Jeske K, Hoffmann B, Wibbelt G, Smreczak M, Müller T, Freuling CM, Wang X, Rola J, Drewes S, Fereidouni S, Heckel G, Ulrich RG. (2023). Hantavirus Brno loanvirus is highly specific to the common noctule bat (*Nyctalus noctula*) and widespread in Central Europe. *Virus Genes*, 59: 323-332.

Drewes S, Ali HS, Sachsenhofer M, Rosenfeld UM, Binder F, Cuypers F, Schlegel M, Röhrs S, Heckel G, Ulrich RG. (2017). Host-associated absence of human Puumala Virus infections in northern and eastern Germany. *Emerg Infect Dis*, 23: 83-86.

Faber M, Hofmann J, Jacob J, Koch J, Schmidt-Chanasit J, Drewes S, Ulrich RG. (2019). Informationen zur Vermeidung von Hantavirus-Infektionen. Robert Koch-Institut, Berlin. https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/H/Hantavirus/Merkblatt_PDF.html.

Heuser E, Drewes S, Trimpert J, Kunec D, Mehl C, de Cock M, de Vries A, Klier C, Oskamp M, Tenhaken P, Hashemi F, Heinz D, Nascimento M, Boelhave M, Petraitytė-Burneikienė R, Raafat D, Maas M, Krüger DH, Latz A, Hofmann J, Heckel G, Dreesman J, Ulrich RG. (2023). Pet rats as the likely reservoir for human Seoul orthohantavirus infection. *Viruses*, 15: 467.

Hofmann J, Heuser E, Weiss S, Tenner B, Schoppmeyer K, Esser J, Klier C, Drewes S, Ulrich RG, Krüger DH. (2020). Autochthonous Ratborne Seoul Virus Infection in Woman with Acute Kidney Injury. *Emerg Infect Dis*, 26: 3096-3099.

Hofmann J, Kramer S, Herrlinger KR, Jeske K, Kuhns M, Weiss S, Ulrich RG, Krüger DH. (2021). Tula Virus as Causative Agent of Hantavirus Disease in Immunocompetent Person, Germany. *Emerg Infect Dis*, 27: 1234-1237.

Hofmann J, Ulrich RG, Mehl C, Drewes S, Esser J, Loyer M, Zeichhardt H, Schoppmeyer K, Essen L, Gütthoff W, Krüger DH. (2024). Hantavirus Disease Cluster Caused by Seoul Virus, Germany. *Emerg Infect Dis*, 30: 133-135.

Jeske K, Jacob J, Drewes S, Pfeffer M, Heckel G, Ulrich RG, Imholt C. (2021). Hantavirus - Leptospira coinfections in small mammals from central Germany. *Epidemiol Infect*, 149: e97.

Princk C, Drewes S, Meyer-Schlinkmann KM, Saathoff M, Binder F, Freise J, Tenner B, Weiss S, Hofmann J, Esser J, Runge M, Jacob J, Ulrich RG, Dreesman J. (2022). Cluster of human Puumala orthohantavirus infections due to indoor exposure? - An interdisciplinary outbreak investigation. *Zoonoses Public Health*, 69: 579-586.

Schlohsarczyk EK, Drewes S, Koteja P, Röhrs S, Ulrich RG, Teifke JP, Herden C. (2023). Tropism of *Puumala orthohantavirus* and endoparasite coinfection in the bank vole reservoir. *Viruses*, 15: 612.

Schmidt E, Obiegala A, Imholt C, Drewes S, Saathoff M, Freise J, Runge M, Jacob J, Mayer-Scholl A, Ulrich RG, Pfeffer M. (2021). Influence of season, population and individual characteristics on the prevalence of *Leptospira* spp. in bank voles in North-West Germany. *Biology*, 10: 933.

Schmitz S, Klier C, Princk C, Meyer-Schlinkmann, Kristin., Mylius M, Dressel K, Kleele S, Winter F, Campe A, Rissland J, Sternjakob A, Dobler G, Oehme R, Ulrich RG, Dreesman J. (2023). ÖGD-Expertise in die Forschung bringen: eine Workshop-Reihe zu vektorübertragenen und zoonotischen Erkrankungen. 85. Das Gesundheitswesen (Thieme). 955-958.

Ulrich RG, Meisel H, Schütt M, Schmidt J, Kunz A, Klempa B, Niedrig M, Pauli G, Krüger DH, Koch J. (2004). Verbreitung von Hantavirusinfektionen in

Deutschland. *Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitssch.*, 47: 661-670.

Ulrich RG, Heckel G, Pelz HJ, Wieler LH, Nordhoff M, Dobler G, Freise J, Matuschka FR, Jacob J, Schmidt-Chanasit J, Gerstengarbe FW, Jakel T, Suss J, Ehlers B, Nitsche A, Kallies R, John R, Gunther S, Henning K, Grunow R, Wenk M, Maul LC, Hunfeld KP, Wölfel R, Schares G, Scholz HC, Brockmann SO, Pfeffer M, Essbauer SS. (2009). Nagetiere und Nagetier-assoziierte Krankheitserreger - das Netzwerk „Nagetier-übertragene Pathogene“ stellt sich vor. *Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitssch.*, 52: 352-369.

Ulrich RG, Drewes S, Haring V, Panajotov J, Pfeffer M, Rubbenstroth D, Dreesman J, Beer M, Dobler G, Knauf S, John R, Böhmer MM. (2023). Virale Zoonosen in Deutschland aus der One Health-Perspektive. *Bundesgesundheitsbl. - Gesundheitsforsch. - Gesundheitssch.*, 66: 599-616.

Tiergesundheitsjahresbericht 2023

Tabelle 1: Zahl der gemeldeten Hantavirusfälle in Deutschland seit Einführung des Infektionsschutzgesetzes am 01. Januar 2001

Bundesland	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Baden-Württemberg	58	164	65	120	110	22	1.089	74	83	997	128	1.694	44	224	474	68	808	61	707	102	1.198	38	66
Bayern	29	17	18	61	40	12	296	41	21	437	46	438	53	65	134	28	375	31	293	32	310	28	81
Berlin	0	1	0	1	2	1	1	3	0	3	0	0	1	0	1	1	4	2	2	0	0	3	0
Brandenburg	0	0	1	0	3	0	4	3	0	2	6	7	3	4	5	0	8	2	2	2	2	1	1
Bremen	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	2	0	0
Hamburg	1	0	0	0	1	0	3	1	2	0	1	6	2	0	2	0	5	2	4	1	2	2	3
Hessen	21	8	13	5	34	4	27	12	4	174	13	122	5	8	54	7	103	5	52	5	41	8	26
Mecklen.-Vorpommern	4	8	4	4	4	1	11	11	12	11	5	15	7	15	10	12	9	14	12	9	5	5	5
Niedersachsen	10	5	3	11	75	6	93	18	16	123	23	143	14	67	35	54	120	44	155	29	48	13	66
Nordrhein-Westfalen	51	19	30	29	143	18	124	61	32	156	62	199	22	161	62	96	200	44	227	44	99	25	73
Rheinland-Pfalz	2	2	3	3	10	2	11	4	1	28	7	82	1	6	11	7	49	3	30	4	25	10	6
Saarland	1	0	0	0	0	0	2	0	0	1	0	9	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
Sachsen	0	1	0	2	2	1	5	1	0	3	3	11	2	9	4	3	5	2	8	1	1	2	0
Sachsen-Anhalt	1	1	3	2	2	0	3	1	1	6	1	8	0	5	7	3	2	2	7	3	2	0	1
Schleswig-Holstein	0	1	1	2	7	5	10	6	9	11	6	14	1	8	6	2	14	9	16	4	8	2	6
Thüringen	3	1	3	1	14	0	8	7	0	63	4	73	6	2	24	1	30	12	21	1	3	6	3
Unbekannt	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gesamt	182	228	144	242	447	72	1.687	243	181	2.016	305	2.823	161	574	829	283	1.732	235	1.536	237	1.747	143	337

Quelle: Robert Koch-Institut, SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 06.11.2024.

Fälle entsprechend der Referenzdefinition, Meldepflicht gemäß Infektionsschutzgesetz (IfSG).

Hantavirusausbruchsjahre mit >1.000 humanen Fällen sind dunkelgrau und mit <1.000 humanen Fällen hellgrau hervorgehoben.

9. 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 2023, there were 41 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 2023 gab es danach 41 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 2023 ca. 81.000 eingetragene Zuchtstuten, 7.800 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 2023 wurden über TSN 36 Primär- und 5 Sekundärausbrüche gemeldet. Bei den betroffenen Betrieben handelte es sich um Stammbuchhaltungen und kleinere Pferdehaltungen. Als Gründe für die Untersuchung wurden relativ häufig „klinischer Seuchenverdacht im Tierbestand“ oder „sonstiger Untersuchungsgrund“ genannt.

Epidemiologische Untersuchungen

Die meisten Primärausbrüche gab es in den „pferdereicheren“ Bundesländern Baden-Württemberg (4), Bayern (7), Hessen (3), Niedersachsen (8) und Nordrhein-Westfalen (9).

Hinzu kamen je zwei Ausbrüche in Rheinland-Pfalz und Schleswig-Holstein sowie ein Ausbruch in Thüringen. In fünf Fällen kam es zu Sekundärausbrüchen im selben Betrieb. Die Befundung basierte in 16 Fällen auf positiver Bakterienisolierung und in 17 Fällen auf PCR Ergebnissen. Bei sieben Ausbrüchen war

eine Kombination dieser beiden Methoden Grundlage für die Befundung.

Forschung

In den letzten Jahren wurden verschiedene Real-time 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.

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, König-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

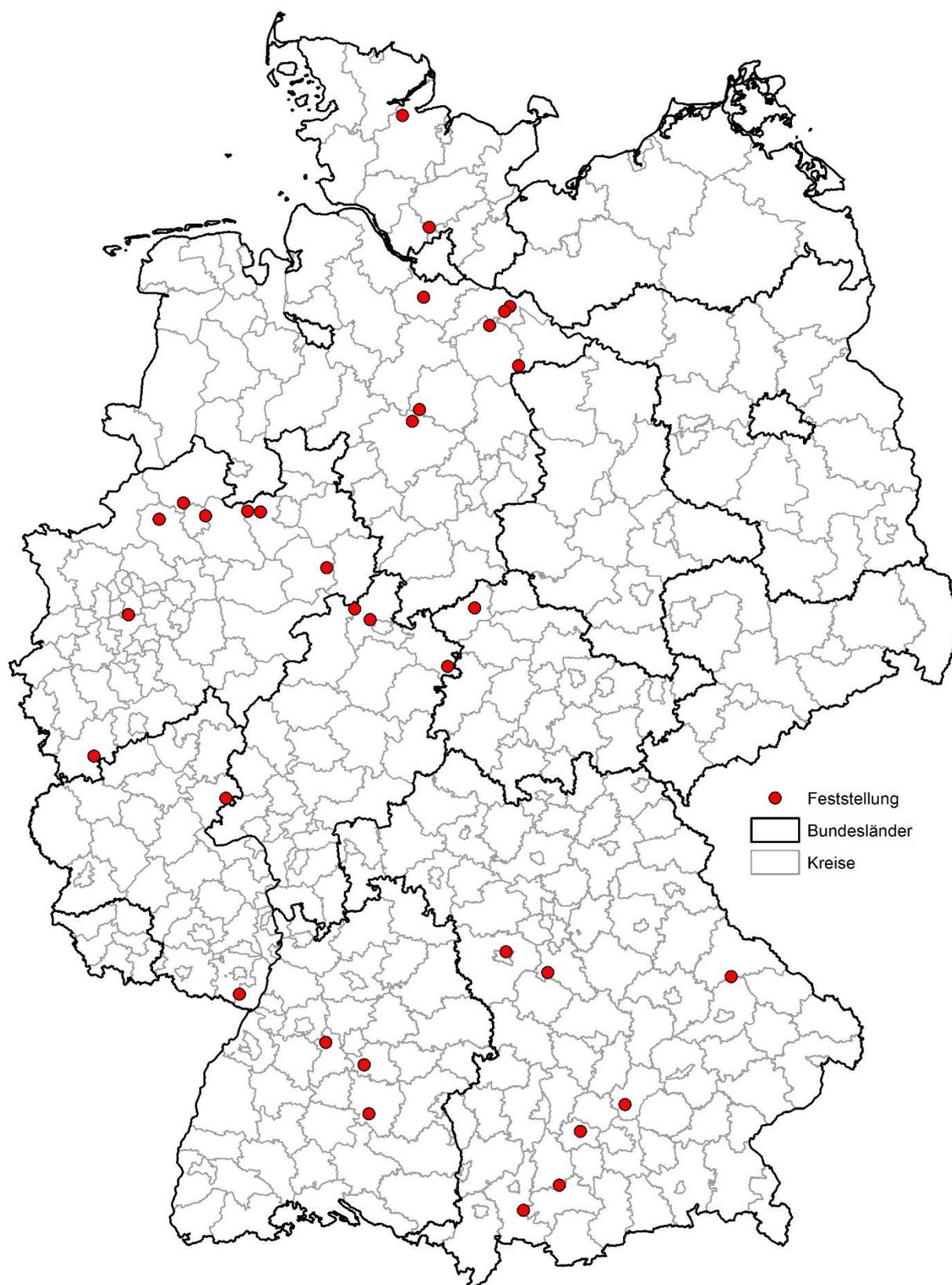


Abb. 1: Geographische Verteilung der im Jahr 2023 gemeldeten Ausbrüche der Kontagiösen Equinen Metritis (TSN Stichtag: 25.10.2024)

10. Paratuberkulose - Paratuberculosis (Johne's Disease)

Köhler, H. und Möbius, P.

Summary

Paratuberculosis is distributed in cattle herds all over Germany; goat and sheep flocks as well as wild and zoo ruminants are also affected (Fig. 1). In 2023, 288 cases in ruminants were reported in TSN. The majority of the cases was identified by disease monitoring (n=136) or by clinical suspicion of disease (n=101).

The molecular diversity of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) in four goat herds in Thuringia was examined by different genotyping methods resulting in combined MAP genotypes. The herds were affected by different MAP genotypes, indicating that no transmission between the herds had occurred.

Zusammenfassung

Die Paratuberkulose (ParaTB) ist in Rinderbeständen in ganz Deutschland verbreitet, betrifft aber ebenso Schaf- und Ziegenbestände sowie Wild- und Zoowiederkäuer (Abb. 1). Im Jahr 2023 wurden im TSN 288 Fälle bei Wiederkäuern erfasst. Die Mehrzahl der Fälle wurde im Rahmen von Monitoringuntersuchungen (n=136) oder infolge eines klinischen Verdachtes (n=101) identifiziert.

Die molekulare Diversität von MAP-Isolaten aus vier Thüringer Ziegenherden wurde mit verschiedenen Genotypisierungsmethoden untersucht, die jeweils in einem kombinierten MAP Genotyp zusammengeführt wurden. In den Herden wurden jeweils unterschiedliche MAP-Genotypen nachgewiesen. Dies deutet darauf hin, dass es keine Übertragung zwischen den Herden gab.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Primärdiagnostik der ParaTB erfolgt in Deutschland in den Untersuchungsämtern der Länder bzw.

der Tiergesundheitsdienste. Das NRL sieht seine Aufgaben in der Entwicklung und Implementierung neuer diagnostischer Tests sowie in der Unterstützung der Untersuchungsämter bei der Sicherung der Qualität etablierter diagnostischer Methoden.

Weiterhin ist das NRL an der Zulassung und Chargenprüfung kommerziell verfügbarer diagnostischer Tests beteiligt. Im Jahr 2023 wurden 22 Chargenprüfungen von insgesamt 9 ELISA- und qPCR-Kits durchgeführt.

Die labordiagnostischen Untersuchungen konzentrierten sich auf die Abklärung unklarer serologischer Befunde bei Rindern und auf den MAP-Nachweis in Kot- und Organproben von kleinen Wiederkäuern, Neuweltkamelen sowie von Wildwiederkäuern aus zoologischen Gärten und Tierparks mit ParaTB-Verdacht.

Statistische Angaben

Im Jahr 2023 wurden im TSN 261 Fälle von ParaTB bei Rindern, 17 Fälle bei Schafen und 5 Fälle bei Ziegen erfasst (Tab. 1), die in ganz Deutschland auftraten (Abb. 1). Aus Niedersachsen wurden keine Fälle beim Rind gemeldet. Die Mehrzahl der Meldungen beim Rind resultierte aus Monitoring-Untersuchungen (n=136), wobei 94,1 % (n=128) aus Sachsen kamen. Als zweithäufigster Untersuchungsgrund wurde klinischer Seuchenverdacht (n=101) benannt. Vergleichsweise häufig traten klinische Verdachtsfälle in Baden-Württemberg (n=10), Bayern (n=15), Sachsen (n=29) und Schleswig-Holstein (n=14) auf. Bei 25 Fällen wurde der Untersuchungsgrund nicht mitgeteilt. Die Meldungen basierten in 172 Fällen auf PCR-Untersuchungen, in 80 Fällen auf Bakterienisolierung und in 12 Fällen auf einer Kombination beider Verfahren. Bei Monitoring-Untersuchungen wurde überwiegend die PCR als diagnostische Me-

thode eingesetzt (n=121). Obwohl gemäß Falldefinition der Antikörpernachweis nur den Verdacht auf ParaTB begründet, wurde bei 18 Feststellungen Antikörpernachweis mittels ELISA als primäre diagnostische Methode angegeben.

Epidemiologische Untersuchungen

Durch spezifische Ansprüche an das Kulturmedium bei der Isolation von MAP-S-Typ Stämmen und deren sehr langsames Wachstum werden diese möglicherweise oft nicht identifiziert bzw. gefunden. Seit 2003 ist es gelungen, aus Schafen (inklusive Kreuzhornschaften) und Schraubenziegen in Deutschland insgesamt sechs verschiedene MAP-S / Typ III Stämme mit unterschiedlichen Genotypen zu isolieren. In einem Schafbestand in Niedersachsen wurden aus einem Tier 2023 aus mesenterialen Lymphknoten und dem Dünndarm zwei MAP-Stämme isoliert, welche mittels Genotypisierung dem Schaf-Typ (MAP-S / Typ III) zugeordnet wurden und zwei verschiedene MIRU-VNTR und SSR-Profile besaßen. Das deutet darauf hin, dass die betreffende Schafherde mit diesen verschiedenen Stämmen infiziert ist.

Aus einem Rind von einem ParaTB unverdächtigen Rinderbestand in Thüringen mit Schafkontakt wurde MAP isoliert und typisiert. Der Erreger gehörte zum Rinder-Typ (MAP-C) und zeigte einen in Thüringen in drei weiteren Rinderherden vorkommenden Genotypen mit dem MIRU-VNTR-Profil INMV1, dem SSR-Profil 7-4-4 und der Zugehörigkeit zur phylogenetischen Gruppe 9 innerhalb der Subgruppe A.

Forschung

Von der ParaTB sind deutschland- und weltweit Haus- und Wildwiederkäuer, vor allem Milch- und Fleischrinder, aber auch kleine Wiederkäuer wie Ziegen und Schafe betroffen. Um die Epidemiologie dieser Krankheit besser verstehen und um wirksame Kontrollstrategien entwickeln zu können, ist es

wichtig, den Erreger durch die Identifikation des Genotyps einzelner Stämme zu charakterisieren. Das Ziel einer Studie war die Bestimmung der molekularen Diversität von MAP in vier Milchziegenherden aus verschiedenen Landkreisen in Thüringen, bei denen seit mehreren Jahren ParaTB auftrat. Dabei wurde insbesondere die Verteilung der MAP-Genotypen unter den Tieren der am stärksten von ParaTB betroffenen Herde (Herde 1) und deren Stallumgebung untersucht.

Die Studie umfasste 196 Isolate aus dem Kot von 121 mit MAP infizierten Ziegen, aus verschiedenen Geweben von 13 klinisch an ParaTB erkrankten Ziegen und aus 29 Umweltproben aus dem Stallgebäude von Herde 1 und zusätzlich 22 Isolate aus unterschiedlichen Matrices aus den Herden 2 bis 4. Die Isolate für diese Studie stammten aus verschiedenen Beprobungen, die zwischen 2018 und 2022 durchgeführt wurden. MAP wurde mit Hilfe der standardisierten Methoden des NRLs für ParaTB isoliert. Die Charakterisierung der Isolate erfolgte durch molekulare Genotypisierung mittels Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit-Variable-Number Tandem-Repeat (MIRU-VNTR)-Analyse, Short-Sequence-Repeat (SSR)-Analyse, und einem auf Single-Nucleotide-Polymorphism (SNP) basierenden Test (SNP-based Assay) für die phylogenetische Eingruppierung. Die Ergebnisse der Analysen wurden zu einem kombinierten Genotyp für jedes Isolat zusammengefasst.

Alle Isolate gehörten zur MAP-Rindertyp-Gruppe (MAP-C). In den Kot-, Gewebe und Umweltproben von Herde 1 wurde ein vorherrschender Genotyp T1 bestimmt, während zwei weitere Genotypen (T2 und T3) sehr selten und nur in Kot- und Umweltproben gefunden wurden. In den Herden 2 bis 4 wurde jeweils einer von drei weiteren Genotypen (T4, T5, und T6) detektiert. Damit wurde in jeder Herde ein dominant vorkommender MAP-Stamm identifiziert. Die Ergebnisse zeigten keinen epidemiologischen

Zusammenhang zwischen den untersuchten Ziegenherden. Basierend auf epidemiologischen Zusatzinformationen zu den vier Betrieben und den Genotypisierungsdaten von MAP aus Rindern und Ziegen in Deutschland werden als mögliche Infektionsquellen MAP-kontaminierte Ställe und Weiden, die zuvor von mit MAP infizierten Rindern genutzt wurden, und der Kauf von subklinisch infizierten Ziegen, auch aus dem Ausland, angenommen.

Staatliche Maßnahmen

Im Europäischen Tiergesundheitsrechtsakt ist ParaTB als eine Seuche der Kategorie E gelistet, d.h., als eine Seuche, die innerhalb der EU überwacht werden muss. Gelistete Arten bzw. Artengruppen umfassen *Bison* ssp., *Bos* ssp., *Bubalus* ssp., *Ovis* ssp., *Capra* ssp., *Camelidae* und *Cervidae*. In Deutschland besteht Meldepflicht für Rind, Schaf, Ziege und andere Tierarten. Ein flächendeckendes Monitoring erfolgt nicht und ParaTB ist nicht bekämpfungspflichtig. Die „Empfehlungen für hygienische Anforderungen an das Halten von Wiederkäuern“ enthalten die deutschlandweite Bekämpfungsstrategie, die in den „Maßnahmen zum Schutz gegen die ParaTB in Rinderhaltungen“ formuliert ist. In 7 Bundesländern werden, z.T. schon seit mehr als 10 Jahren, freiwillige Programme zur Kontrolle bzw. Bekämpfung durchgeführt. Seit November 2017 ist in Niedersachsen als einzigem Bundesland eine „Verordnung zum Schutz der Rinder gegen Paratuberkulose“ in Kraft.

Zoonosepotential

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

Veröffentlichungen

Pickrodt C, Köhler H, Moog U, Lieble-Tenorio E.M., Möbius P. 2023. Molecular Diversity of *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* in four dairy goat herds from Thuringia (Germany). *Animals*, 13, 3542. Doi: 10.3390/ani13223542.

Pickrodt C, Donat K, Moog U, Köhler H. *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* in different environmental samples from a dairy goat barn - implications for sampling strategies for paratuberculosis diagnostic and prevention. *Animals* 2023, 13, 1688. <https://doi.org/10.3390/ani13101688>

Möbius P., E. Liebler-Tenorio, H. Köhler, C. Pickrodt, T. Fuchs, 2023. Changes in the bacterial gut microbiome of goats with chronic granulomatous enteritis - Paratuberculosis. 75. DGHM-Jahrestagung, 18.-20. September, 2023, Lübeck, Deutschland, Abstract PWP316.

Möbius P., E. Liebler-Tenorio, H. Köhler, C. Pickrodt, T. Fuchs, 2023. Untersuchungen zur Zusammensetzung und Funktion des Darmmikrobioms bei Ziegen mit Paratuberkulose. Tagung DVG-Fachgruppe Bakteriologie & Mykologie, 22.-24. Mai, 2023, Berlin, Deutschland, Tagungsband S. 120-121

Pickrodt C, Moog U, Donat K, Köhler H: Nachweis von *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* in Umgebungsproben aus einem Ziegenstall. Was kann man daraus für eine zielgerichtete Probeentnahme lernen? Tagung der DVG-Fachgruppe Kleine Wiederkäuer und Neuweltkamele, 11.-13.10.2023, Gießen.

Köhler H, Burkert B: Wie gut ist die serologische Paratuberkulose-Diagnostik in Deutschland? Ergebnisse der Laborvergleichsuntersuchung 2022. 12. Stendaler Symposium - Tierseuchen und Tierschutz beim Rind. 29.-31.03.2023, Stendal.

Tabelle 1: Im TSN gemeldete Paratuberkulose-Fälle 2023 (Stichtag 25.11.2024)

Jahr	Rind	Schaf	Ziege	Andere Tierarten/Boviden	Gesamt
2023	261	17	5	5	288

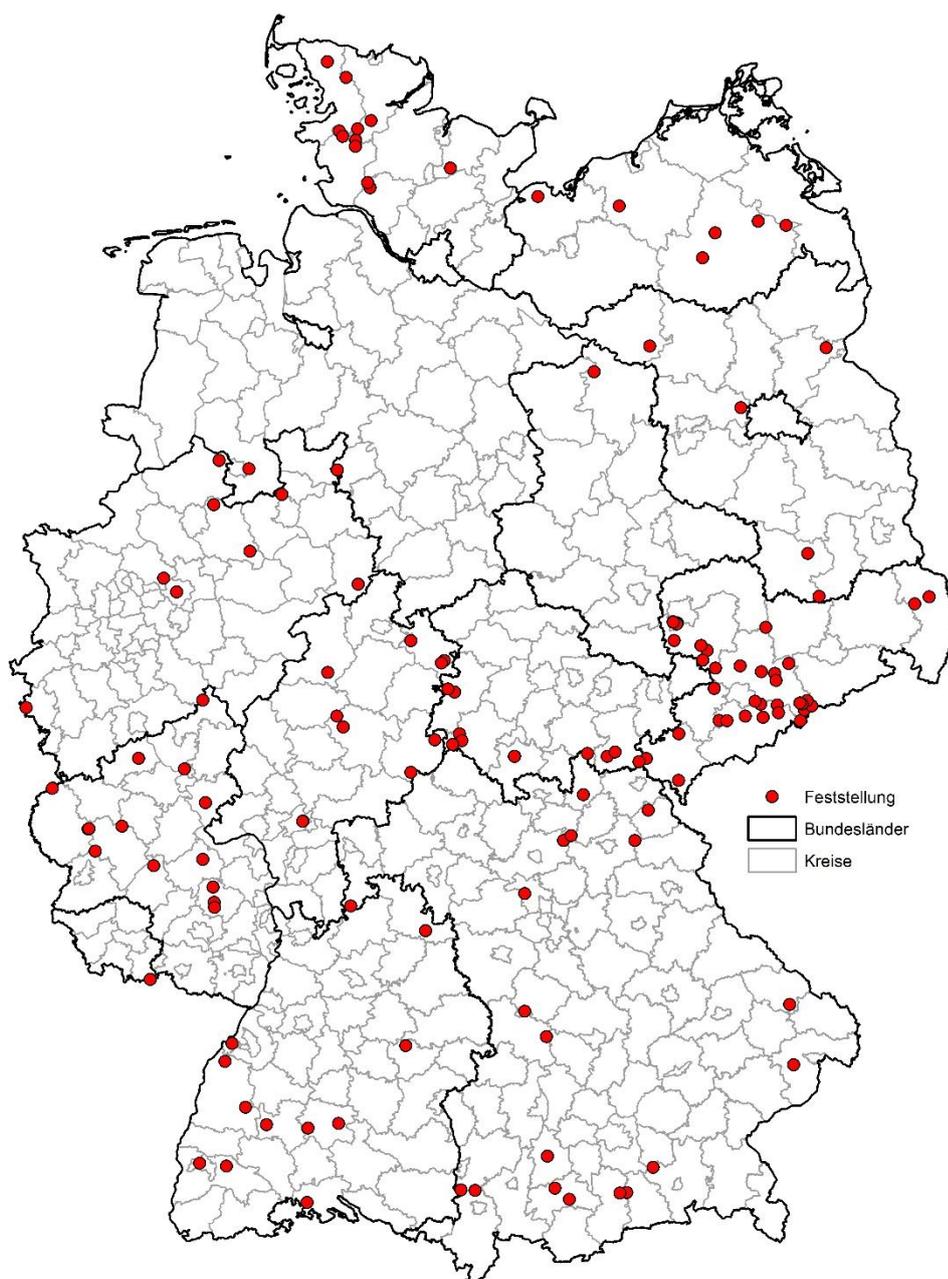


Abb 1: Regionale Verteilung der im Jahr 2023 in Deutschland gemeldeten Paratuberkulosefälle (TSN)

11. Q-Fieber - Q (query) Fever

Mertens-Scholz, K.

Summary

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

Zusammenfassung

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

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

Labordiagnostische Untersuchungen

Diagnostische Untersuchungen auf Q-Fieber werden von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. vergleichbaren Einrichtungen der einzelnen Bundesländer durchgeführt. Dem Nationalen Referenzlabor werden meist nur Proben zur Bestätigung und Erreger-Isolierung zugesandt. Im Jahr 2023 wurden insgesamt 475 Proben vom Rind (n=136), Schaf (n=16), Ziege (n=6), Lama (n=164), Alpaka (n=147) und Hund (n=6) untersucht. Hauptsächlich wurden eingeschickte Milchproben und Vaginaltupfer, sowie DNA-Proben, Gewebe, und Kot mittels qPCR und Seren mittels ELISA untersucht (Tabelle 1). Davon konnten 2 von 4 DNA-Proben, 0 von 8 Gewebeproben, 4 von 93 Tupfer, 7 von 34 Milchen und 1 von 156 Kotproben als positiv für *C. burnetii*-spezifische DNA bestätigt werden (Tabelle 2). Von allen eingesandten 178 Serumproben konnten 3 Tiere als positiv bestätigt werden.

Tabelle 1: Art und Anzahl der eingesandten Proben zum Nachweis von *C. burnetii* im Jahr 2023

Eingesandte Proben	Anzahl
DNA	4
Gewebe (Organe, Nachgeburten, Aborte)	8
Milch/Einzelgemelk	34
Serum	178
Vaginaltupfer	95
Kot	156
Gesamt	475

Tabelle 2: Anteil positiver Proben für *C. burnetii*-spezifische DNA oder Antikörper des eingesandten Probenmaterials im Jahr 2023

Probenmaterial	Anzahl Proben/positive Proben			
	Rind	Schaf	Ziege	NWK ^a
DNA		2/0	2/2	
Gewebe	1/0	7/0		
Milch	34/7			
Serum	4/1	7/0	4/0	157/2
Vaginaltupfer	93/4			
Kot	2/0			154/1
Gesamt	134/12	16/0	6/2	311/3

^aNWK, Neuweltkamele

Statistische Angaben

Das Q Fieber gehört entsprechend der Delegierten Verordnung EU 2018/1629 zu den gelisteten Seuchen der Kategorie E. Die Anzeigepflicht nach Durchführungsverordnung EU 2018/1882 erstreckt sich auf die Tierarten *Bison* spp., *Bos* spp. und *Bubalus* spp. sowie auf *Ovis* spp. und *Capra* spp. Die Diagnostik wird im Einklang mit der Verordnung EU 2017/625 und der Delegierten Verordnung EU

2020/689 durchgeführt. Das Q-Fieber ist in Deutschland auch eine meldepflichtige Tierkrankheit. Im Jahr 2023 wurden insgesamt 111 Fälle gemeldet (Tabelle 3, Abbildung 1). Davon 107 Fälle für Rinder, 3 Fälle beim Schaf und ein Fall bei Ziegen. Im 10 Jahrestrend ist kein Anstieg der gemeldeten Fälle seit 2013 zu verzeichnen (Tabelle 3). Gehäuft treten Q-Fieber-Fälle im südlichen Bayern und Baden-Württemberg, in Nordrhein-Westfalen und im nördlichen Küstengebiet von Niedersachsen auf. Dies wird insbesondere in der Darstellung der gemeldeten Fälle von Q-Fieber der letzten zehn Jahre deutlich (Abbildung 1A). Im Vergleich wurden 102 humane Fälle von Q-Fieber im Jahr 2023 gemeldet (SurvStat@RKI 2.0, Stichtag 11.12.2024).

Zoonosepotential

Q-Fieber ist eine hoch infektiöse zoonotische Krankheit, die weltweit in allen Ländern, außer in Neuseeland, vorkommt. Das Wirtsspektrum von *C. burnetii* ist extrem vielfältig, wobei Hauswiederkäuer als Hautreservoir für Infektionen beim Menschen im Vordergrund stehen. Der Erreger wird mit Urin, Faeces, Milch und Geburstmaterialien, z.T. in sehr hohen Mengen, auch von asymptomatischen Tieren ausgeschieden. Erschwerend kommt hinzu, dass *C. burnetii* resistent gegenüber Umwelteinflüssen ist und über einen längeren Zeitraum infektiös in der Umwelt verbleibt. Der Erreger kann bis zu mehrere Kilometer mit dem Wind verbreitet werden, bei einer aerogenen Infektionsdosis von <10 Bakterien. Personen mit engem Kontakt zu Wiederkäuern, z.B. Tierärzte, Schafscherer usw. tragen ein erhöhtes Risiko, sich mit *C. burnetii* zu infizieren. Aber auch auf Tieraustellungen, auf Hoffesten, in Streichelzoos, kann der Erreger von infizierten Tieren auf den Menschen übertragen werden. Dies kann zu kleineren oder sehr großen Ausbrüchen in der Humanpopulation führen, wie z.B. der bisher weltweit größte beschriebene Q-Fiebersausbruch in den Niederlanden mit ca. 4.000 akuten humanen Fällen.

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

Tabelle 3: Anzahl gemeldeter Fälle von Q-Fieber pro Jahr und Tierart für Deutschland von 2013 bis 2023 (TSN; Stichtag 11.12.2024).

Tierart	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	Summe
Rind	198	273	291	195	142	150	178	159	279	108	107	2080
Schaf	5	17	16	14	3	18	10	1	7	7	3	101
Ziege	1	1	3	1	-	7	-	2	1	1	1	18
Gesamt	204	291	310	210	145	175	188	162	287	116	111	2199

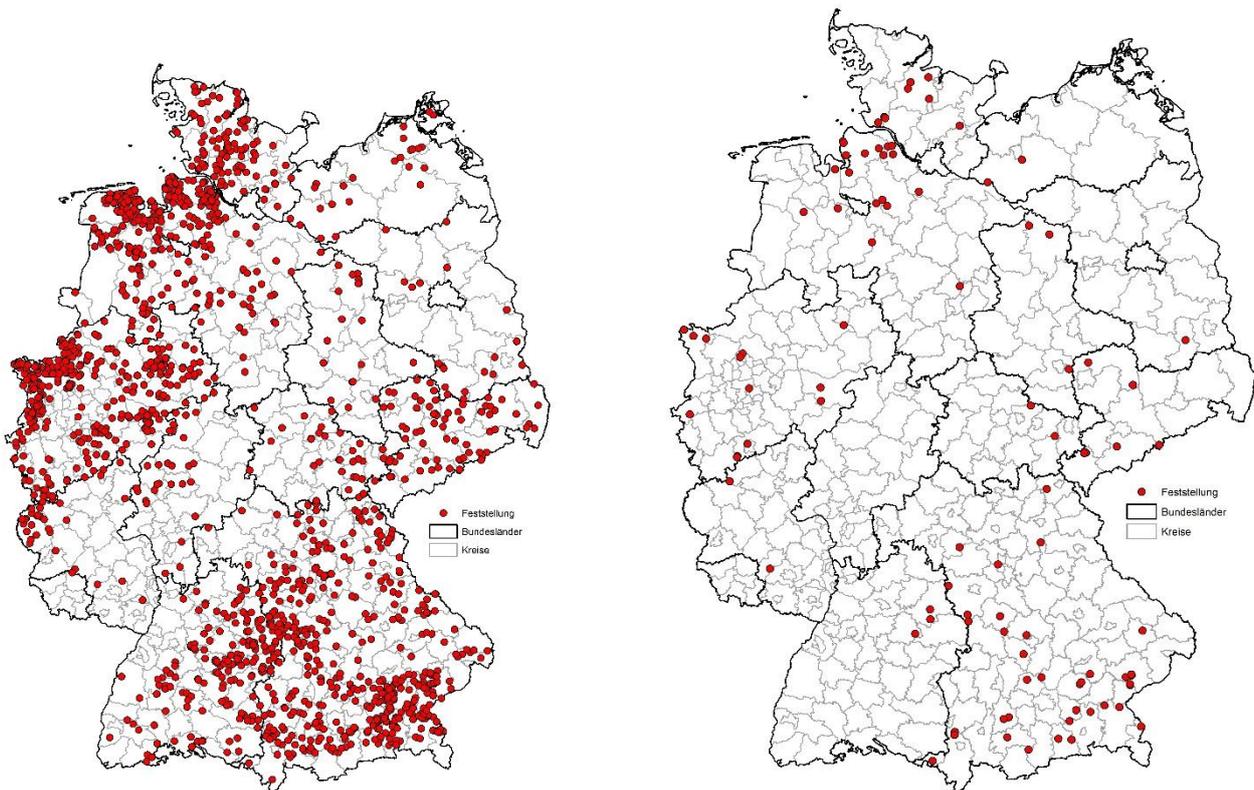


Abbildung 1: Geographische Verteilung der gemeldeten Fälle von Q-Fieber innerhalb der (A) Jahre 2013 bis 2023 und für das (B) Jahr 2023 (TSN; Stichtag 11.12.2024).

Verbesserte molekulare Überwachung und Bewertung der Wirtsadaptation und Virulenz von *Coxiella burnetii* in Europa

Fuchs, S., Brangsch, H., Menge, C., Häger, J.D., Mertens-Scholz, K.

Ziel des Projekts ist es, Unterschiede im zoonotischen Potenzial und in der klinischen Relevanz von *C. burnetii*-Isolaten aus zu identifizierenden genomischen Merkmalen abzuleiten. Um dies zu ermöglichen soll zunächst die Verfügbarkeit von Isolaten erhöht werden. Hierfür werden Protokolle für die Isolierung und Kultivierung von *C. burnetii* aus positiven Probenmaterial optimiert. Der Fokus liegt hierbei auf Stämmen, die aktuell in Europa zirkulieren. Zur besseren Isolierung der Bakterien wurde ein Protokoll mit Homogenisierung und sequenzieller Filtration etabliert. Des Weiteren erwies sich eine Behandlung mit den Antibiotika Ampicillin und Vancomycin sowie den Antimykotika Amphotericin B und Nystatin als geeignet, um Kontaminationen während der Kultivierung zu begrenzen. Neben neu isolierten *C. burnetii* Isolaten sollen auch archivierte Isolate für eine phylogenetische Analyse sequenziert werden. Darauf aufbauend sollen die Isolate phänotypisch charakterisiert werden, um phänotypische und genotypische Merkmale in Bezug zu setzen und verschiedenen Isolate miteinander zu vergleichen. Eine Single Nucleotide Polymorphism (SNP)-Analyse von 34 *C. burnetii*-Isolaten ergab zwei Hauptcluster, die den Genomgruppen II und III zugeordnet wurden. Letztere besteht hauptsächlich aus Isolaten von Rindern. Für die phänotypische Analyse wurde ein Vollblutmodell etabliert. Vollblut von Wiederkäuern wurde mit dem Referenzstamm *C. burnetii* Nine Mile Phase II inokuliert und anschließend die Interaktion zwischen Wirt und Erreger anhand einer PCR basierten Transkriptionsanalyse von immunrelevanten Genen untersucht. Die bisherigen Daten zeigen, dass das Vollblutmodell vielversprechende Ergebnisse liefert, um schnelle

und zuverlässige Informationen über die Virulenz von *C. burnetii*-Isolaten für verschiedene Wirtsspezies zu erhalten. Untersuchungen mit *C. burnetii*-Isolaten von unterschiedlichen Wirten und Krankheitsmanifestationen werden derzeit durchgeführt.

Epidemiology of tick-borne zoonotic diseases in livestock Punjab, Pakistan

Alvi, H.; Mertens-Scholz, K.

Ectoparasites, especially ticks, are widely acknowledged as vectors for pathogens that cause viral, bacterial, and protozoan diseases through livestock, which represent a major risk for the livestock industry. Tick-borne diseases are prevalent in cattle, buffaloes, goats, and sheep in Pakistan. Babesiosis, theileriosis, and anaplasmosis are the most prominent protozoal diseases linked to tick infestation. Ticks also transmit several bacterial and viral zoonotic diseases, including Lyme disease, rickettsiosis, Crimean-Congo Haemorrhagic Fever (CCHF), and tick-borne encephalitis, making them of significant public health importance.

The current study was designed to determine the impact of various risk factors on tick infestation and molecular epidemiology of various tick-borne zoonotic diseases in four districts (Lahore, Kasur, Chakwal and Bahawalpur) of Punjab Pakistan. Thus, a total of 96 farms, rearing four main livestock species (cattle, buffaloes, goats and sheep) and distributed evenly among the selected districts, were randomly chosen. The epidemiological survey was conducted on selected farms to determine the tick infestation and their risk factors. The blood and ticks were collected from the selected livestock species present at the farms for serological and molecular epidemiology of ticks borne diseases.

Total of 768 serum samples were aseptically collected from different livestock species (cattle, buffalo, sheep and goat) present at selected 96 farms. These serum samples were screened for various tick

borne or tick associated diseases such Coxiellosis and Anaplasmosis using commercially available ELISA kits.

The ticks collected from the livestock species were morphologically identified using various taxonomic keys under stereomicroscope. Furthermore, the ticks were pooled based on their species and gender, with each pool consisting of three to five ticks. Genomic DNA was extracted using the NucleoSpin® Insect Kit (Macherey-Nagel GmbH Germany), following the manufacturer's protocol with slight modifications. Tick pools were screened for various tick-borne or tick associated bacterial pathogens such as *Coxiella burnetii*, *Borrelia burgdorferi* and *Anaplasma spp.* using qPCR and conventional PCR. The DNA amplified by PCR will be sent for sequencing for confirmation and analysing genetic variations.

Results:

The epidemiological survey-based study identified that high tick infestation was found in 85.4% (82/96) of farms in selected districts. By location, Bahawalpur showed 100% (24/24) tick infestation, followed by Chakwal with 22 (91.7%), Kasur with 20 (83%) and Lahore with 16 (66.7%). The Pearson's chi-square analysis showed a statistically significant association ($p < 0.05$) between tick infestation and location. A multivariable logistic regression model was used to identify significant risk factors. The model outcome indicated that using soft bedding materials, e.g., wheat straw, leaf litter or plain soil posed a significant risk of tick infestation and larger herds tended to have a lower probability of tick infestation (OR = 0.87, coefficient estimate -0.13), Additionally, the absence of quarantine measures, open sheds and inadequate drainage were found as contributing factors in univariable analysis. The results of epidemiological survey based study were published in peer reviewed journal.

Serological and molecular testing for tick-borne pathogens is ongoing, with results currently under analysis.

12. Rauschbrand - Blackleg

Seyboldt, C.

Summary

Blackleg is an acute, infectious, but non-contagious gas oedema with an epizootic course. Young cattle are most commonly affected. However, younger calves, older cattle as well as sheep and goats of any age may become infected as well.

Blackleg is a notifiable disease in Germany. Since 10.04.2020, Blackleg of sheep and goats is subject to mandatory reporting. The causative agent is *Clostridium (C.) chauvoei*, which has to be differentiated from other gas oedema causing bacteria, especially *C. septicum*, the infectious agent of malignant oedema. Further Clostridium species have to be considered in differential diagnosis.

Since 1950, the beginning of the statistical recording of blackleg outbreaks, a downward trend in the yearly number of outbreaks was observable until the 1990ies and again from 2010 to 2020 (Tab.1, Tab. 2). In 2023 one outbreak was noted.

Zusammenfassung

Der Rauschbrand, verursacht durch *Clostridium (C.) chauvoei*, ist eine seuchenhaft und akut verlaufende, infektiöse, aber nicht ansteckende Gasödemkrankheit, die Rinder und gelegentlich kleine Wiederkäuer befällt. Der Rauschbrand der Rinder ist anzeigepflichtig, während der Rauschbrand der Schafe und Ziegen seit dem 10.04.2020 der Meldepflicht unterliegt. Zur Ausbruchsfeststellung ist der Nachweis von *C. chauvoei* erforderlich, differentialdiagnostisch sind weitere Clostridienspezies zu berücksichtigen. Seit 1950, dem Beginn der statistischen Erfassung der Rauschbrandausbrüche in Deutschland war bis in die 1990er Jahre und erneut von 2010 bis 2020 ein Abwärtstrend in der jährlichen Zahl der Ausbrüche zu beobachten (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2023 wurde ein Neuausbruch von Rauschbrand angezeigt.

Labordiagnostische Untersuchungen

Bei den Gasödeminfektionen sind weitere Clostridienspezies, wie *C. septicum*, *C. novyi*, *C. perfringens*, *C. histolyticum*, *C. sordellii* und *C. fallax* differentialdiagnostisch zu berücksichtigen, darüber hinaus ist Milzbrand auszuschließen. Die Abgrenzung von *C. chauvoei* und *C. septicum* mit traditionellen mikrobiologischen Methoden ist problematisch, da sich die beiden Erreger in vielen Eigenschaften gleichen. Eine Differenzierung ist über die Wuchsform und biochemische Tests sowie die direkte Immunfluoreszenz möglich, doch bringen nicht alle Reaktionen immer eindeutige Ergebnisse. Alternativ, bzw. zur Ergänzung und Bestätigung der mikrobiologischen Diagnose von *C. chauvoei* eignen sich konventionelle PCR-Methoden (z.B.: Sasaki et al. 2000, Sasaki et al. 2001) und Realtime PCR-Methoden (z.B.: Lange et al. 2010). Die Identifikation von Isolaten mittels MALDI-TOF-MS ist ebenfalls möglich.

Bei der Laborvergleichsuntersuchung zur Rauschbranddiagnostik 2023 wurden 6 Tupfer mit Kulturmaterial (4-mal *C. chauvoei*, 1-mal *C. septicum*, 1-mal *C. sporogenes*) an 27 teilnehmende Labore verschickt. Zu allen versandten Proben wurden korrekte Ergebnisse zurückgemeldet, die anaerobe Anzucht war durchgehend erfolgreich und die Speziesidentifikation von *C. chauvoei* gelang allen Laboren. Die Identifikation der „nicht Ziel“ Spezies *C. septicum* und *C. sporogenes* wurde von allen Laboren mit MALDI-TOF Massenspektrometrie erreicht. Die bisherigen Laborvergleichsuntersuchungen belegen ein hohes Niveau der Diagnostik in den teilnehmenden Laboren. Die Teilnehmerzahl stieg von 16 im Jahr 2013 auf 27 im Jahr 2023. Ein methodischer Trend zur MALDI-TOF Massenspektrometrie ist feststellbar, während traditionelle biochemischen Methoden und IF an Bedeutung verloren.

Statistische Angaben

Seit der statistischen Erfassung der Rauschbrand-Ausbrüche im Jahr 1950 ließ sich in den beiden Jahrzehnten von 1980 bis 1999 ein tendenzieller Rückgang der Neuausbrüche pro Jahr beobachten, von 1999 bis 2009 sank die Zahl im langjährigen Mittel nicht weiter. In den Jahren 2010 bis 2019 war ein weiterer Rückgang der Neuausbrüche zu verzeichnen (Tab.1, Tab. 2). Im Jahr 2023 wurde ein Neuausbruch von Rauschbrand angezeigt.

Epidemiologische Untersuchungen

Der Rauschbrand ist eine seuchenhaft und akut verlaufende, infektiöse, aber nicht kontagiöse Gasödemkrankheit, die meist junge Rinder sowie gelegentlich Schafe bzw. Ziegen befällt. Die metastatische Bildung von Gasödemem in den großen Muskelpartien ist dabei charakteristisch. Betroffene Tiere werden meist tot aufgefunden, ohne dass vorher Krankheitssymptome bemerkt wurden. Der seuchenhafte Verlauf beim Rind begründet die vorrangige Bekämpfung des Rauschbrandes verglichen mit anderen Clostridieninfektionen. In Deutschland tritt der Rauschbrand als bodengebundene Krankheit fast ausschließlich in den küstennahen Weidegebieten der norddeutschen Tiefebene und in der Voralpenregion auf (Abb.1). In den so genannten Rauschbranddistrikten kann die Krankheit beim Weidevieh jährlich unterschiedliche, in Ausnahmejahren auch erhebliche Verluste verursachen. Auch nach Jahrzehnten ist ein Wiederauftreten in betroffenen Gebieten möglich, wie ein Anstieg der Ausbruchszahlen nach dem Ende der Pflichtimpfung für Rauschbrand-Almen in Bayern verdeutlicht (1995 bis 2014: 6 Ausbrüche, 2015 bis 2023: 26 Ausbrüche). Ausbrüche sind nicht ausschließlich auf Weidevieh beschränkt, auch Stallausbrüche können beobachtet werden, diese können größere Ausmaße annehmen und auch außerhalb der prädestinierten Gebiete auftreten.

Forschung

Ein wichtiges Forschungsziel ist die kontinuierliche Erweiterung der Stammsammlung.

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

Um Typisierungsmethoden durch Gesamtgenom-Sequenzierungen zu evaluieren wurde eine vergleichende Genomanalyse von 64 *C. chauvoei*-Stämmen durchgeführt, von denen die meisten europäischen Ursprungs waren, neben einigen außereuropäischen und solchen unbekanntem Ursprungs. Die Pangenomanalyse ergab, dass die Art keine neue Gene erwirbt. Eine auf Einzelnukleotid-Polymorphismen (SNP) basierende Phylogenie und Clusterbildung des Pangenoms ließ verschiedene Cluster erkennen, die mit der geografischen Herkunft zusammenhängen. Die bekannten Virulenzfaktoren waren bei den Stämmen konserviert (Thomas et al., 2021). Zwei Typisierungsoptionen für die *C. chauvoei*-Stämme wurden genauer evaluiert. Dies war zum einen die Typisierung anhand einer CRISPR-Spacer-Sequenzmatrix (Rychener et al., 2017) und zum anderen eine neu entwickelte cgMLST (Thomas et al., 2021). Dabei konnte die Anwendbarkeit von cgMLST bei der Typisierung von Stämmen ähnlicher geografischer Herkunft und bei der Untersuchung von Ausbrüchen gezeigt werden (Thomas et al., 2021). Der CRISPR-basierte Typisierungsansatz kann die genetische Verwandtschaft in einem allgemeineren Muster darstellen (Rychener et al., 2017).

Staatliche Maßnahmen

Ein Ausbruch des Rauschbrandes im Sinne der Verordnung zum Schutz gegen den Milzbrand und den Rauschbrand liegt vor, wenn dieser durch bakteriologische oder serologische Untersuchung festgestellt ist. *C. chauvoei* muss dabei von anderen Gasödemregern, insbesondere von *C. septicum*, dem Erreger

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

Zoonosepotential

Im Jahr 2008 erschien der erste Bericht zu einem humanen Gasödemfall der durch *C. chauvoei* verursacht wurde (Nagano et al. 2008). Zwei weitere Fallberichte wurden im Jahr 2011 (Weatherhead and Tweardy 2012) und 2023 (Ko et al. 2023) veröffentlicht. Obwohl bisher wenige Fallbeschreibungen bekannt sind, muss *C. chauvoei* als potentiell humanpathogen betrachtet werden. Da die humanmedizinische Gasödem-Diagnostik meist keine genaue Speziesidentifikation einschließt, ist eine Untererfassung wahrscheinlich.

Tabelle 1: Rauschbrandausbrüche 1950 bis 2019

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

Tabelle 2: Rauschbrandausbrüche 2010 bis 2023

Rauschbrand	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Neuausbrüche	22	13	10	6	6	3	7	8	6	2	3	4	6	1

Quelle: Jahresstatistiken TSN (Stand: 11.11.2024).

Die Fallzahlen der Jahrgänge 1950 - 1990 beziehen sich ausschließlich auf das Gebiet der alten (11) Bundesländer. Ab 1991 werden die Fallzahlen für das gesamte Bundesgebiet (16 Bundesländer) wiedergegeben.

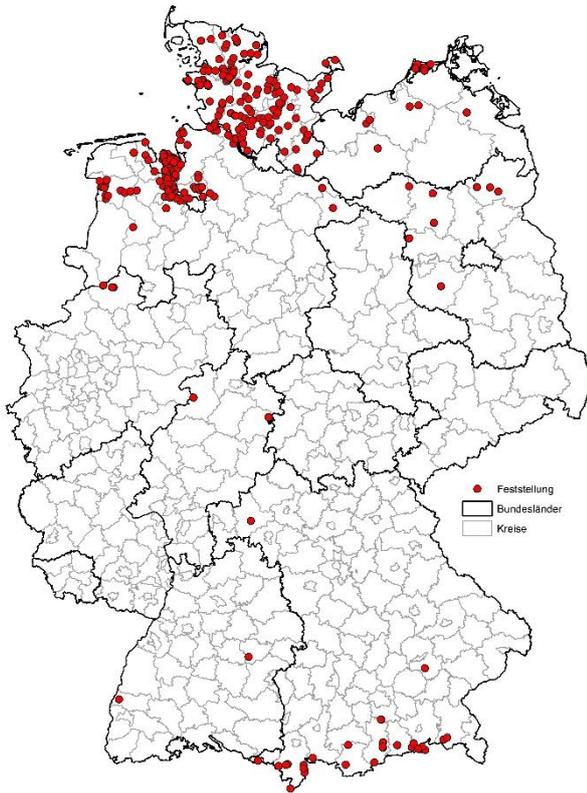


Abb. 1: Räumliche Verteilung der Rauschbrandausbrüche bei Rindern (n = 363) 01.01.1995 bis 31.12.2023, Stand 22.11.2024

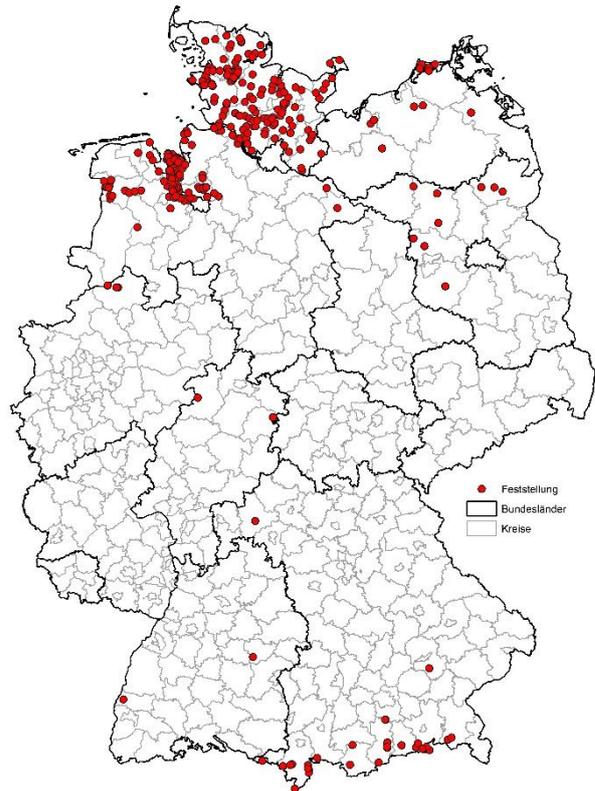


Abb. 2: Räumliche Verteilung der Rauschbrandausbrüche bei Rindern, Schafen und Ziegen (n = 374) 01.01.1995 - 31.12.2023, Stand 22.11.2024

Literaturverzeichnis

Ko MS, Gulholm T, Yastrebov K. Human *Clostridium chauvoei* necrotising enterocolitis. *Med J Aust.* 2023 Aug 16. doi: 10.5694/mja2.52078

Lange M, Neubauer H, Seyboldt C. Development and validation of a multiplex real-time PCR for detection of *Clostridium chauvoei* and *Clostridium septicum*. *Mol Cell Probes.* 2010 24(4):204-10.

Nagano N, Isomine S, Kato H, Sasaki Y, Takahashi M, Sakaida K, et al. Human fulminant gas gangrene caused by *Clostridium chauvoei*. *J Clin Microbiol* 2008;46:1545-7.

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

Sasaki Y, Yamamoto K, Kojima A, Tetsuka Y, Norimatsu M, Tamura Y. Rapid and direct detection of *Clostridium chauvoei* by PCR of the 16S-23S rDNA

spacer region and partial 23S rDNA sequences. *J Vet Med Sci* 2000;62:1275-81.

Sasaki Y, Yamamoto K, Amimoto K, Kojima A, Ogikubo Y, Norimatsu M, et al. Amplification of the 16S-23S rDNA spacer region for rapid detection of *Clostridium chauvoei* and *Clostridium septicum*. *Res Vet Sci* 2001;71:227-9.

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

Weatherhead JE, Tweardy DJ. Lethal human neutropenic enterocolitis caused by *Clostridium chauvoei* in the United States: tip of the iceberg? *J Infect.* 2012 Feb;64(2):225-7. Epub 2011 Sep 16.

13. Salmonellose der Rinder - Salmonellosis in cattle

Methner, U.

Summary

In Germany, outbreaks of salmonellosis in cattle herds officially confirmed by the competent authority are notifiable. In 2023, 87 outbreaks of bovine salmonellosis were recorded (Table 1). The number of outbreaks in the federal states between 2019 and 2023 is shown in Table 2. The regional distribution of salmonellosis outbreaks in cattle herds between 2020 and 2023 is presented in Figure 1.

While the serovar *Salmonella* (S.) *Typhimurium* caused ca. 50 % of the annually reported outbreaks of salmonellosis from 1995 to 2002 and thus represented the most important serovar, this percentage decreased in the following years to <40 %. After an increase of *S. Typhimurium* outbreaks in 2019, followed by a drop until 2022, in 2023 a percentage of 43 % was reached again (Table 3). The share of outbreaks caused by the host-adapted serovar *S. Dublin* amounted to 32 % in 2023. *S. Enteritidis* caused 7 % of all registered outbreaks. The summarised group of all other serovars was the reason for 18 % of all outbreaks of salmonellosis in cattle. The distribution of the serovars in the reported outbreaks reveals considerable differences between the federal states in Germany. The finding that the host-adapted serovar *S. Dublin* is not detected in some federal states but repeatedly the cause of the majority of salmonellosis outbreaks in some other federal states is an indicator that this serovar is endemic in several regions.

Zusammenfassung

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2023 insgesamt 87 Ausbrüche (Stand: 25.04.2024) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die Anzahl der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern in den Jahren 2019 bis 2023 zeigt Tabelle 2. Die regionale Verteilung der

Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in Deutschland ist in Abbildung 1 dargestellt.

Während die Serovar *Salmonella* (S.) *Typhimurium* von 1995 bis 2002 mit einem Anteil von ca. 50 % an den angezeigten Ausbrüchen die Hauptursache für die Salmonellose der Rinder in Deutschland war, verringerte sich dieser Anteil in den nachfolgenden Jahren auf unter 40 %. Nach einem leichten Anstieg der *S.-Typhimurium*-Ausbrüche in 2019 und einem erneuten Rückgang in den nachfolgenden Jahren, betrug der Anteil in 2023 wieder 43 %. Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 32 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Der Anteil der *S.-Enteritidis*-Ausbrüche beim Rind war in den letzten Jahren rückläufig, seit 2018 wurden ca. 10 Ausbrüche/ Jahr durch diese Serovar angezeigt, in 2023 wurden 6 Ausbrüche registriert. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf, in den letzten Jahren wurden durch diese Gruppe ca. 20 % aller Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Im Jahr 2023 betrug der Anteil 18 %. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist. Die Verteilung der *Salmonella*-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche regionale Unterschiede hin. Während die Serovar *S. Typhimurium* sowohl 2022 als auch 2023 in fast allen Bundesländern mit Salmonellose-Ausbrüchen nachgewiesen wurde, bestehen bei den anderen *Salmonella*-Serovaren Unterschiede.

Die Tatsache, dass die an das Rind adaptierte Serovar Dublin in einigen Bundesländern nicht nachgewiesen wird, in anderen Bundesländern jedoch den größten Anteil der gemeldeten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht, ist ein Hinweis darauf, dass diese Serovar in einigen Regionen nur ausnahmsweise oder gar nicht vorkommt, in anderen

Bundesländern jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen endemisch ist.

Labordiagnostische Untersuchungen

Seit Februar 2011 werden die Serotypisierung, die Lysotypie, die Antibiotikaresistenztestung, die Impfstamm-Wildstamm-Differenzierung und die molekularbiologische Feintypisierung von *Salmonella*-Stämmen des Rindes am NRL Salmonellose der Rinder in Jena durchgeführt. Im Jahr 2023 wurden insgesamt 250 eingesandte *Salmonella*-Stämme typisiert. Weitere Aufgaben umfassen die Beratung bei Ausbrüchen an Salmonellose der Rinder. Vom NRL Salmonellose der Rinder wurde der Artikel „Salmonellose der Rinder: Empfehlungen zur Vorgehensweise nach Feststellung eines Ausbruchs“ in der Zeitschrift Amtstierärztlicher Dienst und Lebensmittelkontrolle (4/2012, 253-260) veröffentlicht. In 2021 erschien eine Publikation zur epidemiologischen Situation von *Salmonella Dublin* in der Rinderpopulation in Deutschland (Microbiol Spectr. 2021 Oct 31;9(2): e0033221. Epub 2021 Sep 15.), in 2023 eine Publikation zur epidemiologischen Analyse von *Salmonella Dublin* in der Rinderpopulation in Schleswig-Holstein (Microorganisms 11, 122, 2023, 3-11 <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010122>) sowie eine Publikation zum potenziellen Infektionsrisiko von *Salmonella Dublin* für den Menschen (Front Vet Sci, 2023 doi: 10.3389/fvets.2023.1081611. eCollection 2023). Darüber hinaus erfolgen durch das NRL Salmonellose der Rinder umfangreiche Chargenprüfungen sowie Untersuchungen zur Zulassung von Diagnostika. In 2023 wurden insgesamt 27 Chargenprüfungen von ELISA- und RT-PCR-Tests zur Diagnostik von *Salmonella*-Infektionen beim Geflügel und beim Schwein sowie Untersuchungen im Rahmen von zwei Zulassungsverfahren durchgeführt.

Statistische Angaben

In der Bundesrepublik Deutschland wurden im Jahr 2023 insgesamt 87 Ausbrüche (Stand: 25.04.2024) an Salmonellose beim Rind angezeigt (Tab. 1). Die regionale Verteilung der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche von 2020 bis 2023 ist in Abbildung 1 dargestellt. Der in Deutschland seit dem Jahr 2002 beobachtete Rückgang der angezeigten Ausbrüche der Salmonellose beim Rind erfolgte bis 2015. Von 2016 bis 2020 schwankte die Anzahl der Ausbrüche um den Wert 100. In den Jahren 2021 und 2022 zeigte sich ein Rückgang auf 74 bzw. 68 angezeigte Ausbrüche, in 2023 jedoch erneut ein Anstieg um fast 20 % auf 87 Ausbrüche.

In den meisten Bundesländern ist die Anzahl der jährlich angezeigten Ausbrüche relativ konstant. Ein stärkerer Anstieg oder Rückgang der Anzahl der Ausbrüche in einzelnen Jahren tritt in mehreren Bundesländern auf (Tab. 2), eine kontinuierliche Entwicklung über mehrere Jahre ist selten. In Brandenburg, Hessen und Niedersachsen wird jedoch seit 2019 ein kontinuierlicher Rückgang der angezeigten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche beobachtet.

Es ist offen, inwieweit die Anzahl der amtlich festgestellten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in Deutschland das Vorkommen von Salmonellen in der Rinderpopulation tatsächlich widerspiegelt. Während die Serovar *Salmonella (S.) Typhimurium* von 1995 bis 2002 mit einem Anteil von ca. 50 % an den angezeigten Ausbrüchen die Hauptursache für die Salmonellose der Rinder in Deutschland war, verringerte sich dieser Anteil in den Jahren 2003 und 2004 auf 38 % bzw. 39 %. In den nachfolgenden Jahren stabilisierte sich dieser Wert, so dass gegenwärtig in Deutschland ca. 30 %-40 % aller Ausbrüche an Salmonellose der Rinder durch *S. Typhimurium* verursacht werden. Darüber hinaus kann festgestellt werden, dass *S. Typhimurium* die einzige alleinige Serovar ist, die mit wenigen Ausnahmen in jedem

Jahr in fast allen Bundesländern nachgewiesen wird (Tab. 4).

Die an das Rind adaptierte Serovar Dublin verursachte im Berichtsjahr 32 % aller Salmonellose-Ausbrüche. Die Anzahl der *S.-Enteritidis*-Ausbrüche beim Rind war in den letzten 15 Jahren stark rückläufig. Im Jahr 2014 wurden jedoch wieder fünf, in den Jahren 2016-2022 acht bis vierzehn und in 2023 sechs Ausbrüche durch diese Serovar angezeigt. Daher kann festgestellt werden, dass ca. 7 %-10 % aller Salmonellose-Ausbrüche in Deutschland durch die Serovar *S. Enteritidis* hervorgerufen werden. Die zusammengefasste Gruppe aller anderen Serovaren weist seit 2006 einen ansteigenden Trend auf, in den Jahren 2020 und 2021 wurden durch diese Gruppe 21 % bzw. 28 % und in 2022 bzw. 2023 insgesamt 19 % bzw. 18 % der Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht. Es muss jedoch betont werden, dass keine einzelne Serovar aus dieser Gruppe einen ansteigenden Trend aufweist. Es wird eher beobachtet, dass die Serovaren in dieser Gruppe nahezu jährlich wechseln.

Eine Übersicht über die Verteilung der *Salmonella*-Serovaren nach Bundesländern weist auf teilweise beträchtliche regionale Unterschiede hin (Tab. 4). Während die Serovar *S. Typhimurium* bis auf einzelne Ausnahmen in fast allen Bundesländern mit Salmonellose-Ausbrüchen vorkommt, bestehen bei den anderen *Salmonella*-Serovaren Unterschiede. Die Tatsache, dass die an das Rind adaptierte Serovar Dublin in einigen Bundesländern nicht nachgewiesen wird und z. B. in anderen Bundesländern seit Jahren den größten Anteil der gemeldeten Rinder-Salmonellose-Ausbrüche verursacht, ist ein Hinweis darauf, dass diese Serovar in einigen Bundesländern nur ausnahmsweise oder gar nicht vorkommt, speziell in Bayern und Schleswig-Holstein jedoch zumindest in bestimmten Landkreisen endemisch ist. Das wurde insbesondere durch den sehr starken Anstieg der *S.-Dublin*-Ausbrüche in Bayern in 2017 und in Schleswig-Holstein in 2018 und 2019 deutlich. Diese

wiederholte Häufigkeit unterstreicht den endemischen Charakter von *S. Dublin* in diesen beiden Bundesländern. Andere einzelne *Salmonella*-Serovaren scheinen keine besonderen Verbreitungsgebiete zu besitzen, da die Nachweisrate von z.B. *S. Enteritidis* in den letzten Jahren sowohl zwischen den Bundesländern als auch innerhalb der Bundesländer erheblichen Schwankungen unterliegt. Die Gruppe der anderen Serovaren verursachte nach einem Rückgang im Jahr 2014 auf nur 7 Ausbrüche im Jahr 2016 insgesamt 23, in 2018 nur 11, in 2022 und 2023 jedoch wieder 13 bzw. 16 Ausbrüche an Rinder-Salmonellose. Dabei traten jedoch starke jährliche Schwankungen zwischen den Bundesländern sowohl hinsichtlich der ausbruchsverursachenden Serovaren als auch deren prozentualer Anteile auf. Eine zunehmende Tendenz einzelner Serovaren aus dieser Gruppe ist nicht erkennbar.

Für die Immunprophylaxe von Kälbern gegen die Salmonellose des Rindes stehen keine kommerziellen *Salmonella*-Lebendimpfstoffe mehr zur Verfügung. Gegen *Salmonella*-Infektionen für den Einsatz bei Kälbern besteht die Möglichkeit der Umwidmung eines für das Schwein zugelassenen *Salmonella*-Typhimurium-Lebendimpfstoffes, für den Einsatz bei älteren Tieren und adulten Rindern müssen bestandsspezifische Inaktivatimpfstoffe hergestellt werden. Ein prophylaktischer Einsatz von *Salmonella*-Impfstoffen sollte insbesondere in Gebieten erfolgen, in denen bestimmte Serovaren endemisch auftreten und wiederholt Salmonellose-Ausbrüche verursachen.

Epidemiologische Untersuchungen

Ein Schwerpunkt der Aufgaben des NRL Salmonellose der Rinder sind Untersuchungen zur Epidemiologie der Salmonellose in Rinderbeständen. Damit sollen auch allgemeingültige Erkenntnisse gewonnen werden, um eine bessere Beratungsfunktion gewährleisten zu können.

Im Jahr 2023 wurden durch das NRL Salmonellose der Rinder in Zusammenarbeit mit den zuständigen Veterinärbehörden und den Untersuchungsämtern nach einer entsprechenden Anfrage zahlreiche Ausbrüche an Rinder-Salmonellose begleitet. Darüber hinaus steht das NRL Salmonellose der Rinder bei Rückfragen zur Diagnostik, Epidemiologie, Prophylaxe und Bekämpfung von Ausbrüchen an Salmonellose der Rinder bzw. *Salmonella*-Infektionen bei allen anderen landwirtschaftlichen Nutztieren beratend zur Verfügung.

Das Ziel dieser Untersuchungen besteht insbesondere darin, die Übertragungswege und die Ursachen für das Zirkulieren der Salmonellen in den Beständen zu analysieren, um danach effektive herdenspezifische Barriersysteme einzurichten. Es hat sich klar gezeigt, dass eine wirksame Bekämpfung der Salmonellose der Rinder eine kritische Analyse der hygienischen Bedingungen im Betrieb und die Etablierung bzw. Wieder-Etablierung von effektiven Hygieneregimen zur nachhaltigen Unterbrechung der betriebsinternen *Salmonella*-Ausbreitungswege erfordert.

Zoonosepotenzial

Salmonellen gehören weltweit zu den wichtigsten von Tieren auf den Menschen übertragbaren Krankheitserregern. Anteilmäßig besitzen dabei die durch kontaminierte Lebensmittel hervorgerufenen Infektionen die größte Bedeutung. Nach dem bis zum Jahr 1992 erfolgten Anstieg (ca. 195.000 gemeldete Infektionen) der Salmonellosen beim Menschen in der Bundesrepublik Deutschland hat sich die Anzahl der Infektionen kontinuierlich verringert.

Im Jahr 2017 kam es nach einem sehr langen Zeitraum erstmals wieder zu einem Anstieg der gemeldeten *Salmonella*-Infektionen beim Menschen auf 14.074 Fälle.

In den nachfolgenden Jahren wurde auch pandemiebedingt ein weiterer Rückgang der Infektionen auf 8.220 Fälle in 2021 beobachtet, in 2022 und 2023 erhöhte sich die Anzahl humaner Infektionen jedoch wieder auf 9.153 bzw. 10.564. *S. Typhimurium* und *S. Enteritidis* sind nach wie vor die Serovaren mit der größten Bedeutung. Unter Berücksichtigung epidemiologischer Daten über das Vorkommen von Salmonellen in verschiedenen Lebensmitteln kann geschlossen werden, dass *S.-Enteritidis*-Infektionen des Menschen vorwiegend durch Eier, Eiprodukte und Geflügelfleisch und *S.-Typhimurium*-Infektionen durch Schweinefleisch bzw. Schweinefleischerzeugnisse hervorgerufen werden. Der genaue Anteil an *Salmonella*-Infektionen des Menschen durch vom Rind stammende Lebensmittel ist nicht bekannt. In 2021 kam es zu einem in mehreren Ländern nachgewiesenen Ausbruch durch *S.-Enteritidis*-kontaminiertes Rindfleisch, das aus Deutschland stammt und in diese Länder exportiert wurde. Darüber hinaus wird regelmäßig über *S.-Dublin*-Infektionen beim Menschen berichtet, die nachweislich von Rindern verursacht wurden. Das NRL Salmonellose der Rinder veröffentlichte in 2023 eine Studie zum potenziellen Infektionsrisiko von *Salmonella Dublin* für den Menschen (Front Vet Sci, 2023 doi: 10.3389/fvets.2023.1081611. eCollection 2023). Insbesondere zum Rohverzehr bestimmte Lebensmittel (Rohmilch, Rohkäse) aus Rinder-Beständen mit nachgewiesenen oder möglicherweise nicht erkannten *Salmonella*-Infektionen stellen ein hohes Gesundheitsrisiko, besonders für Risikogruppen (Kleinkinder, Schwangere, ältere Menschen, immunsupprimierte Personen) dar. Um das Infektionsrisiko für den Verbraucher so gering wie möglich zu halten, muss das Inverkehrbringen von Rohmilch aus mit Salmonellen infizierten Rinderbeständen ausgeschlossen werden.

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

2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
102	77	68	65	100	106	98	131	94	74	68	87

Tabelle 2: Anzahl angezeigter Rinder-Salmonellose-Ausbrüche in den Bundesländern (2019 bis 2023)

Bundesland	2019	2020	2021	2022	2023
Berlin	-	-	-	-	-
Brandenburg	10	4	3	2	1
Baden-Württemberg	17	14	19	10	14
Bayern	23	25	20	22	19
Hessen	8	5	5	5	1
Mecklenburg-Vorpommern	5	3	2	1	7
Niedersachsen	25	15	8	9	6
Nordrhein-Westfalen	8	4	4	3	10
Rheinland-Pfalz	2	-	1	2	2
Saarland	-	1	-	-	1
Schleswig-Holstein	18	14	5	6	8
Sachsen	10	7	5	3	7
Sachsen-Anhalt	3	2	1	2	5
Thüringen	2	-	1	3	6
Gesamt	131	94	74	68	87

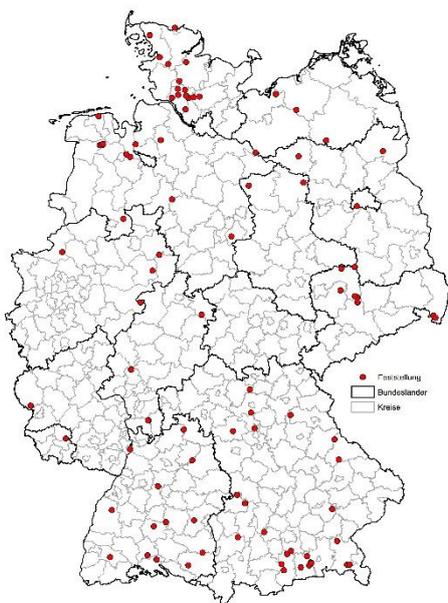
Tabelle 3: Nachgewiesene *Salmonella*-Serovaren bei Ausbrüchen in den Jahren 2021 bis 2023 in der Bundesrepublik Deutschland

<i>Salmonella</i> -Serovaren	2021		2022		2023	
	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%	Anzahl Ausbrüche	%
<i>Typhimurium</i>	24	33	23	34	37	43
<i>Dublin</i>	19	26	23	34	28	32
<i>Enteritidis</i>	10	13	9	13	6	7
<i>Salmonella</i> ssp.	21	28	13	19	16	18

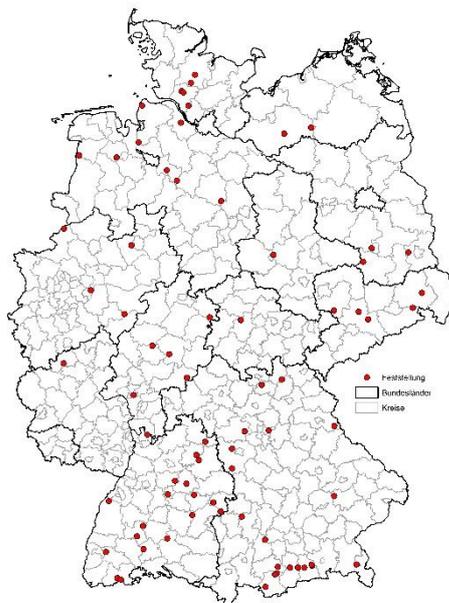
Tiergesundheitsjahresbericht 2023

Tabelle 4: Anteil von *Salmonella*-Serovaren an angezeigten Ausbrüchen in den Bundesländern in den Jahren 2022 und 2023

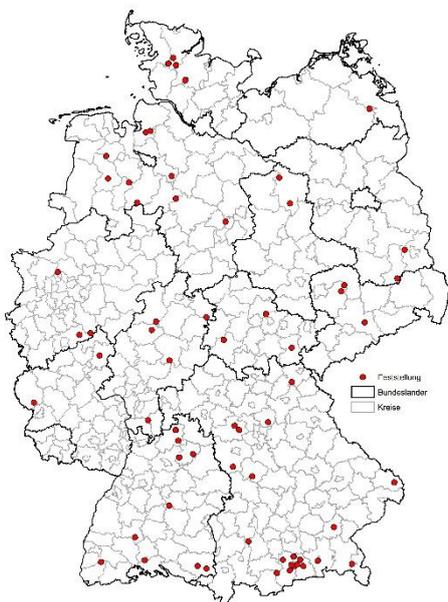
Bundes- land	Anzahl (n) Ausbrüche gesamt		<i>Salmonella</i> -Serovaren							
	2022	2023	Typhimurium		Dublin		Enteritidis		S. ssp.	
	2022	2023	2022	2023	2022	2023	2022	2023	2022	2023
B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BB	2	1	-	1	1	-	-	-	1	-
BW	10	14	5	9	-	-	3	1	2	4
BY	22	19	4	3	12	9	1	2	5	5
HE	5	1	2	1	-	-	3	-	-	-
MV	1	7	-	4	1	2	-	-	-	1
NI	9	6	5	4	2	2	-	-	2	-
NW	3	10	2	3	1	5	-	2	-	-
RP	2	2	-	2	-	-	1	-	1	-
SL	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1
SH	6	8	1	2	4	6	1	-	-	-
SN	3	7	3	3	-	-	-	1	-	3
ST	2	5	-	3	1	2	-	-	1	-
TH	3	6	1	2	1	2	-	-	1	2
Gesamt	68	87	23	37	23	28	9	6	13	16



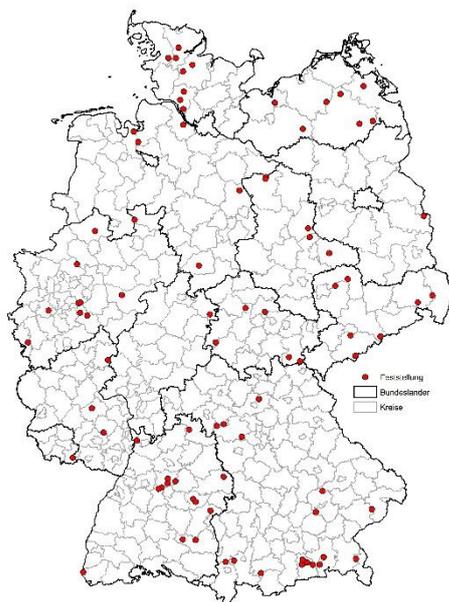
2020: 94 Ausbrüche



2021: 74 Ausbrüche



2022: 68 Ausbrüche



2023: 87 Ausbrüche

Abb. 1: Regionale Verteilung der Rinder Salmonellose-Ausbrüche in der Bundesrepublik Deutschland in den Jahren 2020 bis 2023 (TSN; Stichtag: 06.11.2024)

14. Shigatoxin-bildende *Escherichia coli* [(STEC, syn. Verotoxin-bildende *E. coli* (VTEC)] - Shiga toxin-producing *E. coli* (Vero toxin-producing *E. coli*)

Berens, C., Weber, M., Menge, C.

Summary

Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC, also referred to as Verotoxin producing *E. coli* [VTEC], including enterohaemorrhagic *E. coli* [EHEC] associated with haemorrhagic colitis [HC] and haemolytic-uraemic syndrome [HUS]), are among the most important food-borne bacterial zoonotic infections. Cattle, other farmed ruminants, such as sheep and goats, and wildlife ruminants represent the main STEC/EHEC reservoir. Undercooked beef, raw milk and products thereof, non-pasteurized milk and other beef or dairy products are major sources of human infections. Food items such as cooked sausages secondarily contaminated by chilled products (meat) handled nearby, contaminated cold-pressed fruit juices and contaminated flour and vegetables are also reported sources of infection. Furthermore, pastures contaminated with faeces of ruminants shedding the pathogen and cultivable land fertilized with cattle manure, where STEC/EHEC strains can survive for several months, bathing waters or drinking water (wells) contaminated with STEC/EHEC, e.g. from neighbouring pastures, can pose a significant risk of infection as does direct contact with animals (petting zoos, visits to agricultural enterprises, agrotourism) and faecal-oral transmission between humans, especially in shared accommodations.

STEC producing Shiga toxin (Stx) of the Stx2e subtype and expressing F18ab fimbriae are the causative agent of edema disease that occurs preferentially in piglets during the first two weeks after weaning. Edema disease occurs worldwide in intensive pig farming with significant economic impact.

In Germany, suspected human infections, human disease or death from enteropathic HUS are notifiable by name pursuant to Article 6 of the Infection Protection Act. Non-HUS EHEC diseases must be notified separately. In these cases, direct or indirect detection of EHEC strains is also notifiable by name, if the bacteria are considered causative for acute disease (Article 7 of the Infection Protection Act).

Zusammenfassung

Shigatoxin-bildende *Escherichia coli* [STEC, syn. Verotoxin-bildende *E. coli* (VTEC)], zu denen auch die mit der hämorrhagischen Colitis (HC) und dem hämolytisch-urämischen Syndrom (HUS) assoziierten enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) gezählt werden, gehören zu den bedeutendsten durch Lebensmittel übertragenden bakteriellen Zoonosen. Das Hauptreservoir für STEC/EHEC stellen Rinder, andere landwirtschaftlich genutzte Wiederkäuer wie Schafe und Ziegen sowie Wildwiederkäuer dar. Unzureichend gegartes Rindfleisch, Rohmilch und Rohmilchprodukte bzw. nicht pasteurisierte Milch sowie andere Produkte von Rindern werden als hauptsächliche Infektionsquelle für den Menschen beschrieben. Aber auch Kontaminationen, die von Kühlware (Fleisch) auf unbelastete Lebensmittel wie Kochwurst übergangen, kontaminierte, kalt gepresste Fruchtsäfte sowie kontaminiertes Mehl oder Gemüse sind bestätigte Quellen menschlicher Infektionen. Weiterhin sind durch erregerhaltigen Rinderkot kontaminierte Weiden sowie mit Rindergülle gedüngte Anbauflächen, auf denen sich STEC/EHEC-Stämme mehrere Monate halten können, mögliche Infektionsquellen. STEC/EHEC, die von dort aus in anliegende Badegewässer bzw. ins Trinkwasser (Brunnenanlagen) gelangen, können ein erhebliches Infektionsrisiko darstellen. Daneben darf aber auch das

Risiko von Infektionen durch direkten Kontakt zu Tieren (Streichelzoos, Besuche in landwirtschaftlichen Betrieben, „Ferien auf dem Bauernhof“) sowie die fäkal-orale Übertragung von Mensch zu Mensch, besonders in Gemeinschaftseinrichtungen, nicht übersehen werden.

STEC-Stämme, die Shigatoxin (Stx) des Subtyps Stx2e bilden und über Fimbrien vom Typ F18ab verfügen, sind Verursacher der weltweit in Intensivhaltungen von Schweinen verbreiteten Ödemkrankheit, die vorzugsweise bei Ferkeln während der ersten beiden Wochen nach dem Absetzen auftritt und zu bedeutenden ökonomischen Schäden führen kann.

Labordiagnostische Untersuchungen

Die Untersuchungen auf STEC werden in den Bundesländern von den veterinärmedizinischen Untersuchungsämtern bzw. von beauftragten Untersuchungsstellen durchgeführt.

An das NRL für VTEC können *E. coli*-Isolate für eine weitere Charakterisierung bzw. Feintypisierung eingesandt werden. Das angebotene Methodenspektrum reicht von konventioneller PCR bis zur Genomsequenzierung. Für epidemiologische Fragestellungen werden Multi-Lokus-Sequenz-Typisierungen

(MLST) und Vollgenomanalysen (WGS) angeboten. Der Nachweis des Stx mittels ELISA bzw. Zytotoxizitätstest (Verozelltest) steht ebenfalls zur Verfügung.

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

Statistische Angaben

Im Jahr 2023 wurden STEC-Nachweise aus 131 Beständen in TSN gemeldet (Tab. 1). Die häufigsten Nachweise erfolgten dabei in Schweinebeständen (n=92). Außerdem wurden aus 15 Rinder-, zwei Ziegen- und vier Schafbeständen, sowie von vier Pferden und sechs Hunden STEC isoliert und gemeldet. Die gemeldeten Nachweise spiegeln jedoch die wahre Verbreitung von STEC in Deutschland nicht wieder und sind eher das Ergebnis von Zufallsbefunden.

Tab. 1: Übersicht über die in 2023 festgestellten Nachweise von STEC bei Tieren (TSN; Stichtag 06.11.2024)

Bundesland	Anzahl gemeldete Fälle	betroffene Tierarten
Baden-Württemberg	17	Schwein, Ziege, Rind, Hund
Bayern	21	Schwein, Rind
Berlin	3	Rind, Hund
Brandenburg	3	Schwein, Pferd
Bremen	-	
Hamburg	-	
Hessen	5	Schwein, Ziege, Hund
Mecklenburg-Vorpommern	10	Schwein, Rind
Niedersachsen	31	Schwein, Rind, Hund
Nordrhein-Westfalen	13	Schwein, Rind, Pferd
Rheinland-Pfalz	1	Rind
Saarland	-	
Sachsen	4	Schaf
Sachsen-Anhalt	9	Schwein, Hund
Schleswig-Holstein	10	Schwein, Rind, Pferd
Thüringen	4	Schwein
Gesamt	131	-

Epidemiologische Untersuchungen

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

auf STEC untersucht. Von 94 Proben aus 43 Betrieben waren 17 PCR-positiv für *stx1* und/oder *stx2*. Aus diesen Proben isolierte STEC-Stämme waren *eae*-negativ und gehörten nicht zu den Serovaren O157:H7, O26:H11, O45:H2, O103:H11, O111, O121:H19, O145 oder O104:H4. In einer weiteren, longitudinal ausgerichteten Studie wurde in Kooperation mit der Justus-Liebig-Universität Gießen (JLU) in zehn Herden jeweils 20 Tiere einmal beprobt. Neun dieser zehn Herden wurden weiter an drei verschiedenen Zeitpunkten beprobt. Nach Auswertung der Beprobungen betrug die ermittelte Herdenprävalenz für STEC in der ersten Probennahmerunde 90 % und in allen weiteren Beprobungsrounden 100 %. Insgesamt 707 Proben einzelner Tiere wurden bisher auf das Vorhandensein von *stx*-Genen getestet und 37 Proben (5,2 %) waren PCR-positiv

für *stx1*, 139 für *stx2* (19,7 %) und 55 für beide Gene (7,8 %). Die Prävalenz innerhalb der Herden schwankte stark und reichte von 0-95 % in den Beprobungsrunden. Bei den identifizierten *stx*-Gen-Subtypen handelte es sich überwiegend um *stx1c* (88 %; 81/92) und *stx2b* (79 %; 154/194), bei denen ein geringes Risiko für die Auslösung schwerer Erkrankungen beim Menschen gilt. Einige wenige Tiere waren PCR-positiv für *stx1a*, *stx2a*, *stx2c*, *stx2d*, *stx2e*, *stx2f* und *stxg*. In 1.1 % der Proben mit positivem *stx1*-Gen Signal (1/92) wurden Signale für 2 *stx1*-Allele nachgewiesen, in 18 % der Proben mit *stx2*-Gen positivem Signal (35/194) mehrere Signale des *stx2*-Subtyps. Bei 23 Proben (12 %) konnte bisher kein *stx2*-Subtyp identifiziert werden. Obwohl die Gefährdung durch STEC gering zu sein scheint, sollten weitere Analysen zur Vergrößerung der Datenbasis durchgeführt werden, um die Bedeutung von NWK als Infektionsquelle für den Menschen besser einschätzen zu können.

Forschung

Eine vollständige Eliminierung von STEC aus den Reservoirwirten erscheint derzeit nicht erreichbar, jedoch zielt die Forschung auf eine Reduzierung der Erreger im Rind ab. Dabei werden verschiedene Strategien verfolgt. Eigene, langjährige Studien haben gezeigt, dass neben den sporadisch auftretenden STEC auch STEC-Klone, die in einzelnen Tieren oder Herden über einen langen Zeitraum persistieren können, nachweisbar sind. Da Shigatoxin auf Bakteriophagen kodiert wird, können aus persistierenden STEC-Klonen heraus jederzeit neue Klone mit unkalkulierbarem humanem Gefährdungspotential entstehen. Deshalb werden Interventionsstrategien auf solche Klone ausgerichtet, die als bakterielles Reservoir für *stx*-konvertierende Phagen im Gastrointestinaltrakt von Rindern dienen.

Gemeinsam mit kanadischen Kollegen gehen wir der Frage nach, inwieweit endemische Häufungen von

EHEC-Infektionen oder HUS-Fällen in Gebieten mit intensiver Rinderhaltung eher auf die Übertragung von bei Rindern sporadisch oder persistierend kolonisierenden Stämmen verursacht werden. Neben der Analyse der komplexen Mechanismen für das Persistenzvermögen der Klone sollen die Regelkreise zwischen dem genetischen Hintergrund der STEC, sowie ihren Adhärenz-Eigenschaften, den Klon-spezifischen Wirtszell-Antworten und der Wirts-induzierten bakteriellen Genexpression aufgeklärt werden. Mit dem Shigatoxin haben wir bereits einen bakteriellen Faktor identifiziert, der über die Manipulation des bovinen Immunsystems der persistierenden STEC-Infektion und -Ausscheidung durch Rinder Vorschub leistet. Diese Ausscheidung kann durch eine Kombination aus aktiver und passiver Immunisierung von Kälbern mit genetisch inaktivierten, rekombinanten Shigatoxoiden reduziert werden. Ein neuartiger bioinformatischer Ansatz soll nun die Bedeutung von Mutationen in metabolischen Genclustern bei persistenten STEC aufklären. Hierfür werden eine genomweite Assoziationsstudie mit Modellierungsansätzen aus der Systembiologie kombiniert. Die Ergebnisse wären ein weiterer Schritt die genetischen Faktoren der Anpassung von STEC an den Rinderdarm zu verstehen.

In Deutschland wurden und werden immer wieder STEC in Mehl und Mehlprodukten wie Backmischungen und Teigen nachgewiesen. Derzeit ist weitgehend unklar, welchen Ursprungs diese Kontaminationen sind und welche Eintragswege in das Mehl bzw. die Mehlprodukte existieren. Es wird vermutet, dass Kontaminationen auf dem Feld durch den Eintrag von kontaminiertem Dünger oder den Kot von Wildtieren geschehen können. So wurde von uns bei einer aus 34 Kotproben von wildlebenden Nagetieren im Thüringer Becken STEC nachgewiesen. Das Isolat (O91:H14, ST33, *stx1a/stx2b*) war einem anderen Isolat sehr ähnlich, das zeitgleich aus vom selben Feld aufgesammeltem Schafskot isoliert werden

konnte. Im Rahmen eines Kooperationsprojektes mit dem Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), dem Max-Rubner-Institut (MRI), der Deutschen Müllerschule Braunschweig und der Justus-Liebig-Universität (JLU) wird derzeit versucht mögliche Eintragsquellen und Übertragungswege von STEC in Mehl entlang der Mehlproduktionskette in einem weitgehend geschlossen arbeitendem Rinderhaltenden Betrieb mit eigenem Futteranbau (Versuchsstation des Instituts für Tierernährung, FLI, Braunschweig) aufzuklären.

Staatliche Maßnahmen

Nachweise von STEC bei Tieren sind seit dem Jahr 2005 nach der Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten (in der Fassung der Bekanntmachung vom 08. Juli 2020, BGBl. I S. 1604) meldepflichtig.

In der Verordnung (EU) 2016/429 vom 9. März 2016 („Tiergesundheitsrecht“) waren Infektionen mit Verotoxin bildende *E. coli* in Anhang II (Seuchen für die die spezifischen Bestimmungen zur Prävention und Bekämpfung der Verordnung gelten) zunächst gelistet. Artikel 2 Absatz 2 der Verordnung sieht vor, dass sie für Seuchen, einschließlich Zoonosen, unbeschadet der Bestimmungen des Beschlusses Nr. 1082/2013/EU, der Verordnung (EG) Nr. 999/2001, der Richtlinie 2003/99/EG und der Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 gilt. Da jedoch unter anderem Infektionen mit Verotoxin bildenden *E. coli* bereits durch sektorspezifische Vorschriften abgedeckt sind, wurden sie durch die Delegierte Verordnung (EU) 2018/1629 vom 25. Juli 2018 wieder aus der Liste in Anhang II der Verordnung (EU) 2016/429 gestrichen. In der Durchführungsverordnung (EU) 2018/1882

vom 3. Dezember 2018 über die Anwendung bestimmter Bestimmungen zur Seuchenprävention und -bekämpfung auf Kategorien gelisteter Seuchen und zur Erstellung einer Liste von Arten und Artengruppen, die ein erhebliches Risiko für die Ausbreitung dieser gelisteten Seuchen darstellen, sind Infektionen mit STEC/EHEC/VTEC beim Tier entsprechend nicht als kategorisierte Tierseuche geführt.

Zoonosepotential

Shigatoxin-bildende *Escherichia coli* [STEC, syn. Verotoxin-bildende *E. coli* (VTEC)], zu denen auch die mit der hämorrhagischen Colitis (HC) und dem hämolytisch-urämischen Syndrom (HUS) assoziierten enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) gezählt werden, gehören zu den bedeutendsten durch Lebensmittel übertragenden bakteriellen Zoonosen. In der Humanmedizin sind in Deutschland nach § 6 des Infektionsschutzgesetzes (IfSG) der Krankheitsverdacht, die Erkrankung sowie der Tod an enteropathischem HUS namentlich meldepflichtig. Vom HUS abgegrenzt werden in der Meldepflicht die anderen EHEC-bedingten Erkrankungen. In diesen Fällen ist nach § 7 IfSG der direkte oder indirekte Nachweis von EHEC-Stämmen, soweit er auf eine akute Infektion hinweist, ebenfalls namentlich zu melden. Die Meldezahlen für 2023 ergeben nach dem Höchstwert im Jahre 2011, das durch einen mehrere Bundesländer betreffenden Ausbruch gekennzeichnet war, eine im Vergleich zu mehreren Vorjahren deutlich erhöhte Zahl betroffener Patienten. Eine Bewertung durch das Robert Koch-Institut im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch 2023 steht zum Zeitpunkt der Drucklegung noch aus.

Tab. 2: Nach IfSG gemeldete Fälle humaner EHEC-Erkrankungen in den Jahren 2013 bis 2023

Mykobakterien Spezies	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
HUS (Hämolytisch-urämisches Syndrom), enteropathisch	77	85	70	71	97	67	73	60	54	73	73
EHEC-Erkrankung	1623	1656	1639	1827	2024	2229	1885	1377	1611	1829	3445
Gesamt	1700	1741	1709	1898	2121	2296	1958	1437	1665	1902	3518

Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 06.11.2024

Publikationen

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

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

González Santamarina B, C Schnee, H Köhler, M Weber, U Methner, C Seyboldt, C Berens, C Menge. Survey on shedding of selected pathogenic, zoonotic or antimicrobial resistant bacteria by South American camelids in Central Germany. *Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift*. 2022. 135. doi: 10.2376/1439-0299-2021-21.

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

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

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

15. Toxoplasmose - Toxoplasmosis

Schaes G.

Summary

Toxoplasmosis is a reportable animal disease in Germany. In 2023, a total of 50 cases were reported (40 in cats; 4 in dogs; 1 in a fox; 3 in sheep; 1 in a monkey; 1 in a non-classified zoo animal). However, there are indications of under-reporting. The regional distribution of the reported cases is similar to earlier published data for *T. gondii* positive feline fecal samples (HERRMANN et al. 2010).

Einleitung

Die Toxoplasmose zählt zu den meldepflichtigen Tierkrankheiten. Sie ist eine Infektionskrankheit, die durch den einzelligen Parasiten *Toxoplasma gondii* hervorgerufen wird. *T. gondii* vermehrt sich obligat intrazellulär. Die Endwirte von *T. gondii* sind Feliden. Sie können mit dem Kot umweltresistente Stadien (Oozysten) des Parasiten ausscheiden, die warmblütige Tiere, welche als Zwischenwirte fungieren, mit der Nahrung aufnehmen. In infizierten Zwischenwirten persistiert *T. gondii* wahrscheinlich lebenslang unter Bildung von Gewebezysten. Infektionen des Menschen werden vor allem durch den Verzehr von rohem oder nicht ausreichend erhitztem Fleisch infizierter Tiere verursacht, das Gewebezysten mit lebenden Parasitenstadien enthält. Eine Ansteckung kann auch durch die Aufnahme von Nahrungsmitteln oder Wasser erfolgen, die mit Oozysten aus dem Kot infizierter Feliden kontaminiert sind. Viele Tierarten zeigen nach einer Infektion mit *T. gondii* in der Regel keine klinischen Symptome. Bei Schafen und Ziegen kann es zu Aborten kommen. Bestimmte Tierarten, die hierzulande in Zoos gehalten werden, aber auch einige einheimische Wildtiere können schwer an Toxoplasmose erkranken und sterben.

Epidemiologische Untersuchungen

An das Nationale Referenzlabor für Toxoplasmose gesendete Gewebe infizierter Zwischenwirte und verdächtige Kotproben wurden mit Hilfe der PCR auf *T. gondii* untersucht und die darin nachgewiesenen *T. gondii*-Stadien mittels PCR-RFLP-Verfahren typisiert (HERRMANN et al. 2010, 2012 a, b). Das Nationale Referenzlabor für Toxoplasmose hat sich an internationalen Studien beteiligt, um eigene serologische Verfahren zu validieren (PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012; MORÉ et al., 2012).

Labordiagnostische Untersuchungen

Infektionen lassen sich bei der histologischen oder koproskopischen Untersuchung oder durch Erregerisolierung nachweisen. Allerdings ist bei diesen direkten Nachweisverfahren eine anschließende Bestätigung der Erregeridentität mittels PCR erforderlich. Über spezifische Antikörper gegen Tachyzoiten von *T. gondii* (z. B. im Immunfluoreszenztest, ELISA, Westernblot oder Agglutinationstest) können Infektionen indirekt nachgewiesen werden. Im Nationalen Referenzlabor für Toxoplasmose werden vorzugsweise der Immunfluoreszenztest und ein Immunblot, der auf affinitätschromatographisch gereinigtem Antigen (TgSAG1) basiert, zur serologischen Diagnose eingesetzt. Die Untersuchungszahlen aus dem Jahr 2023 sind in der Tabelle angegeben.

	Anzahl
Einsendungen	476
Erregernachweise	54 von 296
Antikörpernachweise	0 von 180

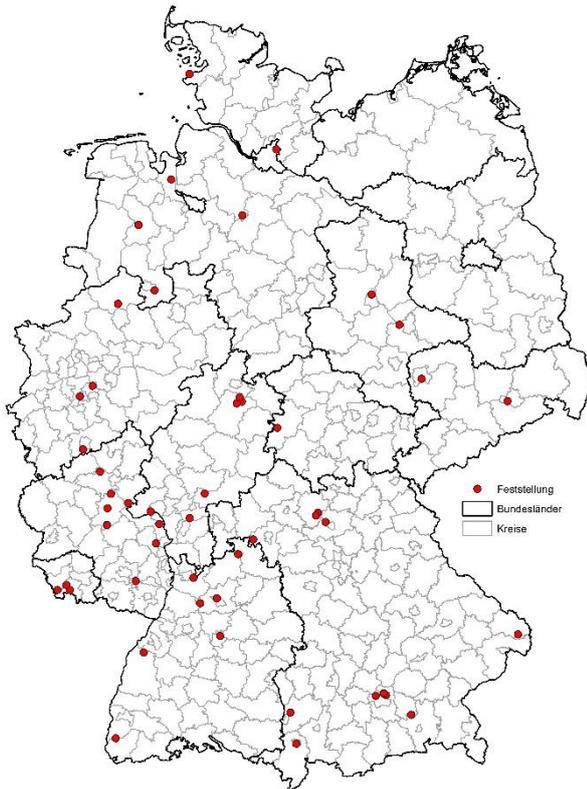


Abb.: Im Jahr 2023 über TSN mitgeteilte Toxoplasmosis-Fälle (n = 50; Stand 02.12.2024)

Statistische Angaben

Gemäß der im Tierseuchennachrichtensystem hinterlegten Falldefinition gelten folgende Voraussetzungen für die Feststellung der Toxoplasmosis: 1. histologischer Erregernachweis mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen, oder 2. kulturelle Erregerisolierung mit Bestätigung der Erregeridentität bei Tierarten, die der Lebensmittelgewinnung dienen, oder 3. koproscopischer Erregernachweis bei Endwirten (Feliden) mit Bestätigung der Erregeridentität oder 4. indirekter Nachweis der Infektion bei Tieren, die der Lebensmittelgewinnung dienen.

Im Jahr 2023 wurden 50 Fälle gemeldet (40 bei Katzen; 4 bei Hunden; 1 bei einem Fuchs; 3 bei Schafen; 1 bei einem Affen; 1 in einer anderen Zootierart ohne Zuordnung). Die Verteilung der gemeldeten

Fälle in Deutschland ist heterogen (Abbildung). Eine ähnliche Verteilung wurde in einer vorausgehenden Studie auch bei positiven Katzenkotproben beobachtet (HERRMANN et al. 2010). Es gibt Hinweise, dass nicht alle nachgewiesenen Fälle gemeldet wurden.

Forschung

Das NRL Toxoplasmosis führt epidemiologische Untersuchungen zum Vorkommen der Toxoplasmosis bei Tieren durch, deren Ergebnisse teilweise bereits veröffentlicht sind (MAKSIMOV et al. 2011; MOREÈ et al., 2012; PARDINI et al., 2012; TSANIDAKIS et al., 2012; STELZER et al., 2019). Serologische und direkte Nachweisverfahren werden weiterentwickelt (HERRMANN et al. 2011). Das NRL Toxoplasmosis beschäftigt sich ferner mit der Typisierung von *T. gondii* und mit der Identifizierung und Validierung von Markern, die Aussagen über die Virulenz genetisch verschiedener *T. gondii*-Isolate zulassen (HERRMANN et al. 2010, 2012 a, b; Joeres et al., 2023).

Staatliche Maßnahmen

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

Zoonosepotential

Die meisten Primärinfektionen beim Menschen verlaufen asymptomatisch; manche Patienten erkranken an einer Lymphadenopathie oder einer okulären Toxoplasmosis. Eine primäre, während der Schwangerschaft erworbene Infektion kann den Föten schwer schädigen. Bei immunsupprimierten Patienten kann eine Reaktivierung latenter Infektionen zu lebensbedrohlichen Enzephalitiden führen. Der Nachweis kongenital erworbener Toxoplasmosen des Menschen ist nach § 7 Abs. 3 Nr. 6 des Infekti-

onsschutzgesetzes zu melden. In einigen Bundesländern sind auch postnatal erworbene Toxoplasmen meldepflichtig.

Literatur

Herrmann et al. 2010. Atypical *Toxoplasma gondii* genotypes identified in oocysts shed by cats in Germany, Int. J. Parasitol. 40, 285-292.

Herrmann et al. 2011. Comparison of different commercial DNA extraction kits to detect *Toxoplasma gondii*-like oocysts in cat faeces. Berl. Muench. Tieraerztl. Wochenschr. 124, 497-502.

Herrmann et al. 2012a. *Toxoplasma gondii* in foxes and rodents from the German federal states of Brandenburg and Saxony-Anhalt: Seroprevalence and genotypes. Vet. Parasitol. 185:78-85.

Herrmann et al. 2012b. Genetic characterisation of *Toxoplasma gondii* isolates from European beavers (*Castor fiber*) and European wildcats (*Felis silvestris silvestris*). Vet Parasitol. 191:108-11.

Maksimov et al. 2011. Serological survey and risk factors for *Toxoplasma gondii* in domestic ducks and

geese in Lower Saxony, Germany. Vet. Parasitol. 182, 140- 149.

Moré et al. 2012. *Toxoplasma gondii* infection in sentinel and free-range chickens from Argentina. Vet. Parasitol. 184, 116-121.

Tsanidakis et al. 2012. *Toxoplasma gondii* in sheep and goats: seroprevalence and potential risk factors in Greece. Vet. Parasitol. 190:340-8.

Pardini et al. 2012. Evaluation of an in-house TgSAG1 (P30) IgG ELISA for diagnosis of naturally acquired *Toxoplasma gondii* infection in pigs. Vet. Parasitol. 189:204-10.

Schlüter et al. 2014. Animals are key to human toxoplasmosis. Int. J. Med. Microbiol. 304: 917-29.

Stelzer et al. 2019. *Toxoplasma gondii* infection and toxoplasmosis in farm animals: Risk factors and economic impact. Food and Waterborne Parasitology, <https://doi.org/10.1016/j.fawpar.2019.e00037>

Joeres et al. 2023 A ring trial to harmonize *Toxoplasma gondii* microsatellite typing: comparative analysis of results and recommendations for optimization. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 2023 Vol. 42 Issue 7 Pages 803-818

16. Tuberkulose der Rinder - Bovine Tuberculosis

Barth, S. A.

Summary

Tuberculosis (TB) in cattle caused by *Mycobacterium (M.) bovis* or *M. caprae* is a notifiable disease. Both pathogens are members of the *Mycobacterium tuberculosis* complex (MTC) which additionally consists of *M. tuberculosis* and *M. africanum* (tuberculosis in humans), *M. microti* (tuberculosis in mice) and *M. pinnipedii* (tuberculosis in pinnipeds). Under new EU animal health legislation, as of April 21, 2021, infections with *M. tuberculosis*, *M. bovis* or *M. caprae* (MTBC) in cattle (including genera *Bison* ssp., *Bos* ssp. and *Bubalus* ssp.) are among the "listed diseases" of category B, D and E, with the aim of eradicating them throughout the Union.

Based on the shared sequence of their 16S rDNA all members of the MTC taxonomically are very closely related. Due to this close relationship, complex molecular methods are applied to differentiate between members of the MTC. Spoligotyping, MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit/variable number of tandem repeat) typing and whole genome sequence (WGS) analysis are nowadays the most frequently used methods for molecular epidemiology of MTC members.

All members of the MTC possess zoonotic potential, since they may cause tuberculosis not only in their primary hosts but also in other mammalian species, occasionally even in pet birds (psittacids). The most important driver of disease transmission is the chronic, long lasting (weeks, months, years) subclinical course of the disease, during which unperceived excretion of the pathogen may occur. Therefore, pasteurization of milk, regular meat inspection, immunological monitoring, culling of positive animals as well as attention to clinical symptoms compatible with tuberculosis in cattle and other animal species

(companion animals, zoo animals, captive and free-ranging wild animals) are prerequisites for efficient control of zoonotic tuberculosis. In 1996, Germany was declared officially free of bovine tuberculosis (Commission decision 97/76/EC) which means that at least 99.9 % of the cattle holdings per year are TB-free and since then this status was maintained. Also under the new EU legislation and the Implementing Regulation (EU) 2021/620, Germany continues to have "disease-free" status from infections with MTBC.

Four outbreaks were reported in 2023, all of them in farms in Bavaria. Three herds were affected by strains of the species *M. caprae* and one by a strain of the species *M. bovis*.

Zusammenfassung

Die Tuberkulose der Rinder ist eine anzeigepflichtige Tierseuche, hervorgerufen durch *Mycobacterium (M.) bovis* oder *M. caprae*. Beide sind Angehörige des *M. tuberculosis*-Komplexes (MTC) und als Erreger der Rindertuberkulose in Deutschland von vergleichbarer Bedeutung. Allerdings unterscheiden sie sich in ihrer geographischen Prävalenz (Abb. 1). Dem MTC gehören außerdem auch *M. tuberculosis* und *M. africanum* (Tuberkulose des Menschen), *M. microti* (Tuberkulose der Maus) und *M. pinnipedii* (Tuberkulose der Robben) an. Mit *M. orygis* (Antilope), *M. suricattae* (Erdmännchen), *M. mungi* (Mungo) und dem Dassie bacillus (Klippschliefer) wurden in jüngerer Zeit weitere exotische Mitglieder des MTC beschrieben. Nach dem neuen Tiergesundheits-Recht der EU zählen seit dem 21. April 2021 Infektionen mit *M. tuberculosis*, *M. bovis* oder *M. caprae* (MTBC) bei Rindern (einschließlich der Gattungen *Bison* ssp., *Bos* ssp. und *Bubalus* ssp.) zu den „gelisteten Seuchen“ der Kategorie B, D und E,

mit dem Ziel diese innerhalb der gesamten Union zu tilgen.

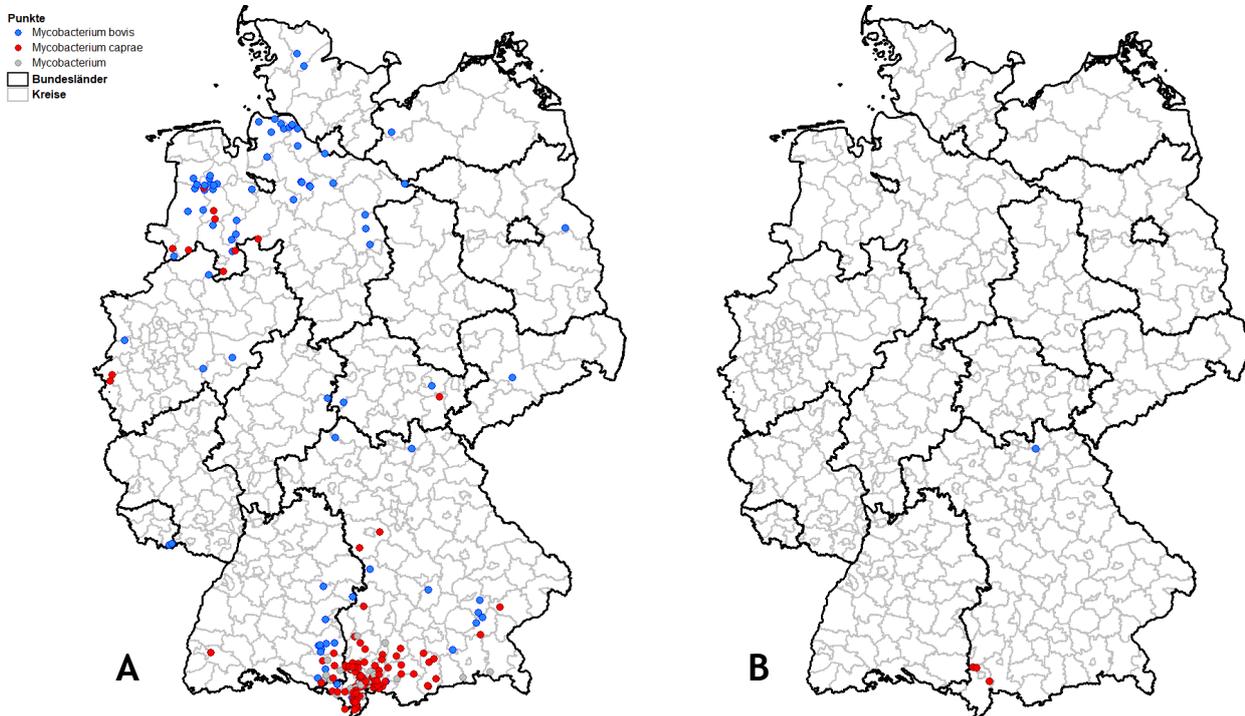


Abb. 1: Geographische Verteilung der gemeldeten Ausbrüche der Tuberkulose der Rinder (A) in den Jahren 2000 bis incl. 2023 (n=253) und (B) für das Jahr 2023 (n=4) mit weitergehender Typisierung des Erregers (TSN, Stichtag 04.11.2023 und eigene Analysen).

Durch konsequente Bekämpfung auf Basis der Tuberkulin-Reaktion wurde in Deutschland zwischen den Jahren 1952 und 1961 (West) bzw. 1959 und 1978 (Ost) der Status der amtlich anerkannten Freiheit von Tuberkulose erreicht. Nach der Vereinigung im Jahr 1990 wurde der Status am 17. Dezember 1996 durch EU-Entscheidung (Entscheidung der Kommission 97/76/EG) bestätigt. Deutschland ist auf Grund dieser Entscheidung seit dem 1. Juli 1996 amtlich anerkannt frei von Rindertuberkulose. Auch nach dem neuen EU-Recht und der Durchführungsverordnung (EU) 2021/620 hat das gesamte Hoheitsgebiet Deutschlands weiterhin den Status „seuchenfrei“ in Bezug auf Infektionen mit MTBC.

Labordiagnostische Untersuchungen

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

Neben der Rindertuberkulose werden auch Tuberkuloseverdachtsfälle bei anderen Tierarten untersucht, bei welchen immer wieder Erreger des MTC,

aber auch andere, nicht tuberkulöse Mykobakterienspezies nachgewiesen werden. Alle im NRL vorhandenen MTC-Isolate von Tieren werden einer molekulargenetischen Feintypisierung unterzogen, um die epidemiologische Nachverfolgung zu unterstützen. Im Vordergrund stehen hierbei die Spoligotypisierung, DNS-Sequenzanalysen einzelner Gene, PCR-Reaktionen (u.a. RD [region of difference]-Typisierung) und die Analyse der MIRU/VNTR (mycobacterial interspersed repetitive unit/ variable number of tandem repeat)-Sequenzen. Die Sequenzierung kompletter Genome und nachfolgende Analyse der SNPs (single nucleotide polymorphisms) im Gesamtgenom und/oder der cgMLST (*core genome multi-locus sequence typing*) zur Beantwortung molekular-epidemiologischer Fragestellungen gewinnt mehr und mehr an Bedeutung. In Ausnahmefällen werden Interferon-Gamma-Freisetzungstests (IGRA) mit Rinderblutproben, sowie Antikörpernachweise (nicht bei Proben von Rindern) durchgeführt.

Die Tabelle 1 listet das im NRL eingegangene Probenmaterial auf und die Tabelle 2 die Ergebnisse der kulturell-bakteriologischen und molekulargenetischen Untersuchungen. Außerdem wurden eine Blutprobe von einem Rind im IGRA getestet. Serologisch wurden 7 Katzen, 4 Wildschweine, 5 Lamas, 14 Mähnenrobber, 4 Seelöwen und ein Elefant auf Antikörper gegen MTC getestet. Bei einer Katze und zwei Wildschweinen war das Ergebnis nicht negativ.

Tabelle 1: Im Jahr 2023 an das NRL eingeschicktes Probenmaterial zur Untersuchung auf Tuberkulose.

Eingesandte Probenmaterialien	Anzahl
Gewebe, Kot, Spül-, Tupferproben	232
Stämme	10
Umweltproben	15
DNS-, Formalin-, Paraffinproben	359
Blut-, Serum-, Plasmaproben	44
Gesamt	660

Statistische Angaben

Zum Stichtag 03.11.2023 wurden in Deutschland 10.836.195 Rinder in 127.256 Betrieben gezählt (Statistisches Bundesamt). Im Vergleich zu den vorherigen Jahren mit 3 bis 10 Ausbrüchen blieb die Anzahl der Ausbrüche mit vier im Jahr 2023 wieder auf ähnlichem Niveau (Tabelle 3). Die Ausbrüche traten alle in Bayern auf (n=4). Als Erreger wurde in 3 Ausbrüchen die Spezies *M. caprae*, in einem Ausbruch *M. bovis* identifiziert.

Bundesweit lag der Anteil der Betriebe mit positivem Tuberkulose-Nachweis damit bei 0,003 %. Dieser Wert liegt unterhalb des gemäß Anhang IV Teil II Kapitel 2 Abschnitt 1 der Delegierte VO (EU) 2020/689 festgelegten Grenzwertes von 0,2 % und so bleibt der Status „seuchenfrei“ erhalten.

Epidemiologische Untersuchungen

Die molekulare Epidemiologie der Tuberkulose des Rindes wird mit Hilfe von Spoligotypisierung und Multi-Locus-Varianzanalysen der isolierten Erreger erfasst. Hierdurch können Infektionsketten bestätigt und Zusammenhänge zwischen scheinbar unabhängigen Ausbrüchen aufgeklärt werden. Sofern dem NRL MTC-Isolate oder Probenmaterial, aus dem MTC-Isolate angezüchtet werden können, zugeschickt werden, werden zur weiteren Analyse auch Ganzgenomsequenzierungen vorgenommen.

Aus Bayern wurde DNS von 5 *M. caprae*-Isolaten eingeschickt. Hierbei konnten 2 Rind- und 2 Rotwildisolate in Zusammenhang gebracht werden, da alle dem Subtyp Lechtal mit identischem Spoligotyp (SB0418) und MIRU-VNTR-Profil zugeordnet wurden. Ein weiteres Rotwildisolat vom Subtyp Karwendel wies den Spoligotyp SB2174 auf und grenzte sich von den vier erstgenannten Isolaten ab.

Aus dem seit 2022 laufenden Rindertuberkulose-

Ausbruch in einem Thüringer Milchviehbetrieb wurden 2022/2023 insgesamt 31 *M. bovis*-Isolate von 24 Rindern und einem Waschbären gewonnen und jeweils ein Isolat je Tier genomsequenziert. Der bei allen Isolaten nachgewiesene Spoligotyp SB0134 wurde in Deutschland erstmals bei MTC-Isolaten von Tieren detektiert. SNP- und cgWGS-Vergleichsanalysen zeigten eine hohe Homologie der Isolate (ein Cluster) und erbrachten den Nachweis, dass alle Isolate des Ausbruchs sich auf ein einzelnes Eintragsereignis zurückführen lassen. Auch das Isolat des Waschbären wurde diesem Cluster zugeordnet (*spillover event*).

Ebenfalls den Spoligotyp SB0134 wiesen drei *M. bovis*-Isolate von zwei Nasen- und einem Waschbären aus einem Zoo in Brandenburg auf. Anhand der Gesamtgenomanalysen wurde aber deutlich, dass diese Isolate keine Verwandtschaft zu den Isolaten aus Thüringen aufweisen, sondern der Eintrag unabhängig erfolgt sein muss.

Von zwei Katzen aus einem Haushalt in Nordrhein-Westfalen wurden ebenfalls *M. bovis*-Isolate analysiert. Diese wiesen beide den Spoligotyp SB0120 auf und grenzten sich von den bisher in der Datenbank des NRL vorhandenen SB0120-Isolaten deutlich ab. Da beide Tiere aus dem Ausland stammten, ist eine Infektion außerhalb Deutschlands zu vermuten.

Tabelle 2: Untersuchungsergebnisse von Probenmaterial zum kulturellen und/oder molekulargenetischen Nachweis von Mykobakterien im Jahr 2023.

Eingesandte nach Tierart	Proben	Anzahl untersuchte Proben/Tiere	Anzahl Tiere ohne Nachweis von Mykobakterien	Anzahl positive Tiere				
				MTC	<i>M. avium</i> ssp. <i>hominissuis</i>	<i>M. avium</i> ssp. <i>avium</i>	andere Mykobakterien	
Rind		44	24	1	23 ^a	-	-	-
Schwein		8	8	0	-	8	-	-
Neuweltkamele ¹		2	2	0	2 ^b	-	-	-
sonstige Artiodactyla ²		14	11	9	-	2	-	-
Geflügel/Vogel		32	20	1	-	2	6	11 ^f
Katze		19	10	4	2 ^c	3	-	1 ^g
Hund		22	7	5	-	-	1	1 ^h
Reptilien/Fische ³		6	4	2	-	-	-	2 ⁱ
Kaninchen		1	1	0	-	-	-	1 ^j
Zootiere ⁴		127	54	36	8 ^d	1	-	9 ^k
Wildtiere ⁵		22	6	2	4 ^e	-	-	-
Wildvögel ⁶		303	303	302	-	-	-	1 ^l
Umwelt ⁷		15	2	0	-	1	-	1 ^l
Gesamt		612	452	366	39	17	7	27

Tierarten: 1) Alpaka; 2) Okapi, Gnu, Antilope, Sitatunga, Nyala, Ziege; 3) Schildkröte, Schlange, Zebrafisch; 4) Elefant, Nashorn, Löwe, Tapir, Seelöwe, Robbe, Waschbär, Nasenbär, Tasmanischer Teufel, Orang-Utan, Zwergseidenäffchen; 5) Rehwild, Rotwild, Waschbär; 6) Reh, Waschbär; 7) Umweltproben (Wasser, Erde, Holzschnitzel, Torf) aus 2 Betrieben

Identifizierte Mykobakterienspezies: a) *M. bovis*, *M. caprae*; b) *M. tuberculosis*; c) *M. bovis*; d) *M. bovis*, *M. tuberculosis*-Komplex; e) *M. bovis*, *M. caprae*; f) *M. genavense*, *M. avium*-Komplex; g) *lepraemurium*; h) *conceptionense*; i) *M. chelonae*, *M. icosiumassiliensis*; j) *M. genavense*; k) *M. agri*, *M. chitae*, *M. fortuitum*, *M. mucogenicum*, *M. morioakaense*, *M. nivoides*, *M. nonchromogenicum*, *M. porcinum*; l) *M. avium*-Komplex.

Tabelle 3: Festgestellte Tuberkulose-Ausbrüche bei Rindern in den Jahren 2005 bis 2023.

MTC-Spezies	Anzahl Ausbrüche je Jahr und Erregerspezies																		
	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>M. bovis</i>	2	4	3	15	9	6	3	4	4	3	3	-	-	-	1	-	3	1	1
<i>M. caprae</i>	2	1	7	8	10	4	1	5	27	10	7	2	3	5	2	10	6	3	3
Nicht typisiert	1	1	2	-	4	1	1	20	9	-	2	-	-	1	-	-	-	-	-
Gesamt	5	5	12	23	23	11	5	24	46	13	12	2	3	6	3	10	9	4	4

TSN; Stichtag: 01. November 2024

M. tuberculosis wurde von zwei Alpakas aus einer Herde in Baden-Württemberg isoliert. Beide Isolate wiesen den Spoligotypen IT131 aus der T1-Lineage auf und unterschieden sich durch 3 SNPs.

Forschung

Das Auftreten von Mykobakterieninfektionen bei anderen Tierarten als beim Rind (kleine Haustiere, Tiere aus zoologischen Einrichtungen, Gehegewild und freilebende Wildtiere) wird wegen ihrer Bedeutung als potenzielle Infektionsquelle für den Menschen und Rinder (einschließlich der Gattungen *Bison* ssp., *Bos* ssp. und *Bubalus* ssp.) untersucht. Ein Wildtierreservoir, das sich durch Vorkommen von *M. caprae* vor allem bei Rotwild manifestiert, besteht im Allgäu und angrenzenden Gebieten der österreichischen Alpen. In anderen Regionen Deutschlands wurde *M. bovis* / *M. caprae* in der Vergangenheit bei Wildtieren nur sehr sporadisch gefunden, wohingegen Tuberkulose hervorgerufen durch *M. microti* bei karni- und omnivoren Wildtieren sowie Haustieren mit Zugang zur freien Natur und Zootieren mit Zugang zu Außengehegen nicht selten nachgewiesen werden kann.

Über Kooperation mit dem Institut für Virusdiagnostik des FLI, Insel Riems, standen aus den Jagdsaisonen 2021/2022 und 2022/2023 insgesamt 231 Seren von potentiellen Reservoirtieren für MTC (Reh-, Rot-

und Muffelwild) aus Nordrhein-Westfalen zu Verfügung. Diese wurden mit dem vom Europäischen Referenzlabor (EU-RL) für Neuwelkamele vorgegebenen ELISA auf Tuberkulose-spezifischen Antikörpern untersucht. Die Seren von 10 Tieren zeigten ein nicht negatives Ergebnis (4,3 %). Bei keinem der 10 Tiere waren aber Tuberkulose-verdächtige Veränderungen dokumentiert worden.

In Kooperation mit der Vetmeduni Wien, Österreich, wurden DNS-Extraktionen aus Lungengewebe oder Kloakentupfern von 303 Raubvögeln (u.a. Greifvögel, Falkenartige, Eulen) auf MTC-spezifische Sequenzen untersucht. In keiner Probe wurde ein positiver MTC-Nachweis geführt.

In einer von der Justus-Liebig-Universität Gießen initiierten Studie wurden Serumproben von je 20 Neuweltkamelen (Alpakas, Lamas) aus 10 Betrieben gewonnen. Neun dieser Betriebe wurden noch drei weitere Male beprobt. In keinem der Betriebe waren bei einem der Neuweltkamele Symptome feststellbar, die auf Tuberkulose hinweisen könnten. Alle 739 Seren wurden in dem vom EU-RL vorgegebenen ELISA auf das Vorhandensein von Tuberkulose-spezifischen Antikörpern untersucht. Dabei zeigte sich, dass 35 Proben (4,7 %), die sich auf alle 10 Betriebe verteilten, nicht negative Ergebnisse erzielten.

Nach Entblindung konnten die Proben 30 verschiedenen Neuweltkamelen zugeordnet werden (6,7 %). Bei der Nachuntersuchung in einem anderen TB-ELISA, wurde nur eine der 35 Proben erneut als nicht negativ befundet.

Staatliche Maßnahmen

Das 2013/2014 bundesweit durchgeführte einmalige Monitoring ergab, dass der OTF-Status auch mehr als 15 Jahre nach Beendigung der regelmäßigen und flächendeckenden Tuberkulinisierung der Rinder nicht gefährdet ist. Der seltene Fall, dass *M. tuberculosis* bei hauttestpositiven Rindern nachgewiesen bzw. vermutet wurde, führte zu einer Überarbeitung der Tuberkulose-Verordnung, die 2017 in Kraft trat und in der neben den Nachweisen von *M. bovis* und *M. caprae* auch die Nachweise von *M. tuberculosis*, *M. africanum* und *M. microti* bei Rindern berücksichtigt.

Zoonosepotential

Als Erreger der klassischen Tuberkulose besitzen alle Mitglieder des MTC zoonotisches Potenzial. Sie sind zwischen Mensch und Tier sowie zwischen einzelnen Säugetierarten, unter bestimmten Bedingungen sogar auf Vögel, übertragbar und können schwere Erkrankungen hervorrufen. Beim individu-

ellen Patienten (Mensch) lässt sich eine durch *M. bovis* oder *M. caprae* verursachte Tuberkulose nicht von einer durch *M. tuberculosis* induzierten Tuberkulose unterscheiden. Durch die Einführung der Pasteurisierung der Milch und die Tilgung der Tuberkulose in den Rinderbeständen wurde die Anzahl der Fälle boviner Tuberkulose beim Menschen bis auf ca. 1 % aller Tuberkulosefälle reduziert (Tabelle 4). Dabei handelt es sich bei in Deutschland geborenen und lebenden Personen häufig um Reaktivierungen alter Infektionen bei Menschen in höherem Lebensalter oder um Menschen mit Migrationshintergrund. Zoonotische Übertragungen sind jedoch auch heute, vor allem bei Personen mit engem Bezug zur Landwirtschaft nicht ausgeschlossen.

Weitere Infektionsquellen für den Menschen können andere Nutztiere als das Rind, kleine Haustiere (z.Bsp. Hund und Katze), Zootiere, Gehege-Wild oder Kamele darstellen, die unerkannt infiziert in engem dauerhaftem Kontakt mit dem Menschen leben. Unter ungünstigen Bedingungen ist auch eine Übertragung von Mensch zu Mensch möglich. Je nachdem, ob es sich um die klassische Tröpfchen-Infektion oder den oralen Infektionsweg handelt, kann es eher zur Lungentuberkulose oder zu einer extrapulmonalen Manifestation kommen.

Tab. 4: Nach IfSG gemeldete Fälle humaner Tuberkulose in den Jahren 2013 bis 2023

Mykobakterien Spezies	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
<i>M. bovis</i> / <i>M. caprae</i>	48	51	54	64	48	65	53	38	44	42	48
<i>M. tuberculosis</i>	3111	3096	3793	3857	3589	3651	3160	2879	2633	2550	2499
andere bzw. nicht spezifizierte Mykobakterien	1181	1376	1991	2053	1951	1799	1617	1275	1260	1466	1954
Gesamt	4340	4523	5838	5974	5588	5515	4830	4192	3937	4058	4501

Robert Koch-Institut: SurvStat@RKI 2.0, <https://survstat.rki.de>, Abfragedatum: 04.11.2024

Publikationen

- Barth SA, Menge C, Hillemann D, Lauda A, Pfleghaar S (2020) Tuberculosis in a pet ferret (*Mustela putorius furo*). Tierärztl. Praxis Kleintiere/Heimtiere. 48:50-55. doi: 10.1055/a-1069-6630
- Kohl TA, Kranzer K, Andres S, Wirth T, Niemann S, Moser I (2020) Population Structure of *Mycobacterium bovis* in Germany: a Long-Term Study Using Whole-Genome Sequencing Combined with Conventional Molecular Typing Methods. J. Clin. Microbiol. 58(11):e01573-20. doi: 10.1128/JCM. 01573-20
- Marcordes S, Lüders I, Grund L, Sliwa A, Maurer FP, Hillemann D, Möbius P, Barth SA (2021) Clinical symptoms and diagnostic methods of atypical mycobacteriosis due to *Mycobacterium avium* ssp. *hominissuis* in a group of captive Lowland tapirs (*Tapirus terrestris*). Transbound. Emerg. Dis. 68: 1305-1313. doi: 10.1111/tbed.13786
- Marcordes S, Lüders I, Grund L, Sliwa A, Kuehn-Velten WN, Hillemann D, Maurer FP, Barth SA (2021) Treatment of mycobacteriosis caused by *Mycobacterium avium* ssp. *hominissuis* in a group of captive Lowland tapirs (*Tapirus terrestris*). J. Zoo . Wildlife Med. 52(3): 939-948. doi: 10.1638/2020-0198
- Barth SA, Schulze C, Möbius P, Ochs A, Bock S, Winterhoff N (2021) *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* INMV51 infection in a red-crested turaco (*Tauraco erythrolophus*). Berl. Münch. Tierärztl. Wochenschr. 134: 1-7. doi: 10.2376/1439-0299-2020-39
- Belakehal F, Barth SA, Menge C, Mossadak HT, Malek N, Moser I (2022) Evaluation of the discriminatory power of spoligotyping and 19-loci Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit-Variable Number of Tandem Repeat analysis of *Mycobacterium bovis* strains isolated from cattle in Algeria. PLOS ONE. 17(1): e0262390. doi: 10.1371/journal.pone.0262390
- Wedlich N, Figl J, Liebler-Tenorio E, Köhler H, von Pückler K, Rissmann M, Petow S, Barth SA, Reinhold P, Ulrich R, Grode L, Kaufmann SHE, Menge C (2022) Video-endoscopy guided intrabronchial spray inoculation of *Mycobacterium bovis* in goats and comparative assessment of lung lesions by various imaging methods. Frontiers Vet. Sci. 9:877322 doi: 10.3389/fvets.2022.877322
- Witte P., M. Arvand, S. Barth, R. Diel, I. Friesen, P. Gastmeier, B. Häcker, B. Hauer, M. Kuhns, A. Nienhaus, R. Otto-Knapp, E. Richter, N. Wischnewski, R. Ziegler, T. Bauer (2023) Infektionsprävention & Hygiene bei Tuberkulose - Empfehlung des DZK. Pneumologie. 77(12): 983-1000 doi: 10.1055/a-2172-9575

17. Tularämie - Tularemia

Tomaso, H., Linde, J.

Summary

Tularemia is an infectious disease caused by *Francisella (F.) tularensis*. In Germany, mainly rodents, and hares are affected, but many animals can be infected.

The pathogen can be transmitted to humans and causes different clinical forms of the disease depending on the route of infection.

Whole-Genome-Sequencing allows high-resolution typing which allows the precise discrimination among strains. Highly similar strains are often found in local foci but may also spread over large distances. In 2023, no new genotypes were found.

Zusammenfassung

Tularämie ist eine Infektionskrankheit, die durch *Francisella (F.) tularensis* verursacht wird. In Deutschland sind vor allem Nagetiere und Hasen betroffen, es können aber auch viele andere Tiere betroffen sein.

Der Erreger kann auf den Menschen übertragen werden und verursacht je nach Infektionsweg unterschiedliche klinische Krankheitsformen.

Die Sequenzierung des gesamten Genoms ermöglicht eine hochauflösende Typisierung, die eine präzise Unterscheidung zwischen Stämmen ermöglicht. Sehr ähnliche Stämme kommen häufig in lokalen Herden vor, können sich aber auch über große Entfernungen ausbreiten. Im Jahr 2023 wurden keine neuen Genotypen gefunden.

Labordiagnostische Untersuchungen

Untersuchungen auf Tularämie werden in den Untersuchungslabors bzw. vergleichbaren Einrichtungen der Bundesländer durchgeführt. Dem NRL werden Isolate zur Bestätigung der Identifikation und weiteren Charakterisierung zugesandt. Die hierbei ver-

wendeten mikrobiologischen und molekularbiologischen Methoden sind in der amtlichen Methodensammlung und im „Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals“ der WOAH aufgeführt. Es wurden vorwiegend Materialien (DNA-Extrakte, Isolate, Organstücke, Seren) von Hasen (183) und Nagetieren (114) untersucht, dazu kamen Proben von sieben Hunden, zwei Kaninchen, zwei Aguti, einer Katze und einem Weißhandgibbon.

Statistische Angaben

Die Zahl der gemeldeten Tularämie-Fälle stieg geringfügig gegenüber dem Vorjahr. Im Jahr 2018 wurden jedoch nahezu doppelt so viele Fälle gemeldet (Tabelle 1). Die Hasenpopulation nimmt seit 2017 zu und so ist auch mit einer Zunahme an Tularämie-Fällen zu rechnen. Jährliche Schwankungen können mit den jeweiligen Witterungsbedingungen zusammenhängen. Die meisten Tularämie-Fälle wurden 2023 in den Bundesländern Nordrhein-Westfalen und Baden-Württemberg festgestellt (Abb. 1). Am häufigsten wurden Fälle im Herbst gemeldet (Tabelle 2).

Epidemiologische Untersuchungen

Alle eingesandten Isolate wurden mit Gesamt-Genom-Sequenzierung und anschließender bioinformatischer Analyse untersucht. Diese epidemiologischen Sammelfunde wurden für die Isolate der jeweiligen Einsendelabore am Anfang des Folgejahres erstellt. Es wurden nur bereits bekannte, in Deutschland endemische Genotypen gefunden.

Forschung

Im letzten Jahr war der Schwerpunkt weiterhin auf der bioinformatischen Analyse von Gesamtgenomdaten, um die molekulare Epidemiologie besser abklären zu können. Für einen Methodenvergleich wurden

Isolate mit Illumina und Oxford Nanopore Technology (ONT) Sequenzier-Instrumenten untersucht und die gewonnenen Sequenzdaten verglichen. Dabei konnte gezeigt werden, dass ONT Sequenzierungen bei *F. tularensis* eine hochauflösende Genotypisierung ermöglichen, die mit den Ergebnissen von Illumina-Läufen vergleichbar ist.

Die aus einem Weißhandgibbon gewonnene Gesamtgenomsequenz eines Isolates von *F. tularensis* in einem Zoo war eng verwandt mit früheren Sequenzen der Unterklade B.281, die aus Hasen aus Baden-Württemberg gewonnen wurden.

Literatur

Mehl C, Mätz-Rensing K, Linde J, Struve B, Ismer G, van Hümmel C, Ulrich RG, Tomaso H. Case report: tularaemia in a white-handed gibbon (*Hylobates lar*), Germany. *Int J Vet Sci Med.* 2023 Oct 24;11(1):121-125. doi: 10.1080/23144599.2023.2264084

Linde J, Brangsch H, Hölzer M, Thomas C, Elschner MC, Melzer F, Tomaso H. Comparison of Illumina and Oxford Nanopore Technology for genome analysis of *Francisella tularensis*, *Bacillus anthracis*, and *Bruceella suis*. *BMC Genomics.* 2023 May 12;24(1):258. doi: 10.1186/s12864-023-09343-z

Tabelle 1: TSN-Meldungen zur Tularämie seit 2011 (TSN; Stichtag: 18.4.2024)

Jahr	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Tularämie-Fälle	12	38	44	119	97	63	56	75	208	146	155	79	107

Tabelle 2: TSN-Meldungen zur Tularämie 2023 (TSN; Stichtag: 18.4.2024)

Name	Jan	Feb	Mär	Apr	Mai	Jun	Jul	Aug	Sep	Okt	Nov	Dez	Σ
Baden-Württemberg	1	1	2	4	2	1	4	2	4	7	7	4	39
Bayern	2	1	1	1	1	1	1				4	1	13
Hessen									1		1		2
Niedersachsen		1	1	1	1	1							5
Nordrhein-Westfalen		2	5	9	2	1		2	1	7	10	6	45
Rheinland-Pfalz					1			1		1			3
Summe	3	5	9	15	7	4	5	5	6	15	22	11	107

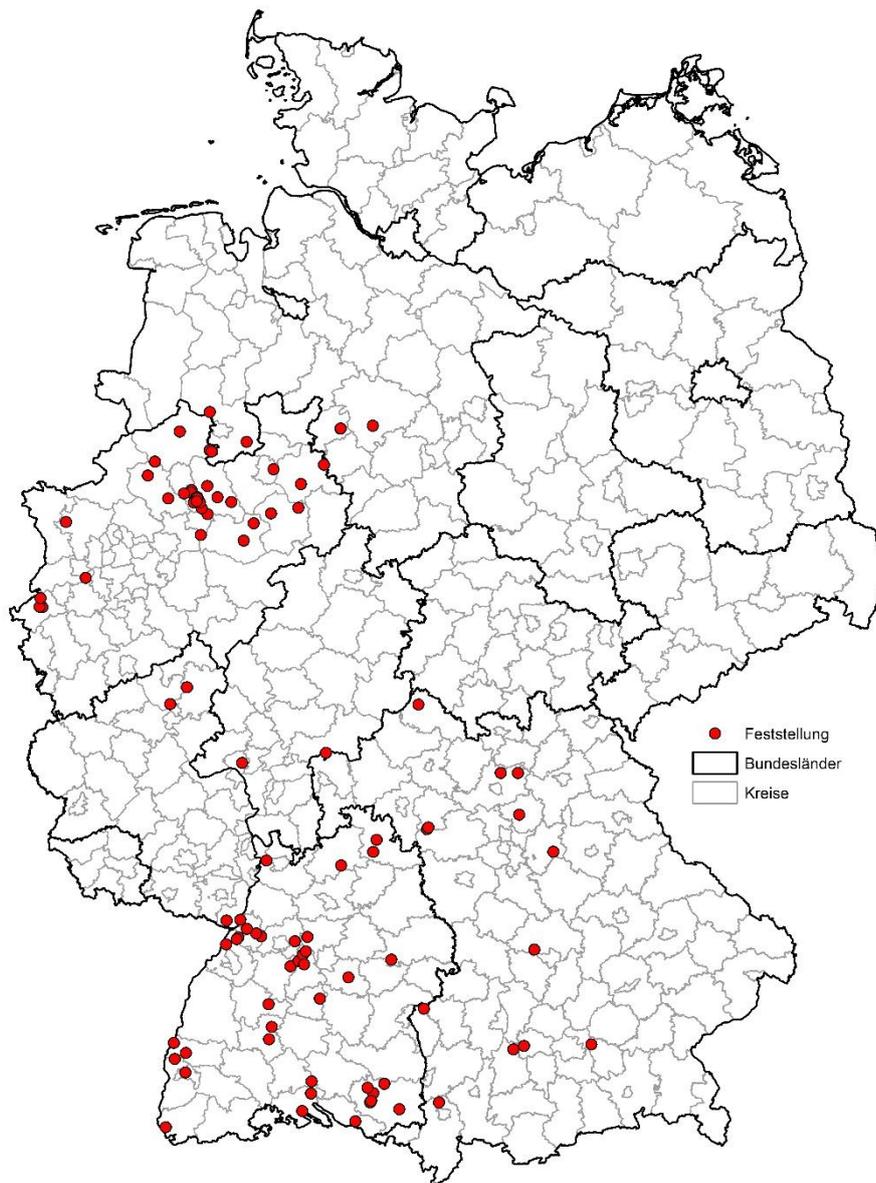


Abbildung 1: Geographische Verteilung der TSN-Meldungen zur Tularämie in 2023.

18. Usutu-Virus-Infektion - Usutu virus infection

Ziegler, U.

Summary

Usutu virus (USUV) is an arthropod-borne (arbo), single-stranded RNA virus belonging to the Japanese encephalitis virus serogroup within the family *Flaviviridae*. After the initial detection of USUV in German mosquitoes in August 2010, the virus spread in the first years and caused epizootics among wild and captive birds (mainly blackbirds) in southwestern Germany. The virus continued to extend in the following years. In 2018, there was a particularly heavy USUV outbreak among wild and zoo birds and the virus was detected nationwide for the first time. From 2019 to 2023, the outbreak intensity was significantly lower, but even here, USUV detection was nationwide. Strong USUV activity was recorded again under wild and zoo birds in 2024.

Zusammenfassung

Das Usutu-Virus (USUV) ist ein Arbo-Virus (Abkürzung für „*arthropod borne*“), mit einzelsträngiger RNA und zugehörig zur Japan-Enzephalitis-Virus-Serogruppe in der Familie der *Flaviviridae*. Nach dem erstmaligen Auftreten von USUV in einem Mückenpool in Baden-Württemberg (Weinheim) im Sommer 2010, hat sich das Virus in den ersten Jahren hauptsächlich in Südwestdeutschland unter Wildvögeln, vorrangig Amseln, weit verbreitet. In den Folgejahren breitete sich das Virus weiter aus. Im Jahr 2018 kam es zu einem besonders starken USUV-Ausbruch unter Wild- und Zoovögeln und das Virus wurde erstmals bundesweit nachgewiesen. Von 2019 bis 2023 war die Ausbruchintensität deutlich geringer, aber auch hier wurde USUV bei Vögeln bundesweit nachgewiesen. Im Jahr 2024 wurde erneut eine starke USUV-Aktivität unter den Wild- und Zoovögeln festgestellt.

Epidemiologie / Erreger

Das USUV ist eng verwandt mit dem in Südeuropa schon länger vorkommenden West-Nil-Virus (WNV) und dem im asiatischen Raum beheimateten Japan-Enzephalitis-Virus aus der Familie der *Flaviviridae*. Das USUV hat seinen Ursprung in Afrika südlich der Sahara und galt lange als ein Virus mit rein afrikanischer Bedeutung. Hauptwirte sind in der Regel Vögel, obwohl in Afrika in der Vergangenheit kein USUV-assoziiertes Vogelsterben beobachtet wurde. Seit fast 30 Jahren hat es sich inzwischen in Europa etabliert und seit über 10 Jahren ist das Virus in Deutschland präsent.

Epidemiologie / Klinische Symptomatik

In retrospektiven Studien konnte nachgewiesen werden, dass USUV außerhalb Afrikas bereits 1996 in Italien vorkam (Weissenböck et al. 2013). Jedoch markant bleibt der Eintrag des Virus 2001 nach Österreich, wo es in den nachfolgenden Jahren im Osten des Landes zu einem massiven Vogelsterben, vorrangig bei Amseln, aber auch bei anderen Vogelarten führte.

Als Hauptvektor für das Virus in Europa gilt die ornithophile *Culex*-Mücke (*Culex pipiens sp.*). Eine Vielzahl von Wildvögeln dienen als natürliche Wirte und das Virus kursiert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf.

USUV-Infektionen verlaufen bei den meisten Vögeln symptomlos, jedoch tritt bei hochempfindlichen Vogelarten wie Amseln oder Eulen (vorrangig Bartkäuzen) häufig auch eine deutliche klinische Symptomatik, vorrangig neurologisch, gefolgt von vielen Todesfällen auf.

USUV wurde bisher nur ein marginales zoonotisches Potenzial zugeschrieben, es gibt aber Berichte über vereinzelt neurologische Komplikationen (Cadar and

Simonin, 2022). In Deutschland sind bisher keine klinischen USUV-Erkrankungen beim Menschen bekannt, auch nicht bei immunsupprimierten Patienten. Jedoch wurden bei Untersuchungen von Blutspenden positive USUV-RNA Nachweise festgestellt (RKI-Epidemiologisches Bulletin 25/2020). Erstmals im Jahr 2020 wurde eine Doppelinfection mit West-Nil-Virus (WNV) und USUV bei einem Blutspender in Deutschland festgestellt (Frank et al. 2022). Weitere Auswertungen zum Vorkommen von USUV beim Menschen finden sich jährlich auf den Seiten des RKI.

Labordiagnostische Untersuchungen / Forschung

Nach dem Nachweis von USUV in Deutschland in einem Mückenpool im Jahr 2010 (Jöst et al. 2011) kam es im darauffolgenden Jahr zu einem massiven Vogelsterben im Bereich der nördlichen Oberrheinebene und in den benachbarten Gebieten der Pfalz und des Neckartales (Becker et al. 2012).

USUV breitete sich in den ersten Folgejahren besonders in Südwestdeutschland unter Wildvögeln, vorrangig Amseln, aus. Auch zahlreiche Zoovögel, vorrangig Eulenvögel in Volierenhaltung, waren betroffen (Ziegler et al. 2015).

Im Sommer/Herbst 2018 kam es zu einer besonders heftigen USUV-Epidemie unter Wild- und Zoovögeln, in bisher nie dagewesenem Ausmaß. Hierbei sind schätzungsweise mehrere zehntausende Amseln an der Infektion verendet, aber auch eine Vielzahl anderer Vögel (vorrangig Bartkäuze). Zudem wurde das USUV im Jahr 2018 erstmalig bundesweit nachgewiesen. Die genaue Datenerfassung aller an USUV verendeten Vögel (Wild- und Zoovögel) für ganz Deutschland mit bestätigter Labordiagnostik beziffert sich auf 1.183 Fälle (Quelle FLI + BNITM).

Das deutschlandweite Netzwerk zum Monitoring von Blutproben von Wild- und Zoovögeln auf das Vorkommen von verschiedenen Arboviren ergab, dass

die Prävalenz von USUV-Antikörpern in Ostdeutschland in den Jahren 2017 und 2018 sehr hoch war. Im Gegenteil dazu wurden in Norddeutschland erstmals 2018 hohe Seroprävalenzen beobachtet, die in einem engen Zusammenhang mit dem ersten Auftreten von USUV in dieser Region stehen (Michel et al. 2019). Für die Jahre 2019 bis 2022 sank die USUV Seroprävalenz deutschlandweit wieder zwischen 3 % bzw. 9 % ab (Ziegler et al. 2022, Schopf et al. 2024). Die Auswertung der Wildvogelproben der Jahre 2019 bis 2021 ergab, dass eine USUV-RNA-Zirkulation in verschiedenen Regionen Deutschlands gefunden wurde, mit einem Schwerpunkt auf die beiden USUV-Linien Europa 3 und Afrika 3 (Ziegler et al. 2022, Bergmann et al. 2023). Verstärkte Hinweise auf die Zirkulation der USUV-Linie Europa 2 wurde in Ostdeutschland festgestellt (Abbildung 1). Für das Jahr 2022 konnte eine Verbreitung dieser USUV-Linie erstmals nach Westdeutschland aufgezeigt werden (Schopf et al. 2014).

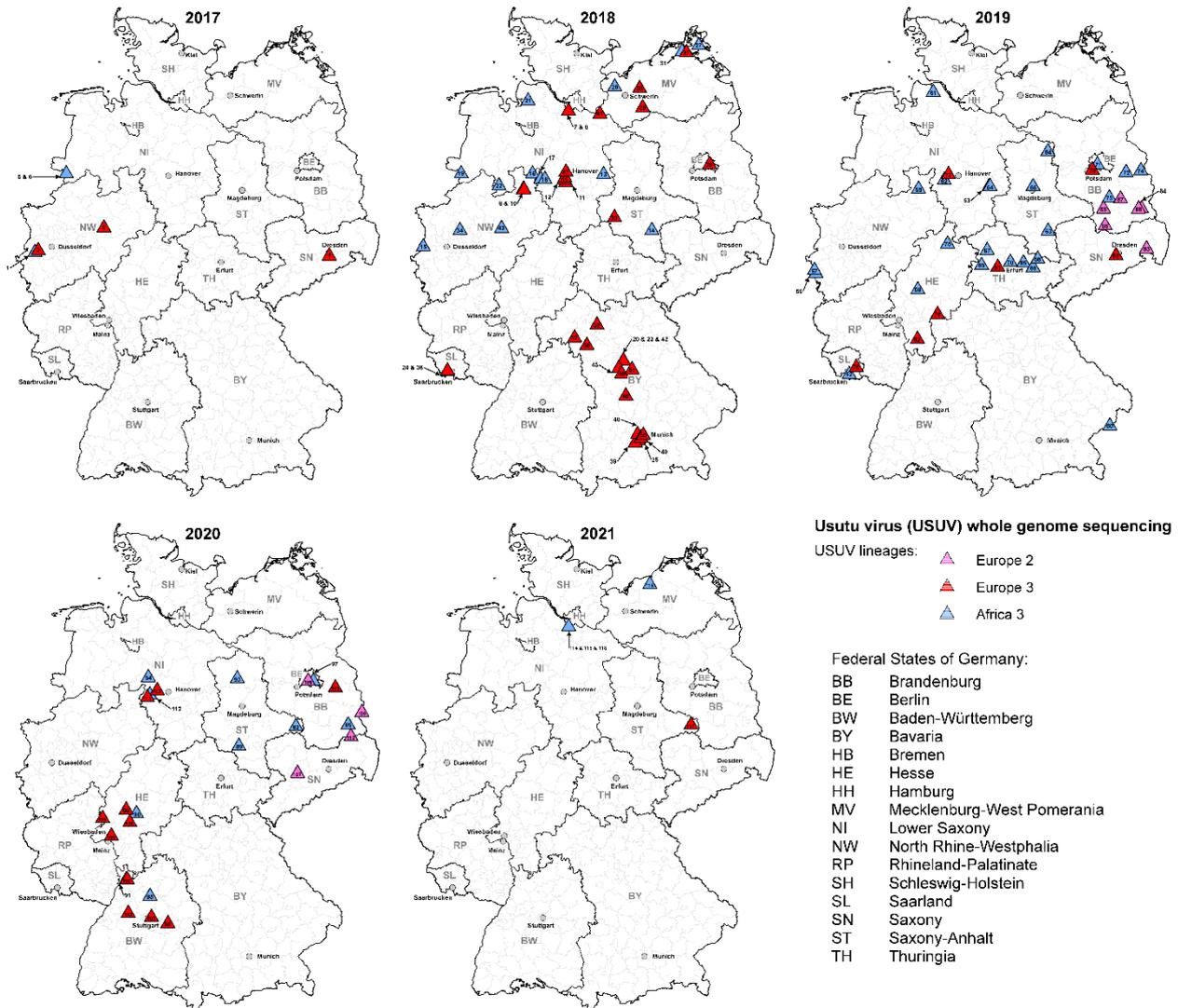


Abbildung 1: Verbreitung der verschiedenen USUV-Linien in Deutschland in den Jahren 2017 bis 2021. Die verschiedenen USUV-Linien sind als farbige Dreiecke dargestellt: rot = USUV-Linie Europa 3, blau = USUV-Linie Afrika 3 und lila = USUV-Linie Europa 2 (aus Bergmann et al. 2023).

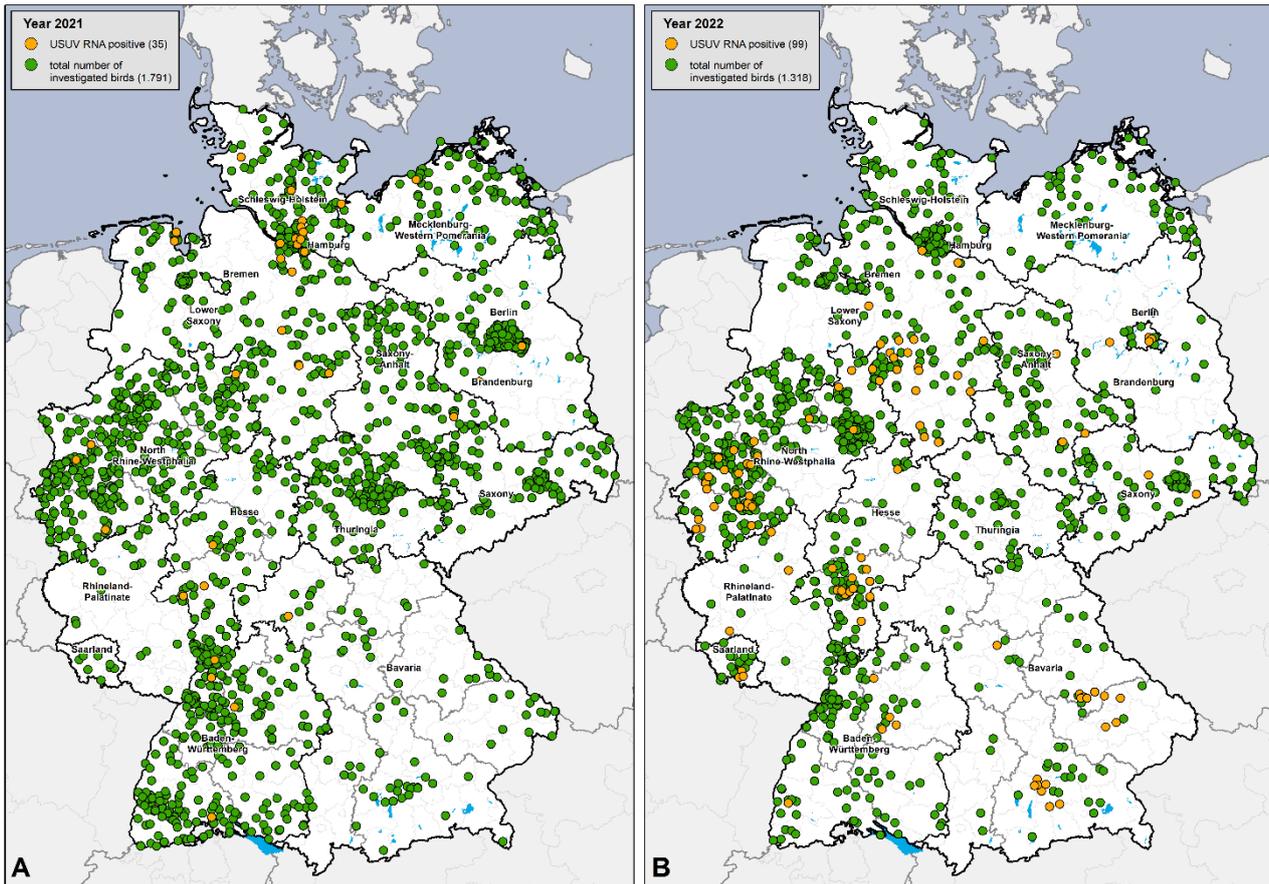


Abbildung 2: Herkunft der jährlich untersuchten Vögel aus der „Westnilfieber“ Datenbank für die Jahre 2021 (A) und 2022 (B). Die farbigen Punkte zeigen die Herkunft der Vögel an, die positiven (orange Punkte) das Vorhandensein von USUV-spezifischer RNA im Verhältnis zu den negativen Vögeln (grüne Punkte). Die Symbole wurden nach dem Zufallsprinzip innerhalb des entsprechenden Postleitzahlengbiets platziert (aus Schopf et al. 2024)

Besonders wichtige Hinweise zur jährlichen USUV-Verteilung in Deutschland bietet die Datenauswertung aus der im Jahr 2019 eingeführten „Westnilfieber Datenbank“ des FLI (<https://westnilfieber.fli.de>), zum Zweck der Erfassung aller bundesweit untersuchten Vögel bezüglich USUV und WNV und deren geografischen Herkunft. Hierzu konnten jetzt für die Jahre 2021 und 2022 die Auswertungen abgeschlossen werden und eine Übersichtskarte wurde dazu kürzlich publiziert (Abbildung 2 bzw. in Suppl. Material von Schopf et al. 2024).

Wir bitten weiterhin alle Untersuchungseinrichtungen um eine zeitnahe Dateneinspeisung der neuen Ergebnisse aus den Jahren 2023 / 2024 und aller fol-

genden Jahre (wünschenswert vierteljährlich), damit auch weiterhin das Ausbruchsgeschehen von USUV jährlich verfolgt werden kann.

Ausblick

Gemeinsam mit vielen Kooperationspartnern der Avifauna führt das FLI umfangreiche Überwachungsstudien an Wildvögeln durch, um die Ausbreitung bekannter Arboviren und ein erstmaliges Auftreten anderer Arboviren rechtzeitig aufzudecken. Seit dem Jahr 2018 wurden die Standorte zur Sammlung von Wildvogelblutproben deutlich ausgeweitet und ein sog. deutschlandweites Wildvogelnetzwerk im Rahmen eines DZIF-Projektes systematisch ausgebaut. Weiterhin wurden in den letzten Jahren auch

die systematische jährliche Untersuchung von Zoovögeln in dieses Netzwerk eingebunden.

Die gleichzeitige Zirkulation von verschiedenen USUV-Linien in einer Region birgt die Gefahr einer Beschleunigung der Veränderungen innerhalb der Usutu-Viren. Deshalb kann der weitere Verlauf und das USUV-Geschehen unter den Vögeln nicht vorhergesagt werden, die Verbreitung und die Zirkulation der USUV-Linien soll aber auch zukünftig mit dem deutschlandweiten Wild- und Zoovogelnetzwerk und in Kombination mit der „Westnilfieber Datenbank“ überwacht werden.

Eine starkes Vorkommen von USUV unter den Wild- und Zoovögeln und deren wiederum fast deutschlandweite Verbreitung zeigen die ersten Untersuchungen für das Jahr 2024 auf.

Literatur

Becker N, Jöst H, Ziegler U, Eiden M, Höper D, Emmerich P, Fichet-Calvet E, Ehichioya DU, Czajka C, Gabriel M, Hoffmann B, Beer M, Tenner-Racz K, Racz P, Günther S, Wink M, Bosch S, Konrad A, Pfeffer M, Groschup MH, Schmidt-Chanasit J. Epizootic emergence of Usutu virus in wild and captive birds in Germany. *PloS One* 2012; 7(2):e32604.

Bergmann F, Holicki CM, Michel F, Bock S, Scuda N, Priemer G, Kenklies S, Siempelkamp T, Skuballa J, Sauerwald C, Herms L, Muluneh A, Peters M, Hlinak A, Groschup MH, Sadeghi B, Ziegler U. Reconstruction of the molecular evolution of Usutu virus in Germany: Insights into virus emersion and circulation. *PLoS Negl Trop Dis.* 2023;17:e0011203.

Cadar D, Simonin Y. Human Usutu Virus Infections in Europe: A New Risk on Horizon? *Viruses* 2022; 15 (1). doi: 10.3390/v15010077.

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

Jöst H, Bialonski A, Maus D, Sambri V, Eiden M, Groschup MH, Günther S, Becker N, Schmidt-Chanasit J. Isolation of Usutu virus in Germany. *Am J Trop Med Hyg* 2011; 85:551-53.

Michel F, Sieg M, Fischer D, Keller M, Eiden M, Reuschel M, Schmidt V, Schwehn R, Rinder M, Urbaniak S, Müller K, Schmoock M, Lühken R, Wysocki P, Fast C, Lierz M, Korbel R, Vahlenkamp TW, Groschup MH, Ziegler U. Evidence for West Nile Virus and Usutu Virus infections in wild and resident birds in Germany, 2017 and 2018. *Viruses* 2019, 11(7), 674.

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

Schopf F, Sadeghi B, Bergmann F, Fischer D, Rahner R, Müller K, Günther A, Globig A, Keller M, Schwehn R, Guddorf V, Reuschel M, Fischer L, Krone O, Rinder M, Schütte K, Schmidt V, Heenemann K, Schwarzer A, Fast C, Sauter-Louis C, Staubach C, Lühken R, Schmidt-Chanasit J, Brandes F, Lierz M, Korbel R, Vahlenkamp TW, Groschup MH, Ziegler U. Circulation of West Nile virus and Usutu virus in birds in Germany, 2021 and 2022. *Infectious Diseases.* 2024:1-22.

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

Ziegler U, Jöst H, Müller K, Fischer D, Rinder M, Tietze DT, Danner KJ, Becker N, Skuballa J, Haman HP, Bosch S, Fast C, Eiden M, Schmidt-Chanasit J, Groschup MH. Epidemic spread of Usutu virus in southwest Germany in 2011 to 2013 and monitoring of wild birds for Usutu and West Nile viruses. *Vector Borne Zoonotic Dis* 2015; 15:481-488.

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

19. Vibrionenseuche der Rinder - Bovine genital campylobacteriosis

EL-ADAWY, H. H.

Summary

Bovine genital campylobacteriosis (BGC) is a venereal disease of cattle that is rarely diagnosed in Germany and is subject to mandatory notification. BGC characterized by infertility, early embryonic death, and abortion in cattle. The causative agent is *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis*. This bacterium must be distinguished from *C. fetus* subsp. *fetus* by suitable diagnostic methods due to its different epidemiology and clinical significance and the resulting consequences. A third subspecies, *Campylobacter fetus* subsp. *testudinum*, was described in 2014 and is mainly found in reptiles (Fitzgerald et al., 2014). In 2022, *C. fetus* subsp. *venerealis* was not reported in Germany.

Zusammenfassung

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

Im Jahr 2023 wurde *C. fetus* subsp. *venerealis* in Deutschland nicht gemeldet.

Labordiagnostische Untersuchungen

Es wurde eine Arbeitsanleitung zur Diagnostik der BGC erarbeitet, welche in der amtlichen Methodensammlung des FLI zu finden ist. Das Untersuchungsmaterial (Präputialspülproben, Vaginaltupfer etc.) muss frisch sein und nach spätestens 6 h sollte die

Kultivierung auf Skirrow-Medium oder Mueller-Hinton-Agar mit Zusatz von 10 % Schafblut begonnen werden. Die Anzucht erfolgt bei 37 °C mikroaerophil (85 % N₂, 10 % CO₂, 5 % O₂) über 5 bis 7 Tage.

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

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

Gesamtgenom-Sequenzierung mit anschließender bioinformatischer Datenanalyse ist in vielen Ländern bereits Standard bei der Isolat-basierten Feintypisierung, für Ausbruchsanalysen und zur Charakterisierung von *Campylobacter fetus*. Während Sequenzierung mittels Verfahren der zweiten Generation (next generation sequencing) etabliert ist, befinden sich Verfahren der dritten Generation in der Validierungsphase. DNS-Isolation und Erstellung von Libraries sollten nach Herstellerangaben durchgeführt werden. Die Datenanalyse beginnt mit einer Qualitätskontrolle. Dabei sollten mindestens 80 % der Basen einer Probe einen Qualitätswert (Phred

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

Entsprechend den gesetzlichen Vorgaben (TÄHAV § 12c, d), ist bei Einsatz eines Antibiotikums ein Antibiogramm des isolierten Erregers nach qualifizierter Probennahme zu erstellen.

Die Empfindlichkeitsprüfung der *Campylobacter* gegenüber antibakteriellen Wirkstoffen kann nach verschiedenen national oder international anerkannten Verfahren wie der Agardiffusion, der Bouillondilution oder mittels Epsilonometer (E) Test durchgeführt werden. Die Methoden und die Interpretationskriterien orientieren sich am Standard für antimikrobielle Empfindlichkeitstestung für Bakterien des Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI, 2018).

Statistische Angaben

Die BGC stellt eine in Deutschland nur selten auftretende Tierseuche dar. Die Zahl der Neuausbrüche dieser Tierseuche war in den letzten Jahren immer kleiner als zehn (Tab. 1). Im Jahr 2023 wurde kein Fall einer Infektion durch *C. fetus* subsp. *venerealis* gemeldet. Die Verdachtsproben erwiesen sich alle als *C. fetus* subsp. *fetus*.

Epidemiologische Untersuchungen

Die Vibrionenseuche der Rinder ist eine durch Infertilität, frühe embryonale Mortalität und Abort charakterisierte, venerische Erkrankung. Heute wird sie als bovine genitale Campylobacteriose (BGC) bezeichnet. Der Erreger der BGC ist *Campylobacter* (*C.*) *fetus* subsp. *venerealis* (enzootischer Abort). Es

ist ein Bakterium mit ausgeprägtem Tropismus für den Genitaltrakt des Rindes. Der Präputialsack klinisch gesunder Bullen ist das natürliche Reservoir für den Erreger. Abzugrenzen von der BGC sind Infektionen mit *C. fetus* subsp. *fetus*, der seinen natürlichen Standort im Intestinaltrakt von Rindern hat und gleichfalls Aborte auslösen kann. Eine dritte Subspezies stellt *C. fetus* subsp. *testudinum* dar, welche aus Menschen und Reptilien isoliert wurde (Fitzgerald et al., 2014).

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

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

In Deutschland wurde die Bovine genital campylobacteriosis (BGC) bereits in den 1920er Jahren endemisch nachgewiesen, kurz nachdem der Erreger und die Krankheit erstmals beschrieben worden waren. Es ist davon auszugehen, dass BGC in den Vorgängerstaaten Deutschlands schon lange unkontrolliert, im Kontext der damaligen politischen Gegebenheiten und der vorherrschenden Handelsstrukturen, zirkulierte, (El-Adawy et al., 2023).

Forschung

Im letzten Jahr lag der Schwerpunkt weiterhin auf der bioinformatischen Analyse von Gesamtgenomdaten. Zudem wurde die antimikrobielle Empfindlichkeit getestet, um die molekulare Epidemiologie und Antibiotikaresistenz besser abklären zu können. Eine bioinformatische Pipeline zur Genotypisierung

von *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* wurde publiziert und ist öffentlich kostenlos zugänglich.

Genomische Epidemiologie von Campylobacter fetus subsp. *venerealis* aus Deutschland

Abdel-Glil MY, Hotzel H, Tomaso H, Didelot X, Brandt C, Seyboldt C, Linde J, Schwarz S, Neubauer H, **El-Adawy H.**

Campylobacter fetus subsp. *venerealis* (Cfv) verursacht die genitale Campylobakteriose der Rinder (BGC), eine von der Weltorganisation für Tiergesundheit (WOAH) gelistete, handelsrelevante Krankheit, die durch schwerwiegende Reproduktionsverluste wie Unfruchtbarkeit, frühen Embryontod und Abort bei Rindern gekennzeichnet ist. BGC hat erhebliche wirtschaftliche Auswirkungen, die mehrere Länder dazu veranlasst haben, strenge Tilgungs- und Überwachungsmaßnahmen zur Eindämmung der Krankheit zu ergreifen. In Deutschland ist die Inzidenz von BGC-Fällen in den letzten 28 Jahren gering gewesen. Ziel dieser Studie war es, die genomische Vielfalt deutscher Cfv-Stämme, die aus verschiedenen deutschen Bundesländern isoliert wurden, zu untersuchen. In dieser Studie wurden 63 Cfv-Stämme, die zwischen 1985 und 2015 gesammelt wurden, mittels Gesamtgenomsequenzierung analysiert und mit Genomdaten von 91 internationalen Cfv-Isolaten verglichen. Die phylogenetische Analyse zeigte, dass die Cfv-Population genetisch konserviert ist und geografische Cluster aufweist. In Deutschland wurde eine phylogenetische Linie identifiziert, die alle Stämme umfasst. Diese deutsche Linie gehörte zu einer Subklade, die wahrscheinlich im neunzehnten Jahrhundert entstand und sich im Laufe der Zeit diversifizierte. Die Ergebnisse dieser Studie deuten auf eine nicht wiederkehrende grenzüberschreitende Einführung von Cfv in Deutschland hin. Die BGC-Bekämpfungsmaßnahmen in Deutschland können als erfolgreich angesehen werden, da seit 2015 keine Ausbrüche mehr gemeldet wurden.

Staatliche Maßnahmen

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

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

Literaturverzeichnis

Abdel-Glil MY, Hotzel H, Tomaso H, Didelot X, Brandt C, Seyboldt C, Linde J, Schwarz S, Neubauer H, El-Adawy H. (2023). Genomic epidemiology of *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* from Germany. *Front Vet Sci.* ;9:1069062. doi: 10.3389/fvets.2022.1069062

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

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

El-Adawy H, Hotzel H, Tomaso H, Neubauer H. (2023). The History of Bovine Genital *Campylobacteriosis* in the Face of Political Turmoil and Structural Change in Cattle Farming in Germany. *Vet Sci.* 10(12):665. doi: 10.3390/vetsci10120665. PMID: 38133216

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

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

Iraola G, Forster SC, Kumar N, Lehours P, Bekal S, García-Peña FJ, Paolicchi F, Morsella C, Hotzel H, Hsueh PR, Vidal A, Lévesque S, Yamazaki W, Balzan C, Vargas A, Piccirillo A, Chaban B, Hill JE, Betancor L, Collado L, Truyers I, Midwinter AC, Dagi HT, Mégraud F, Calleros L, Pérez R, Naya H, Lawley TD. Distinct *Campylobacter fetus* lineages adapted as livestock pathogens and human pathobionts in the intestinal microbiota. Nat Commun 2017;8:1367.

Schulze F, Bagon A, Müller W, Hotzel H. Identification of *Campylobacter fetus* subspecies by phenotypic differentiation and PCR. J Clin Microbiol 2006;44:2019-2024

Tabelle 1: Zahl der Ausbrüche der BGC in Deutschland in den Jahren 2006 - 2023 nach TSN (Stand 29.10.2024)

Jahr	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023
BGC	6	7	9	6	-	1	3	3	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-

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

Schütze, H.

Zusammenfassung

Die Virale Hämorrhagische Septikämie (VHS) und die Infektiöse Hämato-poetische Nekrose (IHN) sind rhabdovirale Erkrankungen der Salmoniden. Weltweit gelten IHN und VHS als anzeigepflichtige Seuchen. Entsprechend der Delegierten Verordnung (EU)2018/1882 der Kommission sind die IHN und VHS als Seuchen der Kategorie C+D+E gelistet. Vom „Nationalen Referenzlabor (NRL) für die VHS und IHN“ am Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) auf der Insel Riems wird jährlich ein Bericht über den Umfang und die Struktur der Aquakultur mit Angaben zur Epidemiologie, Diagnostik und Bekämpfung der VHS und IHN sowie zum Umfang und zu den Ergebnissen der Laboruntersuchungen bezüglich virusbedingter Fischkrankheiten erarbeitet (§ 27 Tiergesundheitsgesetz, TierGesG).

Labordiagnostische Untersuchungen

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

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

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

Die Diagnostik erfolgt prinzipiell in den von den zuständigen Behörden mit der Untersuchung von IHN und/oder VHS beauftragten Laboratorien der Bundesländer. Die Klärung fraglicher Befunde, insbesondere im Rahmen von Untersuchungen eines Betriebes mit dem bisherigen Status „anerkannt seuchenfrei“ in Bezug auf IHN und/oder VHS, erfolgt am FLI nach den gesetzlichen Vorgaben. Zur Unterstützung epidemiologischer Nachforschungen der IHN und/oder VHS werden entsprechende Virusisolate vom NRL für IHN und VHS genetisch charakterisiert.

Gemäß §27 des TierGesG organisierten die NRL für gelistete Fischseuchen im Jahr 2023 den jährlichen Ringvergleich zur Diagnostik der viralen Erreger der als Kategorie C+D+E gelisteten Krankheiten. Ziel des Ringvergleichs war u.a. die Diagnostik von IHN- und/oder VHS-Erregern auf Grundlage der Delegierten Verordnung EU EU2020/689 und der amtlichen Methodensammlung des FLI. Am nationalen Laborvergleich beteiligten sich 18 in Deutschland für die Diagnostik der IHN und VHS benannte und zugelassene Labore der Bundesländer und die NRL (3x) für gelistete Fischseuchen am FLI. Die teilnehmenden Labore wählten dabei selbst, ob der Erregernachweis mittels Zellkulturverfahren und anschließender Bestätigung durch immunhistochemische Techniken und/oder mittels Genomnachweis des Erregers durchgeführt wurde. In 14 Laboren erfolgte der Virusnachweis der IHN- und VHS-Erreger. Zehn teilnehmende Laboratorien verwendeten die Titration zur Bestimmung des Virusgehalts im Probenmaterial. Der Genomnachweis mittels RT-qPCR für IHN und VHSV erfolgte in 20 der insgesamt 21 teilnehmenden Labore.

Die Ergebnisse des 2023 vom FLI durchgeführten nationalen Laborvergleiches bestätigen, dass die Untersuchungseinrichtungen in Deutschland eine sehr gute Diagnostik etabliert haben. Alle teilnehmenden Labore identifizierten entsprechend ihrer Akkreditierung die Erreger korrekt. Die Verfahren zum Genomnachweis von IHNV und VHSV sind in allen akkreditierten Laboren erfolgreich etabliert. Unterschiede bestehen, wie in den letzten Jahren auch, bei der Bestimmung des Virusgehaltes mittels Titration und RT-qPCR (Abb. 1).

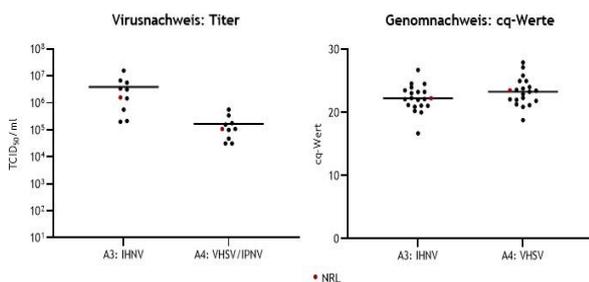


Abb. 1: Ergebnisse des Ringtests FLI_RT2023 zur Bestimmung des Virusgehaltes von IHNV und VHSV in der Probe 5 mittels Titration und RT qPCR

Im Berichtszeitraum wurden in den von den Bundesländern benannten Untersuchungseinrichtungen ca. 2.200 Proben auf das Vorhandensein von IHNV und VHSV untersucht. 168 Proben wurden positiv auf IHNV und 58 positiv auf VHSV bzw. deren Genom getestet. Der diagnostische Nachweis einer IHNV- bzw. VHSV-Infektion erfolgte in den Untersuchungsämtern vorrangig mittels RT-qPCR. Ein positives Ergebnis wurde in den meisten Fällen durch die Erregerisolierung in den regionalen Laboren und/oder RT-PCR mit anschließender Sequenzierung am NRL für IHN und VHS (FLI) bestätigt. Die Identifizierung der viralen Sequenz ist wichtig für die Ermittlung der genetischen Verwandtschaft der Erreger. Die Anzucht der Erreger in der Zellkultur ist insbesondere bei fraglichen bzw. nicht eindeutigen Ergebnissen zum viralen Genomnachweis sinnvoll.

Das NRL für IHN und VHS am FLI untersuchte im Jahr 2023 insgesamt 91 Proben von 65 Einsendungen. Die Einsendungen umfassten sowohl Proben zur Bestätigung des Verdachts auf IHN oder VHS und/oder zur genetischen Charakterisierung als auch Proben von Fällen nicht gelisteter Krankheiten.

Der Infektionsverdacht wurde bei 36 für IHNV und bei 13 für VHSV bestätigt. Das Einsendungsmaterial wird am FLI zunächst in der RT-qPCR auf das Vorhandensein von VHSV-, IHNV- und IPNV-Genom untersucht. Die positiven Ergebnisse des quantitativen Genomnachweises wurden in den meisten Fällen zusätzlich durch die Amplifizierung viraler Genombereiche in der RT-PCR und anschließender Sequenzierung bestätigt.

Es ist anzumerken, dass sich mit der Einführung von Genomnachweisverfahren (RT-qPCR) die Sensitivität bei der Befundung von IHN und VHS gegenüber anderen Nachweisverfahren erhöht hat. Die RT-qPCR ist im Vergleich zu anderen diagnostischen Methoden, wie z.B. der Erregerisolierung in Zellkultur eine sehr schnelle und vor allem sensitive Methode, mit der eindeutig das Genom der Erreger der IHN und/oder VHS detektiert wird. D.h., es werden auch sehr wenige virale Genomkopien detektiert.

Eine Befundbestätigung des positiven Genomnachweises mittels RT-qPCR erfolgte am FLI durch Sequenzierung eines Genombereiches, der für das Nukleoprotein-Gen (N-Gen) kodiert. Diese Analyse ermöglicht zum einen die Zuordnung des Erregers in die entsprechende Genogruppe und zum anderen auch die Identifizierung von Mutationen im N-Gen Bereich, um die diagnostische RT-qPCR zeitnah entsprechend diesen Veränderungen anzupassen. Bei hoher Viruslast, d.h., bei niedrigen cq-Werten in der RT-qPCR sowie nach Isolierung der Erreger in Zellkultur ist eine detaillierte genetische Charakterisierung der Erreger basierend auf dem Glykoprotein-Gen (G-Gen) möglich.

Statistische Angaben

Die Daten für diesen Bericht werden entsprechend §4 des TierGesG von den für das Veterinärwesen zuständigen obersten Landesbehörden der Bundesländer (Daten aus den Untersuchungslaboren und von den Fischgesundheitsdiensten) zugearbeitet und aus dem TierSeuchenNachrichten-System (TSN, 2) der Bundesrepublik Deutschland (FLI, Institut für Epidemiologie) entnommen. Vom Referenzlabor der EU in Lyngby, Dänemark, werden bei den jährlich stattfindenden Beratungen die Berichte der Mitgliedsstaaten veröffentlicht und ausgewertet. Im Folgenden wird auf das übermittelte Datenmaterial dieser Quellen sowie Erhebungen des statistischen Bundesamtes ⁽¹⁾ zurückgegriffen.

Im Jahr 2023 wurden ca. 35.184 Tonnen (t) Aquakulturerzeugnisse wie Fische, Muscheln, Krebse, Kaviar und Rogen produziert (Abb. 2).

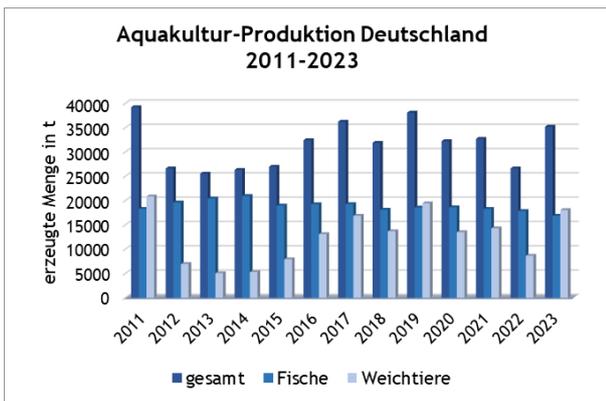


Abb. 2: Erzeugte Mengen Fisch und Muscheln aus Aquakultur von 2011 - 2023

Dies entspricht einer Steigerung von 24 % gegenüber dem Vorjahr. Während sich die Produktion von Weichtieren mehr als verdoppelte, war die Fischproduktion mit -6 % weiterhin leicht rückläufig.

Der seit 2015 beobachtete Rückgang der Fisch produzierenden Aquakulturbetriebe setzte sich auch 2023 fort (Abb. 3). Laut Statistischem Bundesamt

wurden im Jahr 2023 insgesamt 1.987 Fisch produzierende Aquakulturbetriebe des Süßwassers registriert. Dies entspricht einem weiteren Rückgang um ca. 6 % ⁽¹⁾.

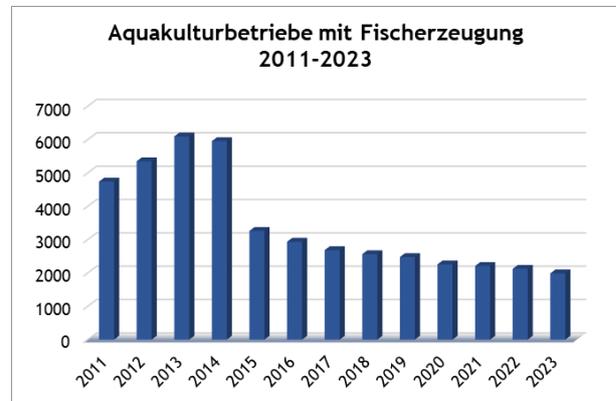


Abb. 3: Aquakulturbetriebe mit Fischerzeugung von 2011 bis 2023

Die deutsche Aquakulturlandschaft ist geprägt von kleinen bis mittleren Betrieben, die teilweise im Nebenerwerb bewirtschaftet werden. Etwa 70 % der Aquakulturbetriebe Deutschlands befinden sich nach wie vor in Bayern. Obwohl diese Betriebe insgesamt mit etwa 5.181 t ca. 31 % der Fische in Deutschland erzeugen, ist die durchschnittliche Fischerzeugung mit ca. 3 t pro Betrieb im Vergleich zum Bundesdurchschnitt am niedrigsten. Die höchste Fischproduktion je Betrieb wurde in Mecklenburg-Vorpommern mit etwa 34 t registriert. In diesem Bundesland wurden im Jahr 2023 in nur 13 Betrieben rund 453 t Fisch erzeugt.

Insgesamt wurden in Deutschland im Jahr 2023 rund 16.849 t Fisch produziert (Abb. 2). Mit 60 % (10.164 t) entfiel der größte Teil der Produktion auf Salmoniden wie Forellen und Saiblinge. Die Regenbogenforelle ist mit einer Produktionsmenge von 5.782 t nach wie vor die bedeutendste Fischart in Deutschland, gefolgt vom Karpfen mit einer Produktionsmenge von ca. 4.056 t (Abb. 4). Nach einem leichten Anstieg der Forellenproduktion im Jahr 2022 (2,8 %) ging diese im Jahr 2023 wieder um 4 % zurück. Auch

die Karpfenproduktion war rückläufig. Sie sank um 2 %. Die Bundesländer Bayern (5.181 t), Baden-Württemberg (2.804 t), Niedersachsen (2.544 t) und Sachsen (1.864 t) sind weiterhin führend in der Fischproduktion. Anhand der Datenerhebungen des Statistischen Bundesamtes sind regionale Unterschiede hinsichtlich der gehaltenen Fischarten erkennbar.



Abb. 4: Fischproduktion in Tonnen (t) in Deutschland im Jahr 2023

Karpfenwirtschaften werden vorrangig in den Bundesländern Bayern und Sachsen betrieben. Im Bundesland Bayern wurden 2023 ca. 3.240 t (-12 %) Salmoniden und 1.660 t Karpfen (+6 %) erzeugt. In Sachsen stieg die Karpfenproduktion gegenüber dem Vorjahr um 2 % (1.482 t), während die Produktion von Salmoniden um ca. 3 % (116 t) zurückging. Niedersachsen und Baden-Württemberg produzierten 1.080 bzw. 2.714 t Salmoniden (-15 bzw. -4 %) und 77 bzw. 34 t Karpfen (+7 bzw. +17 %).

Epidemiologische Untersuchungen

Erreger der IHN und VHS wurden auch 2023 nach klinischem Verdacht und teilweise im Rahmen der Überwachung klinisch gesunder Bestände nachgewiesen.

Im Berichtszeitraum wurden 19 IHN-Ausbrüche im TSN registriert (Abb. 5 und 6). Betroffen waren die

Bundesländer Baden-Württemberg (7x), Bayern (1x), Niedersachsen (1x), Nordrhein-Westfalen (2x), Rheinland-Pfalz (2x), Sachsen (2x), Sachsen-Anhalt (2x), Schleswig-Holstein (1x) und Thüringen (1x). Neun der im TSN registrierten IHN-Geschehen wurden als Primärausbruch deklariert.

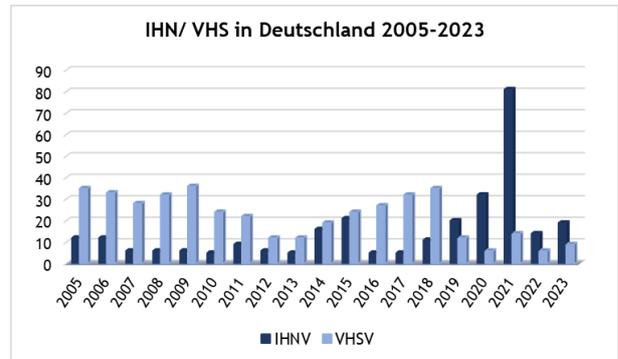


Abb. 5: Anzahl der IHN und VHS Meldungen in Deutschland von 2005 bis 2023 ⁽²⁾

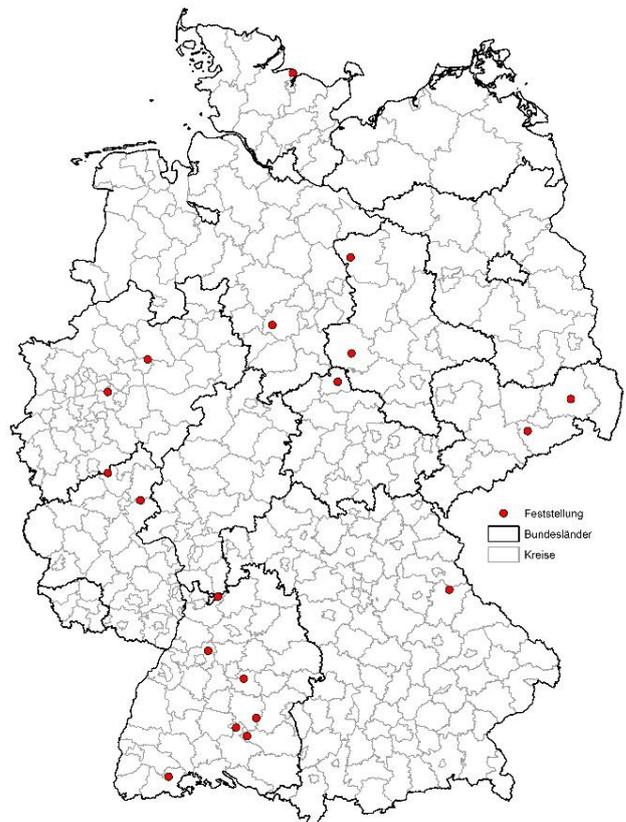


Abb. 6: Feststellung der IHN in Deutschland 2023 ⁽²⁾

Der Nachweis des Erregers der VHS hat im Berichtszeitraum zu seuchenrechtlichen Maßnahmen in neun Aquakulturbetrieben geführt (Abb. 5 und 7). Die Feststellungen erfolgten in den Bundesländern Baden-Württemberg (3x), Bayern (3x), Hessen (1x), Niedersachsen (1x) und Sachsen (1x). Fünf der im TSN registrierten VHS-Geschehen wurden als Primärausbruch deklariert.

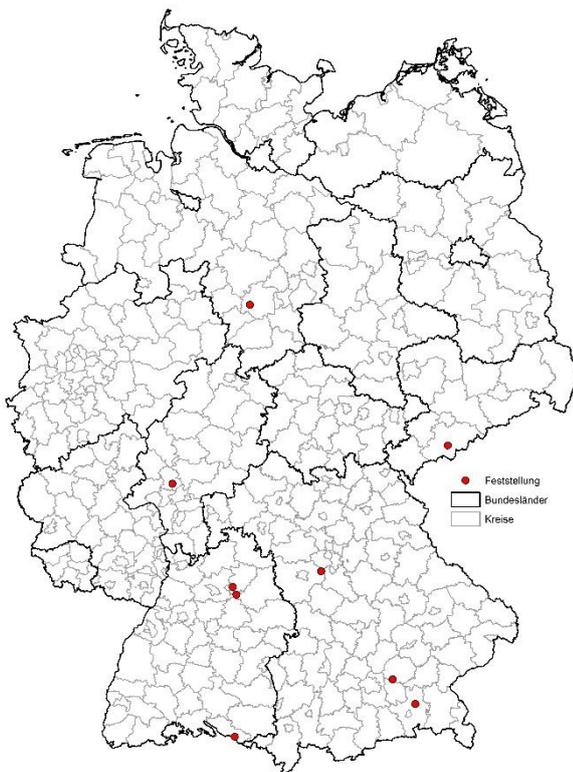


Abb. 7: Feststellung der VHS in Deutschland 2023 ⁽²⁾

Auf Grundlage der Verordnung (EU) 2016/429 wurden zur Aufklärung der IHN- bzw. VHS- Krankheitsgeschehen in den entsprechenden Bundesländern epidemiologische Nachforschungen eingeleitet. Die Untersuchungen zur Ermittlung von Verbreitungs- und Einschleppungswegen der Erreger wurden durch die genetische Charakterisierung der Isolate am FLI unterstützt. Das Interesse an diesen Analysen ist bei den Mitarbeitern der Fischgesundheitsdienste und den Behörden der Bundesländer sehr hoch. Für diese

detaillierten Analysen wird die Sequenz des vollständigen Glykoprotein-Gens (ca. 1.500 Nukleotide) der Erreger identifiziert und mit vorhandenen Daten aus der nationalen und internationalen Datenbank verglichen.

Forschung

VHSV

Von den neun im TSN registrierten VHS-Ausbrüchen im Jahr 2023 wurden Proben aus acht betroffenen Betrieben an das FLI geschickt. Der Nachweis von VHSV-Genom im eingesandten Probenmaterial wurde bestätigt.

Die 2023 in Deutschland nachgewiesenen VHS-Erreger sind der europäischen Sub-Genogruppe Ia zuzuordnen.

Die 2023 in Bayern (TSN-SO 23-801-00008, 23-801-00009) und Baden-Württemberg (TSN-SO 23-801-00001, 23-801-00002) nachgewiesenen Erreger sind aufgrund der VHSV G-Gensequenzen phylogenetisch einer Gruppe zuzuordnen, die mit den Viren der VHS-Ausbrüche 2021 in Baden-Württemberg (TSN-SO 21-801-00003) und Niedersachsen (TSN-SO 21-00007, 21-801-00008) verwandt ist. Aufgrund der festgestellten 99,9-100%igen Homologie der Erreger innerhalb des G-Gens ist von einem epidemiologischen Zusammenhang zwischen den jeweiligen VHS-Ausbrüchen in Baden-Württemberg (TSN-SO 23-801-00001 und 23-801-00002) und Bayern (TSN-SO 23-801-00008 und 23-801-00009) auszugehen.

Von den Erregern des VHS-Ausbruchs in Hessen (TSN-SO 23-801-00011) konnte nur die Nukleoprotein-Gensequenz ermittelt werden. Ein Vergleich mit allen verfügbaren Daten bestätigt eine Identität von 99,9 bis 100 % des Erregers aus Hessen mit den Erregern der aktuellen VHS-Ausbrüche in Baden-Württemberg (TSN-SO 23-801-00001 und 23-801-00002).

Der VHS-Ausbruch in Bayern mit TSN-SO 23-801-00007 wurde durch einen genetisch verwandten Erreger verursacht, der bereits in den Jahren 2014-2017 in Bayern identifiziert wurde.

In Niedersachsen (TSN-SO 23-801-00004) wurde ein VHSV nachgewiesen, das sich in 7 bis 10 Nukleotiden innerhalb des G-Gens von Erregern unterscheidet, die 2015 in Rheinland-Pfalz und Thüringen, 2016 in Niedersachsen und 2018 in Bayern identifiziert wurden.

Aufgrund der geringen Viruslast in Organmaterial von VHS-infizierten Forellen aus einer Anlage in Sachsen (TSN-SO 23-801-00010) war eine detaillierte genetische Charakterisierung des Erregers anhand des G-Gens nicht möglich. Phylogenetische Analysen mit der identifizierten N-Gensequenz zeigen eine sehr enge genetische Verwandtschaft des Erregers mit VHS-Viren, die zwischen 2012 und 2022 in Deutschland nachgewiesen wurden.

IHNV

Das FLI erhielt Probenmaterial von 12 der 19 im TSN registrierten IHN-Fälle. Sowohl Organproben als auch Virusisolate wurden zur Bestätigung der Diagnose und/oder zur genetischen Charakterisierung eingesandt.

Alle im Berichtszeitraum identifizierten IHN-Erreger sind der europäischen Genogruppe E zuzuordnen.

2023 wurden in Deutschland erneut IHN-Ausbrüche von Erregern verursacht, die seit 2021 sowohl in Deutschland als auch in Dänemark nachgewiesen wurden. Betroffen waren die Bundesländer Baden-Württemberg (TSN-SO 23-027-00002), Hessen (kein TSN-SO), Niedersachsen (TSN-SO 23-027-00001), Sachsen (TSN-SO 27-027-00003, 23-027-00010, 23-027-00019), Sachsen-Anhalt (TSN-SO 23-027-00016),

Schleswig-Holstein (TSN-SO 23-027-00019) und Thüringen (TSN-SO 23-027-00015).

Im Berichtszeitraum wurden in Baden-Württemberg in verschiedenen Anlagen (TSN-SO 21-027-00082, TSN-SO 21-027-00047 und TSN-SO unbekannt) IHN-Erreger nachgewiesen, die erstmals im Jahr 2021 im Rahmen des Monitorings und im Jahr 2022 bei Nachuntersuchungen identifiziert wurden. Es ist davon auszugehen, dass die in der Anlage (TSN-SO 21-027-00082) durchgeführten Desinfektionsmaßnahmen nicht ausreichend waren, und der Erreger über infizierte Fische in andere Anlagen (z.B. TSN-SO 21-027-00047) eingeschleppt wurde oder aus derselben Quelle wie im Jahr 2021 erneut in verschiedene Betriebe eingetragen wurde.

Eine Einschleppung des Erregers aus der Anlage in Baden-Württemberg (TSN-SO 23-027-00007) nach Rheinland-Pfalz (TSN-SO 23-027-00008) konnte aufgrund der geringen Homologie von 98,8 % der G-Gensequenzen der Erreger ausgeschlossen werden. Ein epidemiologischer Zusammenhang mit einem Betrieb in Nordrhein-Westfalen (TSN-SO 22-027-00014) ist eher anzunehmen, da die Erreger beider Betriebe identische G-Gensequenzen aufweisen.

In einer Anlage in Brandenburg (TSN-SO 22-027-00003) wurde im Berichtszeitraum erneut der gleiche Erreger wie in den Vorjahren nachgewiesen.

Der Ursprung eines in Baden-Württemberg isolierten IHN-Erregers (kein TSN-SO) ist unbekannt. Die engste genetische Verwandtschaft wurde mit einer maximalen Identität von 98,6 % zu Erregern festgestellt, die 2021 in Niedersachsen (TSN-SO 21-027-00029) bzw. zwischen 2009 und 2012 in Italien nachgewiesen wurden.

Die genaue Herkunft des bei einem VHS-Ausbruch in Bayern nachgewiesenen IHN-Erregers (TSN-SO 23-

801-00008) ist ebenfalls unbekannt. Dieses IHN-Virus unterscheidet sich in mindestens 12 Nukleotiden innerhalb des G-Gens von den 2018 und 2019 in Bayern isolierten Erregern.

Trotz strenger Vorgaben zur Seuchenbekämpfung werden immer noch Erreger der IHN und VHS durch den Handel infizierter, klinisch unauffälliger Fische verbreitet. Dank der äußerst sensitiven Untersuchungsmethoden konnten jedoch auch infizierte Bestände identifiziert werden, in denen keine Klinik zu beobachten war. Der vorliegende Bericht bestätigt erneut die Notwendigkeit einer regelmäßigen Überwachung von Aquakulturbetrieben im Rahmen der Seuchenbekämpfung. Nur durch regelmäßige Kontrollen und Probennahmen können gelistete Erkrankungen in klinisch unauffälligen Beständen rechtzeitig erkannt und eliminiert werden.

Staatliche Maßnahmen

Maßnahmen der EU zur Bekämpfung und Verhinderung der Ausbreitung von Tierseuchen wurden mit der Verordnung (EU) 2016/429 (Tiergesundheitsrecht; gültig seit 21.04.2021) einschließlich der entsprechenden Tertiärrechtsakte (Delegierte Verordnungen, Durchführungsverordnungen und Durchführungsbeschlüsse) neu festgelegt. Ziel ist es, die Gesundheit der Fische beim Inverkehrbringen von Tieren aus Aquakultur und deren Erzeugnissen zu schützen. Gemäß der Delegierten Verordnung (EU)2020/689 werden die Fischhaltungsbetriebe entsprechend ihres Gesundheitsstatus bewertet. Unterschieden wird dabei in Fischhaltungsbetriebe, die

- anerkannt seuchenfrei sind,
- einem Tilgungs-/Bekämpfungsprogramm unterliegen,
- an einem freiwilligen Überwachungsprogramm teilnehmen, sowie

- nicht anerkannt seuchenfrei sind und keinem Tilgungs- und/oder Bekämpfungsprogramm unterliegen.

Laut Umfrage des EU Referenzlabors für Fischkrankheiten waren in Deutschland im letzten Jahr insgesamt 13.453 Fischhaltungsbetriebe (einschließlich Kleinstbetriebe und Anlagen) registriert.

Die meisten Fischhaltungsbetriebe Deutschlands sind nicht anerkannt seuchenfrei und unterliegen auch keinem Tilgungs- und Bekämpfungsprogramm. Laut EU-Abfrage waren im Berichtszeitraum in Bezug auf IHN 5.793 Betriebe und auf VHS 5.818 Fischhaltungsbetriebe nicht anerkannt seuchenfrei.

Im Rahmen eines freiwilligen Überwachungsprogramms wurden 50 Betriebe im Hinblick auf die Erlangung des IHN- und/oder VHS-Freiheitsstatus untersucht. In drei Fischzuchtbetrieben wurden Programme zur Tilgung und Bekämpfung der IHN durchgeführt. Zur Bekämpfung der VHS wurden keine Programme umgesetzt.

Im Berichtszeitraum waren 133 Betriebe amtlich anerkannt frei von VHS und 117 Betriebe amtlich anerkannt frei von IHN (Abb. 8).

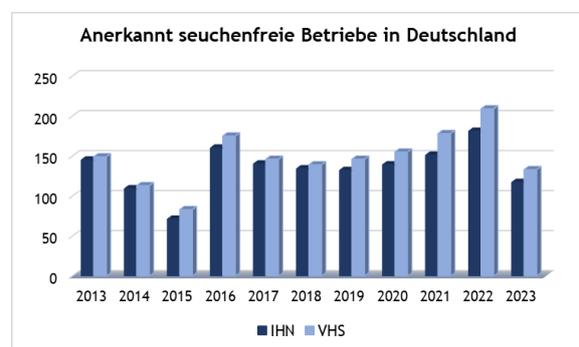


Abb. 8: Anzahl der anerkannt IHN- und VHS-freien Betriebe in Deutschland in den Jahren 2013 bis 2023 (bis 2020 Kategorie I)

In Deutschland zugelassene Schutzgebiete (Zonen und Kompartimente) mit dem Status „seuchenfrei“ nach Artikel 38 der Verordnung (EU) 2016/429

hinsichtlich der IHN und/oder VHS werden regelmäßig im TierseuchenInformationssystem (TSIS) durch das Referat „Tiergesundheit“ (Referat 322) des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft veröffentlicht.

Mit der Verordnung (EU) 2016/429 wurden die Kriterien für die Seuchenprävention und Bekämpfung neu definiert. Entsprechend der Delegierten Verordnung (EU) 2018/1882 der Kommission sind die IHN und VHS als Seuchen der Kategorie C+D+E gelistet. Arten und Artengruppen, die nach derzeitigem Kenntnisstand empfänglich für IHN und/oder VHS sind oder diese Erkrankungen übertragen können, sind in den Delegierten Verordnungen (EU) 2018/1882 und 2022/925 zuletzt geändert in der Durchführungsverordnung (EU) 2024/216 aufgeführt. Da die gelisteten Arten ein erhebliches Risiko bei der Verbreitung der Seuchen darstellen, sind geeignete Maßnahmen zur Prävention und Bekämpfung, d. h., auch im Rahmen der Diagnostik, auf diese gelisteten Arten (Empfänger und Überträger) anzuwenden. Bei amtlicher Feststellung der IHN oder VHS in einem Aquakulturbetrieb sind Maßnahmen zur Vermeidung der Verschleppung, wie Bestandssperre, Tötung seuchenkranker oder seuchenverdächtiger Fische („Stamping-out“) sowie ein Sperr- und Beobachtungsgebiet um das Seuchenobjekt festzulegen. Ursachen für Reinfektionen nach Räumung der Bestände sind u.a. eine unvollständige Erregereliminierung durch mangelhafte Desinfektion, Verbleib infizierter Fische in der Anlage, eine Übertragung durch Wildfische sowie ein Neubesatz mit nicht oder unsachgemäß untersuchten, infizierten Fischen.

Zoonosepotential

Eine Übertragung des IHNV und VHSV auf Warmblüter erscheint nicht möglich. Die Viren vermehren sich ausschließlich in Kaltwasser-Fischen. Die optimale Vermehrungstemperatur für die Erreger liegt *in vitro* bei etwa 15 °C. Eine Adaptation an höhere

Temperaturen ist nur bis etwa 25 °C erreichbar. Bei 37 °C erfolgt keine Virusvermehrung.

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

Literatur

(1) Statistisches Bundesamt (Destatis), 2022

(2) Tierseuchennachrichtensystem des FLI (TSN)

21. West-Nil-Virus-Infektion - West Nile virus infection

Ziegler, U.

Summary

West Nile virus (WNV) is a mosquito-borne viral pathogen of global importance and is considered to be the most widespread flavivirus in the world. WNV is maintained in an enzootic cycle between ornithophilic mosquitoes, mainly of the *Culex* genus, and certain wild bird species. Other bird species such as ravens, owls and raptors are highly susceptible to the infection and may develop fatal encephalitis, while other bird species only go through subclinical infection. Humans and horses are dead-end-hosts and can develop disease post infection, ranging from mild febrile illness (West Nile fever) to encephalitis with fatal outcome.

WNV was detected in Germany for the first time in 2018. Since then, it has occurred annually with varying intensity and spatially limited. Also in 2023, a certain number of infected birds and horses were detected in the known endemic areas in the eastern part of Germany. Extensive molecular phylogenetic and serological investigations have been carried out since then and the results are presented in various publications or summarized in the text below.

Zusammenfassung

Das West-Nil Virus (WNV) ist ein von Mücken übertragendes virales Pathogen mit weltweiter Bedeutung und eines der am meisten verbreiteten Flaviviren überhaupt. WNV wird hauptsächlich in einem enzootischen Zyklus zwischen ornithophilen Mücken, hauptsächlich Stechmücken der Gattung *Culex*, und bestimmten Wildvogelarten aufrechterhalten.

Einige Vogelarten wie z. B. Raben, Eulen und Greifvögel sind besonders empfänglich für eine WNV-Infektion und können bis hin zu tödlichen Enzephalitiden entwickeln, während andere Vogelarten nur subklinische Infektionen durchlaufen. Menschen und

Pferde sind sog. Fehlwirte („dead-end-hosts“) der Erkrankung und können milde fieberhafte Symptome (sog. „West-Nil-Fieber“) bis hin zu schweren Gehirnentzündungen mit tödlichem Ausgang entwickeln.

Erstmalig wurde das West-Nil-Virus im Jahr 2018 in Deutschland nachgewiesen. Seitdem ist es jährlich mit unterschiedlicher Intensität und räumlich begrenzt aufgetreten. Auch im Jahr 2023 wurde eine Vielzahl von infizierten Vögeln und Pferden in den bekannten Endemiegebieten im östlichen Teil Deutschlands detektiert. Umfangreiche molekulargenetische und serologische Untersuchungen sind seitdem erfolgt und die Ergebnisse hierzu sind in verschiedenen Publikationen dargestellt bzw. nachfolgend auszugsweise im Text erläutert.

Epidemiologie / Erreger

Den Namen erhielt das Virus nach seinem erstmaligen Isolierungsort 1937 im West-Nil-Distrikt in Uganda/Afrika. Das WNV gehört zur Familie der *Flaviviridae*, zu der auch eine große Zahl anderer für den Menschen gefährlicher Krankheitserreger zählen: z.B. Gelbfiebervirus, Denguevirus Typ 1-4, Japan-Enzephalitis-Virus, St. Louis-Enzephalitis-Virus, Frühsommer-Meningo-enzephalitis-Virus (FSME-Virus) sowie Hepatitis-C-Virus.

Das Virus wird durch blutsaugende Stechmücken übertragen, zirkuliert in einem Vogel-Stechmücken-Vogel-Kreislauf und wird somit zu den Arbo-Viren (Abkürzung für „arthropod-borne“) gezählt.

Epidemiologie / Klinische Symptomatik

Bei Vögeln bleibt eine Infektion mit WNV in den meisten Fällen symptomlos. Eine Reihe von Vogelarten ist jedoch sehr empfänglich für WNV, so dass es zu massiven Epidemien mit Todesfällen kommt.

Hierbei sind besonders Sperlingsvögel (Passeriformes), darunter vor allem die Rabenvögel (*Corvidae*), aber auch einige Greifvogelarten aus der Ordnung der Accipitri-/Falconiformes sowie verschiedene Eulenarten (Strigiformes) zu nennen.

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

Labordiagnostische Untersuchungen / Forschung

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

Nach dem Eintrag von WNV im Jahr 2018 nach Deutschland kam es zu jährlich wiederkehrenden Erkrankungsfällen bei Vögeln, Pferden und Menschen. Hauptverbreitungsgebiete sind hierbei vorrangig die östlichen Gebiete Deutschlands. Diese häufig betroffenen Regionen mit den bestätigten Nachweisen von West-Nil-Virus-Infektionen bei Vögeln und Pferden von 2018 bis 2023 sind in der Abbildung 1 auf

Landkreisebene farblich markiert dargestellt. Hotspots sind hierbei derzeit immer noch die Bundesländer Sachsen, Sachsen-Anhalt, Brandenburg und Berlin.

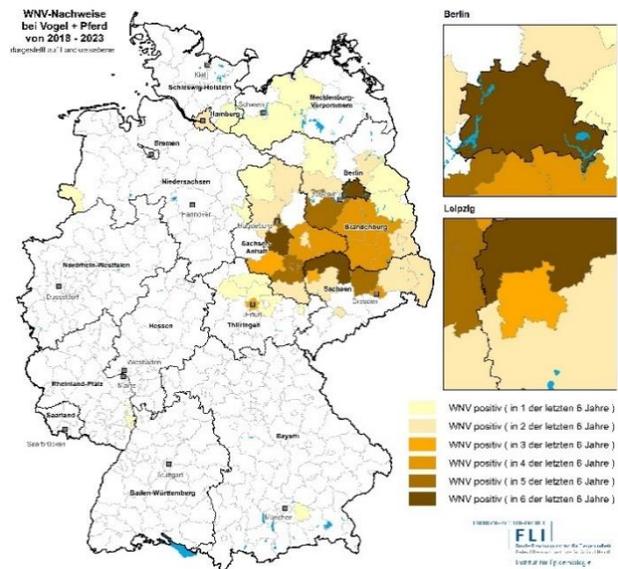


Abbildung 1: Geographische Verbreitung der WNV-Nachweise bei Vögeln und Pferden seit sechs Jahren (Jahre 2018 bis 2023), dargestellt auf Landkreisebene

Für das Jahr 2023 wurden 25 Infektionen im Vogel und 18 Infektionen im Pferd registriert. Hierbei gilt generell, dass sicherlich einige WNV-infizierte Vögel und Pferde nicht erkannt werden und die ermittelten jährlichen NRL-Fallzahlen nur die Spitze des Eisberges darstellen (Tabelle 1).

Tabelle 1: Erfasste und bestätigte WNV-Fallzahlen der Jahre 2018-2023

Jahr	2018	2019	2020	2021	2022	2023
Pferde	2	36	22	19	17	18
Wild- und Zoo-vögel	12	76	65	34	54	25

Ebenso ist es auch für die humanen Erkrankungen, die in der Mehrzahl asymptomatisch verlaufen und nur weniger als 1 % der Infizierten neurologisch auffällig werden (Daten dazu siehe RKI-Webseiten).

Im Jahr 2019 gelang es erstmals WNV in *Culex pipiens* Stechmücken im Raum Berlin nachzuweisen und kürzlich erfolgte der Beleg, dass WNV erfolgreich in adulten Stechmücken in Deutschland überwintern kann. Seitdem werden in den Hotspot-Gebieten regelmäßig WNV-infizierte Stechmücken detektiert (Rau et al. 2023).

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

Dass WNV bisher nur in den östlichen Gebieten und in Mitteldeutschland auftrat, untermauerten die ersten durchgeführten Seroprävalenzstudien in der deutschen Pferdepopulation seit dem Jahr 2018. In einer Publikation konnte belegt werden, dass in der Region Berlin/Brandenburg deutliche WNV-Seroprävalenzen zwischen 8,16 % und 13,77 % zu verzeichnen sind. Jedoch für das Vorkommen von WNV in Nordrhein-Westfalen bestand noch kein Hinweis (Bergmann et al. 2022). Die beiden anderen Studien zeigten in den untersuchten Gebieten von Mitteldeutschland im Jahr 2020 eine Seroprävalenz von 5,8 % bezüglich WNV in den untersuchten Pferden auf (Ganzenberg et al. 2022) sowie für das Jahr 2021 eine WNV-Seroprävalenz von 3,3 % (Gothe et al. 2022).

Auch das Wildvogelmonitoring der Jahre 2019 bis 2022 belegt das Vorkommen von WNV-Genom und WNV-spezifischen Antikörpern in der Standvogelpopulation in den östlichen Gebieten. Jedoch erste markante Hinweise in Standvögeln und Teilziehern

zeigen eine Ausbreitung in westlicher und südwestlicher Richtung auf, allerdings bisher nur auf serologischer Ebene ohne Virusgenomnachweise in lebenden oder toten Vögeln (Ziegler et al. 2022, Schopf et al. 2024).

Im Jahr 2023 wurde dann erstmalig WNV-RNA in einem juvenilen Zoovogel im Rhein-Pfalz-Kreis detektiert. Weiterhin wurde eine Erkrankung bei einem Pferd im Süden des Bundeslandes Schleswig-Holstein (Kreis Herzogtum-Lauenburg) festgestellt, was den erstmaligen Nachweis in diesem Bundesland bedeutet und in direkter Nachbarschaft zu den vereinzelten Erkrankungsfällen im Großraum Hamburg aus dem Vorjahr steht. In gleicher Nachbarschaft ist auch die nachgewiesene Infektion eines Pferdes im neu betroffenen Landkreis Sömmerda anzusehen, der an bereits betroffene WNV-Gebiete in Thüringen aus den Vorjahren angrenzt. Beide Tiere hatten keine Reiseanamnese (siehe dazu unter <https://www.fli.de/de/aktuelles/kurznachrichten/neues-einzelansicht/ueberblick-west-nil-virus-im-jahr-2023/>).

Erste molekularbiologische Untersuchungen der Isolate aus 2018 zeigten, dass es sich um ein WNV der Linie 2 handelte (Ziegler et al. 2019). Eine zweite detaillierte phylogenetische Studie der Isolate von 2018 und 2019 lässt erkennen, dass in Deutschland mehrere WNV-Eintragsereignisse stattfanden. Dabei dominierten in den Jahren 2018 und 2019 die Stämme einer bestimmten phylogenetischen Clade, der sog. Eastern German WNV clade (EGC) die Virusvarianten, die als einzelnes Eintragsereignis in Deutschland eingeführt wurde (Ziegler et al. 2020). Auch die phylogenetischen Analysen von 44 Vogelisolaten und zwei Pferden aus dem Jahr 2020 zeigten, dass nur ein dominantes WNV-Subcluster (entspricht der EGC) zur enzootischen Aufrechterhaltung dieses Infektionsgeschehens in Deutschland führte (Santos et al. 2023). Auch die weiterführenden Sequenzierungen der Vogelisolat

der Jahre 2021 und 2022 zeigten (Abbildung 2), dass weiterhin eine stabile enzootische Zirkulation dieses dominanten Subcluster in Deutschland stattfindet und 95 % der generierten Vollgenomsequenzen sich dort phylogenetisch eingruppierten (Schopf et al. 2024).

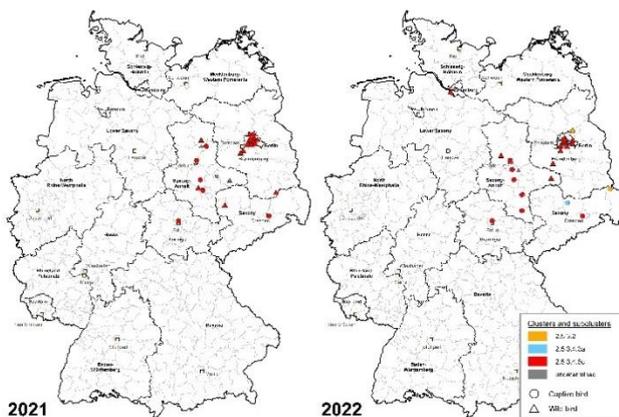


Abbildung 2: Geografische Herkunft der WNV-Sequenzen aus den Jahren 2021 und 2022. Die farbigen Symbole markieren die geografische Herkunft der WNV-Sequenzen aus den Jahren 2021 (links) und 2022 (rechts), die aus Organmaterial gewonnen wurden. Die verschiedenen Farben stehen für das entsprechende Cluster oder Subcluster der WNV-Linie 2. Das Probenmaterial stammte von Wildvögeln oder Zoovögeln (siehe Legende). Die grauen Symbole zeigen die Herkunft der WNV-RNA-positiven Vögel, die nicht sequenziert wurden (aus Schopf et al. 2024)

Bleiben die Bedingungen für das Virus weiterhin günstig - d.h. empfängliche Vögel als Reservoirwirte, einheimische Stechmücken als kompetente Vektoren und für den Vermehrungszyklus in der Mückensaison und die spätere Überwinterung günstige Temperaturen (feuchtes Frühjahr, überdurchschnittlich heiße Sommer verbunden mit warmen Wintern) sind eine Etablierung in den betroffenen Regionen und eine weitere Ausbreitung von WNV innerhalb Deutschlands in den nächsten Jahren nicht auszuschließen. Hierbei wird für die WNV-Saison im Jahr 2024 erstmals eine markante Ausbreitung von Erkrankungsfällen außerhalb der bekannten Endemiegebiete deutlich sichtbar.

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

In Europa sind derzeit drei WNV-Impfstoffe für die Anwendung beim Pferd durch die Europäische Arzneimittelagentur zugelassen. Für alle drei Impfstoffe (Tabelle 2) gilt, dass sich Pferde trotz der Impfung mit WNV infizieren können, jedoch schützen sie weitgehend vor einer klinischen Ausprägung der Infektion, verkürzen die Dauer der Virämie sehr deutlich und verringern die Viruslast während dieser Phase. Weltweit gibt es bislang keine zugelassenen Impfstoffe gegen WNV für den Menschen.

Tabelle 2: Auflistung der in Deutschland zugelassenen WNV Impfstoffe für Pferde

Handelsname	Zulassungsinhaber	lebend/ inaktiviert
Equip WNV	Zoetis	inaktiviert
Equilis West Nile	Intervet	inaktiviert
Proteq West Nile	Boehringer Ingelheim	lebend

Ausblick

Um das Risiko im Hinblick auf Infektionen beim Menschen und Tieren sowie die Verbreitung von WNV und USUV besser einschätzen zu können, wird das seit vielen Jahren am Institut für neue und neuartige Tierseuchenerreger (INNT) des FLI bestehende Wildvogel-Monitoring Projekt jährlich weitergeführt (siehe auch Abschnitt zu Usutu-Virus). In Zusammenarbeit mit verschiedenen Kooperationspartnern werden Blutproben und Tierkörper von Wild-, Volieren- und Zoovögeln auf das Vorkommen von verschiedenen Arboviren untersucht. Dieses Wildvogelnetzwerk dient auch dazu neue WNV-Hot-Spots regional und zeitlich schneller aufzuzeigen, um damit das Gefährdungspotential für den Menschen in bestimmten Gebieten zeitlich schneller und besser abschätzen zu können.

Der weitere Verlauf der WNV-Erkrankung unter den Vögeln und Pferden und der Erkrankungshäufigkeit beim Menschen in Deutschland ist derzeit nicht vorherzusagen. Die Erfahrungen mit WNV in süd- und südosteuropäischen Ländern lassen aber vermuten, dass das Virus in Deutschland jährlich auftreten und sich sehr wahrscheinlich in den nächsten Jahren weiter ausbreiten wird. Erste markante Hinweise dazu zeigt die aktuelle WNV-Saison im Jahr 2024 auf, wo erstmals eine deutliche Ausbreitung nach Westen, Südwesten und z.T. gen Norden sichtbar wurde, wobei insbesondere viele Erkrankungsfälle in

Pferden in Niedersachsen und auch Schleswig-Holstein auftraten sowie einzelne erkrankte Vögel und Pferde auch in Nordrhein-Westfalen, Baden-Württemberg, Hessen, Rheinland-Pfalz und Bayern detektiert wurden (siehe dazu unter <https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/west-nil-virus/>).

Rechtsvorschriften

Die Infektion mit dem WNV bei einem Vogel oder Pferd (ist) war eine anzeigepflichtige Tierseuche in Deutschland. Gemäß dem seit 21. April 2021 anzuwendenden EU-Tiergesundheitsrechtsaktes (Verordnung EU 2016/429) wird WNV als gelistete Seuche der Kategorie „E“ eingestuft, d.h. eine Überwachung innerhalb der EU muss erfolgen. Bisher gibt es national hierzu keine weiteren Regelungen und die bisherige Anzeigepflicht bleibt derzeit für Deutschland bestehen (Stand November 2024).

Literatur

Bergmann F, Trachsel DS, Stoeckle SD, Bernis Sierra J, Lübke S, Groschup MH, Gehlen H, Ziegler U. Seroepidemiological Survey of West Nile Virus Infections in Horses from Berlin/Brandenburg and North Rhine-Westphalia, Germany. *Viruses*. 2022;14:243.

Ganzenberg S, Sieg M, Ziegler U, Pfeffer M, Vahlenkamp TW, Hörügel U, Groschup MH, Lohmann KL. Seroprevalence and Risk Factors for Equine West Nile Virus Infections in Eastern Germany, 2020. *Viruses*. 2022;14:1191.

Gothe LMR, Ganzenberg S, Ziegler U, Obiegala A, Lohmann KL, Sieg M, Vahlenkamp TW, Groschup MH, Hörügel U, Pfeffer M. Horses as Sentinels for the Circulation of Flaviviruses in Eastern-Central Germany. *Viruses*. 2023;15:1108.

Rau J, Köchling K, Schäfer M, Tews BA, Wylezich C, Schaub GA, Werner D, Kampen H. Viral RNA in Mosquitoes (Diptera: Culicidae) Collected between 2019 and 2021 in Germany. *Viruses*. 2023;15.

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

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

Santos PD, Günther A, Keller M, Homeier-Bachmann T, Groschup MH, Beer M, Höper D, Ziegler U. An advanced sequence clustering and designation workflow reveals the enzootic maintenance of a dominant West Nile virus subclade in Germany. *Virus Evolution.* 2023;9.

Schopf F, Sadeghi B, Bergmann F, Fischer D, Rahner R, Müller K, Günther A, Globig A, Keller M, Schwehn R, Guddorf V, Reuschel M, Fischer L, Krone O, Rinder M, Schütte K, Schmidt V, Heenemann K, Schwarzer A, Fast C, Sauter-Louis C, Staubach C, Lühken R, Schmidt-Chanasit J, Brandes F, Lierz M, Korbelt R, Vahlenkamp TW, Groschup MH, Ziegler U. Circulation of West Nile virus and Usutu virus in birds in Germany, 2021 and 2022. *Infectious Diseases.* 2024;1-22.

Ziegler U, Lühken R, Keller M, Cadar D, van der Grinten E, Michel F, Albrecht K, Eiden M, Rinder M, Lachmann L, Höper D, Vina-Rodriguez A, Gaede W, Pohl A, Schmidt-Chanasit J, Groschup MH. West Nile virus epizootic in Germany, 2018. *Antiviral Res.* 2019; 162:39-43.

Ziegler U, Santos PD, Groschup MH, Hattendorf C, Eiden M, Höper D, Eisermann P, Keller M, Michel F, Klopffleisch R, Müller K, Werner D, Kampen H, Beer M, Frank C, Lachmann R, Tews BA, Wylezich C, Rinder M, Lachmann L, Grunewald T, Szentiks CA, Sieg M, Schmidt-Chanasit J, Cadar D, Lühken R. West Nile Virus Epidemic in Germany Triggered by Epizootic Emergence, 2019. *Viruses* 2020; 12.

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

Anlagen

Anschriften der Nationalen Referenzlaboratorien (NRL) und Ansprechpartner
(Stand: Dezember 2024)

Nationale Referenzlaboratorien für anzeigepflichtige Tierseuchen:

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Affenpocken	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: PD Dr. D. Hoffmann E-Mail: donata.hoffmann@fli.de
Afrikanische Pferdepest	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Afrikanische Schweinepest	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: PD Dr. S. Blome E-Mail: sandra.blome@fli.de
Amerikanische Faulbrut der Bienen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.de
Ansteckende Blutarmut der Einhufer (Infektiöse Anämie der Einhufer)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Ansteckende Blutarmut der Lachse (Infektiöse Anämie der Lachse)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. H. Schütze E-Mail: heike.schuetze@fli.de
Aujeszkysche Krankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.de
Befall mit Kleinem Bienenbeutenkäfer (Aethina tumida)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.de
Befall mit Tropilaelaps-Milbe	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Schäfer E-Mail: marc.schaefer@fli.de
Beschälseuche der Pferde	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. G. Schares Email: gereon.schares@fli.de
Blauzungkrankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Bovine Herpesvirus Typ 1-Infektion (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Prof. Dr. M. Beer E-Mail: martin.beer@fli.de
Bovine Virus Diarrhoe	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: PD Dr. K. Wernike E-Mail: kerstin.wernike@fli.de
Brucellose der Rinder, Schweine, Schafe und Ziegen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.de
Ebola Virus Infektionen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. S. Diederich E-Mail: sandra.diederich@fli.de
Enzootische Leukose der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de
Epizootische Hämatopoetische Nekrose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. H. Schütze E-Mail: heike.schuetze@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Epizootische Hämorrhagie der Hirsche	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Geflügelpest (aviäre Influenza)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.de
Infektiöse Epididymitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.de
Infektiöse Hämato-poetische Nekrose der Salmoniden	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. H. Schütze E-Mail: heike.schuetze@fli.de
Infektion mit West-Nile-Virus bei einem Vogel oder Pferd	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. U. Ziegler E-Mail: ute.ziegler@fli.de
Koi Herpesvirus-Infektion der Karpfen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. S. Woelke E-Mail: soeren.woelke@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Lumpy-skin-Krankheit (Dermatitis nodularis)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Lungenseuche der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. C. Schnee E-Mail: christiane.schnee@fli.de
Maul- und Klauenseuche	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Eschbaumer E-Mail: michael.eschbaumer@fli.de
Milzbrand	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. M. Elschner E-Mail: mandy.elschner@fli.de
Muschelkrankheiten Infektion mit <i>Bonamia exitosa</i> , Infektion mit <i>Bonamia ostreae</i> , Infektion mit <i>Marteilia refringens</i> , Infektion mit <i>Microcytos mackini</i> , Infektion mit <i>Perkinsus marinus</i>	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. S. Woelke E-Mail: soeren.woelke@fli.de
Newcastle-Krankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. C. Grund E-Mail: christian.grund@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Niedrigpathogene aviäre Influenza bei einem gehaltenen Vogel	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.de
Pest der kleinen Wiederkäuer	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Pferdeenzephalomyelitis (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Keller E-Mail: markus.keller@fli.de
Pockenseuche der Schafe und Ziegen	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Rauschbrand	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. C. Seyboldt E-Mail: christian.seyboldt@fli.de
Rifttal-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Eiden E-Mail: martin.eiden@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Rinderpest	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. B. Hoffmann E-Mail: bernd.hoffmann@fli.de
Rotz	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. M. Elschner E-Mail: mandy.elschner@fli.de
Salmonellose der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: PD Dr. U. Methner E-Mail: ulrich.methner@fli.de
Schweinepest (Klassische Schweinepest)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: PD Dr. S. Blome E-Mail: sandra.blome@fli.de
Stomatitis vesicularis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Eschbaumer E-Mail: michael.eschbaumer@fli.de
Surra	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. G. Schares Email: gereon.schares@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Taura-Syndrom (exotisch)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. S. Woelke E-Mail: soeren.woelke@fli.de
Tollwut	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. T. Müller E-Mail: thomas.mueller@fli.de
Transmissible Spongiforme Enzephalopathien (alle Formen)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. C. Fast E-Mail: christine.fast@fli.de
Trichomonadenseuche der Rinder	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. L. Sprague E-Mail: lisa.sprague@fli.de
Tuberkulose der Rinder (Mykobakterium bovis, M. caprae)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. S. Barth E-Mail: stefanie.barth@fli.de
Vesikuläre Schweinekrankheit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. M. Eschbaumer E-Mail: michael.eschbaumer@fli.de

Tierseuche	Nationales Referenzlabor
Vibrionenseuche der Rinder (bovine genitale Campylobacteriose)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. H. El-Adawy E-Mail: Hosny.ElAdawy@fli.de
Virale Hämorrhagische Septikämie der Salmoniden	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. H. Schütze E-Mail: heike.schuetze@fli.de
Weißpünktchenkrankheit der Krebstiere	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: N. N. E-Mail:
Yellowhead Disease (exotisch)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. S. Woelke E-Mail: soeren.woelke@fli.de

Nationale Referenzlaboratorien für meldepflichtige Tierkrankheiten:

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Ansteckende Equine Metritis (Contagiöse Equine Metritis)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. F. Melzer E-Mail: falk.melzer@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Bornavirus-Infektion der Säugetiere	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. D. Rubbenstroth, PhD E-Mail: dennis.rubbenstroth@fli.de
Campylobacteriose (thermophile Campylobacter)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Dr. H. El-Adawy E-Mail: Hosny.ElAdawy@fli.de
Chlamydiose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. C. Schnee E-Mail: christiane.schnee@fli.de
Echinokokkose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. P. Maksimov E-Mail: pavlo.maksimov@fli.de
Equine Virus-Arteritis-Infektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald -Insel Riems Leiterin: Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de
Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels (ILT)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald -Insel Riems Leiter: Dr. W. Fuchs E-Mail: walter.fuchs@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Maedi/Visna	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de
Niedrigpathogene aviäre Influenza der Wildvögel	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Prof. Dr. T. Harder, PhD E-Mail: timm.harder@fli.de
Paratuberkulose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. H. Köhler E-Mail: heike.koehler@fli.de
Q-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr. K. Mertens-Scholz E-Mail: katja.mertens-scholz@fli.de
SARS-CoV-2-Infektion bei Haustieren	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Dr. M. Keller E-Mail: markus.keller@fli.de
Schmallenberg Virus Infektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiterin: PD Dr. K. Wernike E-Mail: kerstin.wernike@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Toxoplasmose	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald-Insel Riems Leiter: Dr. G. Schares E-Mail: gereon.schares@fli.de
Tularämie	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: PD Dr. H. Tomaso E-Mail: herbert.tomaso@fli.de
Verotoxin-bildende Escherichia coli	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiter: Prof. Dr. C. Menge E-Mail: christian.menge@fli.de

Nationale Referenzlaboratorien für sonstige Tierkrankheiten, die weder der Anzeigepflicht noch der Meldepflicht unterliegen:

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Bunyvirale Erkrankungen (inklusive Hanta-Virus Infektion)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: PD Dr. R. Ulrich E-Mail: rainer.ulrich@fli.de
Caprine Arthritis und Enzephalitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
Japanische Enzephalitis	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.de
Krebstierkrankheiten (Crustaceen): Baculovirose, Infektiöse hypodermale und hämatopoetische Nekrose, Krebspest, Spawner-isolated mortality virus disease, Infektion mit Ranavirus	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: N. N. E-Mail:
Krim-Kongo-Hämorrhagisches-Fieber	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Prof. Dr. M. Groschup E-Mail: martin.groschup@fli.de
Muschelkrankheiten (Bivalvia): Perkinsus olseni, Xenohalitiosis californiensis, Abalone Virussterblichkeit	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiter: Dr. S. Woelke E-Mail: soeren.woelke@fli.de
Nipah- /Hendra-Virusinfektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: PD Dr. A. Balkema-Buschmann E-Mail: anne.buschmann@fli.de
Usutu-Virusinfektion	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. Ute Ziegler E-Mail: ute.ziegler@fli.de

Tierkrankheit	Nationales Referenzlabor
durch Zecken übertragene Krankheiten (ZÜK)	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Naumburger Str. 96 a 07743 Jena Leiterin: Dr.K. Mertens-Scholz E-Mail: katja.mertens-scholz@fli.de
Konsiliarlabor für Rabbit Haemorrhagic Disease (RHD)- Virus	Friedrich-Loeffler-Institut Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit Südufer 10 17493 Greifswald - Insel Riems Leiterin: Dr. P. König E-Mail: patricia.koenig@fli.de

Anlage 2: Abkürzungsverzeichnis

ABE	Ansteckende Blutarmut der Einhufer
ABEV	Virus der Ansteck. Blutarmut der Einhufer
ABL.	Amtsblatt
AD/ADV	Aujeszký's disease (virus)
ADNS	Animal Disease Notification System
AFB	Amerikanische Faulbrut
AGID (AGIDT)	Agargel-Immunodiffusionstest
AgrStatG	Agrarstatistikgesetz
AGTT	Arbeitsgruppe Tierseuchen, Tiergesundheit
AI-DB	Wildvogelmonitoring-Datenbank
AIV	Aviäres Influenza Virus
AK	Aujeszkysche Krankheit
AKV	Virus der Aujeszkyschen Krankheit
AMR	Antimikrobielle Resistenz
ASE	Agrarstrukturerhebung
ATLAS	Autonomes-Tierseuchen-Lab-on-a-Chip-System
BAnz.	Bundesanzeiger
BBLV	Bokeloh Bat Lyssavirus
BGBL.	Bundesgesetzblatt
bgC	Bovine genitale Campylobakteriose
BHV-1	Bovines Herpesvirus Typ 1
BKV	Berufskrankheiten-Verordnung
BLV	Bovines Leukosevirus
BMBF	Bundesministerium für Bildung und Forschung
BMEL	Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
BMG	Bundesministerium für Gesundheit
BmTierSSchV	Binnenmarkt-Tierseuchenschutzverordnung
BMVg	Bundesministerium der Verteidigung
BNI	Bernhard-Nocht-Institut
bp	Basenpaar
BSE	Bovine Spongiforme Encephalopathie
BTV	Bluetongue-Virus
BVL	Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit
CEM	Ansteckende Metritis des Pferdes
CFT	Complement fixation test
cp	cytopathogen
CVO	Chief Veterinary Officer

CVUA	Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt
DIB	Deutscher Imkerbund
DNA	Desoxyribonucleic acid
DOBV	Dobrava-Belgrad-Virus
DR	Direct Repeat
EAV	Equines Arteritisvirus
EBL	Enzootic Bovine Leukosis
EBLV	European Bat Lyssavirus
EHN	Epizootische Hämatopoetische Nekrose
EIA	Equine Infektiöse Anämie
EIAV	Virus der Equinen Infektiösen Anämie
ELISA	Enzyme-Linked-Immunsorbent-Assay
eRL	Enzootische Rinderleukose
EU	Europäische Union
EUROSTAT	Statistisches Amt der Europäischen Union
EUS	Epizootisches Ulzeratives Syndrom
FAO	Food and Agriculture Organization
FLI	Friedrich-Loeffler-Institut
gB	Glykoprotein B
gE	Glykoprotein E
HGA	Humane Granulozytäre Anaplasiose
HI-Tier	Herkunfts- und Identifikationssystem Tier
HPAI	Hochpathogene aviäre Influenza
HPAIV	Hochpathogenes aviäres Influenzavirus
IBT	Immunoblottingtest
IBR	Infektiöse Bovine Rhinotracheitis
IDT	Immunodiffusionstest
IfSG	Infektionsschutzgesetz
IFT	Immunfluoreszenztest
IgG	Immunglobulin G
IgM	Immunglobulin M
IHN	Infektiöse Hämatopoetische Nekrose
IHNV	Virus der Infekt. Hämatopoetischen Nekrose
iIFT	indirekter Immunfluoreszenztest
ILT	Infektiöse Laryngotracheitis des Geflügels
INDELS	Insertions- und Deletionspolymorphismen
IPNV	Virus der Infektiösen Pankreasnekrose
IS	Insertionssequenz
ISA	Ansteckende Blutarmut der Lachse

ISH	In-situ-Hybridisierung
KABS	Kommunale Aktionsgemeinschaft zur Bekämpfung der Schnakenplage e.V.)
KBR	Komplement-Bindungsreaktion
KHV	Koi-Herpesvirus
KHVD	koi herpesvirus disease
KHV-I	Koi-Herpesvirus-Infektion
LPAIV	low-pathogenic avian influenza virus
LAV	Länderarbeitsgruppe Verbraucherschutz
LZ	Landwirtschaftszählung
mAk	monoklonale Antikörper
MALDI-TOF-MS	Matrix-Assisted-Laser-Desorption/Ionization-Time-Of-Flight-Mass-Spectrometry
MAP	Mycobacterium avium ssp. paratuberculosis
MIRU	Mycobacterial interspersed repetitive unit
MLSSR	multi-locus short sequence repeat
MLST	Multi Locus Sequence Typing
MTC	M. tuberculosis-Komplex
ncp	nicht-cytopathogen
NPAI	Niedrigpathogene aviäre Influenza
NPAIV	Niedrigpathogenes aviäres Influenzavirus
NRL	Nationales Referenzlabor
NT	Neutralisationstest
OTF-status	Officially tuberculosis free status
PCR	Polymerase Chain Reaction
PrV	pseudorabies virus
PUUV	Puumalavirus
qRT-PCR	realtime quantitative PCR
rDNA	rekombinante DNA
RFLP	Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus
RKI	Robert Koch-Institut
RNA	Ribonucleic acid
RT-PCR	Reverse Transkriptase-PCR
SBV	Schmallenberg-Virus
SDV	Virus der Sleeping Disease
SFG	Spotted Fever Group Rickettsiosen
SNP	Single Nucleotide Polymorphisms
SNT	Serumneutralisationstest
SRM	Spezifiziertes Risikomaterial
SVC	Frühjahrsvirämie der Karpfen
TierSG	Tierseuchengesetz

TMF e.V.	Technologie- und Methodenplattform für die vernetzte medizinische Forschung e.V.
TSE	Transmissible Spongiforme Enzephalopathie
TSN	TierSeuchenNachrichten
TULV	Tulavirus
TW-VO	Tollwut-Verordnung
USUV	Usutu-Virus
VHS	Virale Haemorrhag. Septikämie d. Salmoniden
VHSV	Virus der Viralen Haemorrhagischen Septikämie
VNTR	variable number of tandem repeat
VO	Verordnung
WNV	West-Nil-Virus
WOAH	World Organization for Animal Health, vormalis OIE Office International des Epizooties
ZALF	Leibniz-Zentrum für Agrarlandschaftsforschung

Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit

Hauptsitz Insel Riems

Südufer 10

D-17493 Greifswald - Insel Riems

Telefon +49 (0) 38351 7-0

Telefax +49 (0) 38351 7-1219

Pressestelle

Telefon +49 (0) 38351 7-1244

Telefax +49 (0) 38351 7-1226

E-Mail: presse@fli.de