

Analyse des Influenzastatus von Hausgeflügel in Freilandhaltung unter besonderer Berücksichtigung der Infektionsgefährdung durch Wildvögel

Survey of free range poultry for Avian Influenza and risk assessment for introduction by wild birds

FKZ: 02OE464

Projektnehmer:

Friedrich-Löffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Institut für Virusdiagnostik
Boddenblick 5a, 17493 Greifswald - Insel Riems
Tel.: +49 38351 7152
Fax: +49 38351 7275
E-Mail: timh.harder@fli.bund.de
Internet: <http://www.fli.bund.de>

Autoren:

Werner, Ortrud; Globig, Anja; Starick, Elke

Gefördert vom Bundesministerium für Ernährung, Landwirtschaft und Verbraucherschutz
im Rahmen des Bundesprogramms Ökologischer Landbau (BÖL)

SCHLUSSBERICHT

Ausführende Stelle: **Bundeforschungsanstalt für
Viruskrankheiten der Tiere
Institut für Virusdiagnostik
Insel Riems**

Forschungsprojekt-Nr.: **02OE464**

Thema: **Analyse des Influenzastatus von Hausgeflügel
in Freilandhaltung unter besonderer Berücksichtigung der Infektionsgefährdung durch
Wildvögel**

Laufzeit: **01. 10. 2002 bis 29. 02. 2004**

Berichtszeitraum: **01. 10. 2002 bis 29. 03. 2004**

Zusammenarbeit mit
anderen Stellen: **keine vertraglichen Partner**

Projektleiterin: **Dr. Ortrud Werner**

INHALT

1	Ziele und Aufgabenstellung des Projektes	3
2	Material und Methoden	4
	<i>Auswahl der Geflügelbestände</i>	4
	<i>Epidemiologische Charakterisierung der Bestände</i>	5
	<i>Untersuchungsmaterial</i>	5
	<i>Virologische und Serologische Untersuchung</i>	5
3	Ergebnisse	6
	<i>Untersuchungsgut</i>	6
	<i>Epidemiologische Bewertung der untersuchten Bestände</i>	7
	<i>Ergebnisse der Laboruntersuchung</i>	7
4	Wertung der Ergebnisse und Ableitung von Vorschlägen für BMVEL	8
5	Zusammenfassung	10
6	Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen	11
7	Danksagung	11
8	Literatur	12
9	Anhang	13
	Probenbegleitschein	13
	Bewertung der Infektionsgefährdung der Geflügelbestände	14
	Tabelle 1: Direkte und indirekte Nachweise von aviärem Influenzavirus	15
	Abb. 1: Anteil verschiedener Geflügelarten am Untersuchungsgut	16
	Abb. 2: Anzahl untersuchter Bestände pro Bundesland und Anteil verschiedener Geflügelarten	16
	Abb. 3: Zeitliche Verteilung der Probennahme	17
	Abb. 4: Größe der untersuchten Bestände	17
	Abb. 5: Anteil der Tierarten an verschiedenen Bestandgrößen	18
	Abb. 6: Infektionsrisiko der untersuchten Bestände	19
	Abb. 7: Geographische Verteilung der mit Influenzavirus infizierten Bestände	20

1 Ziele und Aufgabenstellung

Das Ziel der durchgeführten Arbeiten war die Einschätzung der Infektionsgefährdung von Geflügel in Freilandhaltung durch aviäre Influenzaviren (AIV) aus der Wildvogelpopulation und der damit verbundenen Gefahr von Seuchenausbrüchen durch Geflügelpest. Das erforderte die Ermittlung der gegenwärtigen Verbreitung von Influenzaviren in Freilandgeflügel und die Auswertung unter epidemiologischen Gesichtspunkten bezüglich Kontakten zu Wildvögeln und des damit möglichen Eintrags von Tierseuchenerregern aus dem Wildreservoir.

Aus den Ergebnissen sollten Schlussfolgerungen für die Seuchenvorbeugung sowie Vorschläge für präventive Überwachungsuntersuchungen abgeleitet werden.

Wildvögel sind das natürliche Reservoir für AIV. Bei sehr vielen Arten unterschiedlicher Ordnungen wurden schon Influenzaviren nachgewiesen, am häufigsten jedoch bei wilden Wasservögeln der Ordnung Anseriformes, zu der Gänse und Enten gehören. Alle bisher bekannten Virus-Subtypen wurden bei ihnen gefunden. Virusisolierungen in verschiedenen Ländern haben gezeigt, dass 0 bis 14 % der Wasservögel infiziert sein können.

Die Influenzaviren machen die Wildvögel nicht krank, die Erreger vermehren sich jedoch und werden vor allem mit dem Kot ausgeschieden. Besonders hoch ist die Infektionsrate im Frühherbst, wenn sich die Vögel sammeln. Dabei können durch Reassortment (Vermischung des genetischen Materials) auch neue Viren entstehen. Mit dem Vogelzug werden die Erreger dann über weite Strecken verbreitet.

Durch Kontakt mit Wildvögeln kann sich auch Hausgeflügel anstecken z. B. über kotverschmutztes Wasser oder Futter, wenn Ausläufe von Wildvögeln befliegen werden.

Die in Wildvögel kursierenden Influenzaviren sind jedoch fast immer auch für Hausgeflügel nur gering pathogen und führen deshalb entweder gar nicht oder nur zu leichten Erkrankungen. Durch fortlaufende Passagen in Hausgeflügel können sich die Erreger aber anpassen, ihr pathogenes Potential erhöhen und dann Geflügelpest auslösen. Diese Potenz haben insbesondere die Viren vom Subtyp H5 oder H7. Die Gefahr wird umso größer, je mehr Tierpassagen die Erreger in kurzer Zeit durchlaufen. Diese Gelegenheit ist in großen Geflügelhaltungen besonders gegeben, wo viele empfängliche Tiere auf engem Raum, also mit direktem Kontakt untereinander, gehalten werden. Nach anfänglich leichten Erkrankungen kann es zur plötzlichen Pathogenitätssteigerung des Erregers kommen und die Geflügelpest bricht aus.

Die Verbreitung von Influenzaviren in Wildvögeln im europäischen Raum belegen die von Fouchier et al. (2003) in den Jahren 1999/2000 durchgeführte Untersuchungen an insgesamt 8500 Wildvögeln aus Nordeuropa. Bei 1,4 % der untersuchten Gänse, 2,6 % der Enten und 1,1 % der Möwen wurde AIV nachgewiesen. Die Virusisolate repräsentierten 10 verschiedene H-Subtypen, zu denen auch H5 und H7, die potentiellen Erreger der Geflügelpest, gehörten.

Seit 2001 werden auch in der BFAV in zunehmendem Umfang Wildvögel verschiedener Arten und aus verschiedenen Gegenden Deutschlands auf Influenzaviren untersucht. Bisher wurden AIV der Subtypen H2, H3, H4, H5, H7, H10, H12 und H13 isoliert. Virusträger waren vor allem Wildenten, aber auch Möwen und eine Dohle.

Eine Übertragung von AIV vom Subtyp H7 von Wildvögeln auf Hausgeflügel hat mit hoher Wahrscheinlichkeit im Jahre 2001 in Deutschland schon einmal stattgefunden.

In einem kleinen gemischten Geflügelbestand mit ganzjährigem Freilandauslauf wurde ein gering pathogenes AIV vom Subtyp H7N7 nachgewiesen. Um einer Weiterverbreitung und Pathogenitätssteigerung des Erregers vorzubeugen, wurde der Bestand prophylaktisch getötet. Die Herkunft des Virus konnte nicht ermittelt werden. Es wird vermutet, dass Wildenten, die häufig die Futterstelle im Auslauf besuchten, das Virus eingeschleppt hatten (Werner et al., 2003).

Molekularepidemiologische Untersuchungen am Geflügelpesterreger des Seuchenzuges in den Niederlanden, Belgien und Deutschland 2003 sprechen dafür, dass Wildvögel die Quelle auch für dieses Influenzavirus waren. Das H7-Gen des Seuchenvirus war weitgehend identisch mit dem Hämagglutinin eines H7N3- Virus, das in Holland im Jahr 2000 aus einer Stockente isoliert wurde und das N7-Gen stimmt überein mit der Neuraminidase eines H11N7-Virus, das 1999 in Holland aus einer Löffelente isoliert wurde. Durch genetisches Reassortment ist in der Wildvogelpopulation ein H7N7-Virus entstanden (Osterhaus et al., 2003). Nach Pluimers (2003) wurde dieses vermutlich Anfang 2003 in einen Legehennenbestand eingetragen. Bei diesem Bestand handelte es sich um eine Freiland-Auslaufhaltung, die aus mehreren Stalleinheiten bestand. Bei Seuchenausbruch Ende Februar erkrankten die Hennen einer Stalleinheit nicht und bei ihnen wurden Antikörper gegen H7 nachgewiesen. Daraus wurde die Schlussfolgerung gezogen, dass die Tiere dieser Stalleinheit das Virus von Wildvögeln übernommen haben und ohne Klinik durchseuchten. Erst nach Übergreifen der Infektion auf den nächsten Stall kam es zur sprunghaften Pathogenitätssteigerung und zum Ausbruch der Geflügelpest.

In den letzten Jahren sind die Ausbrüche von Geflügelpest weltweit häufiger geworden. Neben dem gegenwärtigen Seuchengeschehen in 9 Ländern in Südasien waren die Seuchenzüge in den letzten Jahren in Europa (Italien 1999/2000 und Niederlande/Belgien/Deutschland 2003) am verlustreichsten. In den Niederlanden hat die Seuche 30 Millionen Tiere getötet, die Bekämpfung hat 270 Millionen € gekostet und der Schaden für die Geflügelwirtschaft insgesamt wurde auf 500 – 600 Millionen € geschätzt. Trotz der zunehmenden Geflügelpestausbrüche nimmt in Deutschland aus Gründen des Tierschutzes und der artgerechten Haltung die Auslaufhaltung von Geflügel im Freien immer mehr zu.

Diese Entwicklung macht eine spezifische Untersuchung des Infektionsrisikos erforderlich. Auf dieser Basis könnten dann ein präventives diagnostisches Überwachungsprogramm und spezifische präventive Tiergesundheitsskonzepte für die neuen Haltungsformen erarbeitet werden.

2 Material und Methoden

Auswahl der Geflügelbestände

Die aktive Auswahl der zu untersuchenden Bestände bereitete Schwierigkeiten, da weder über die Veterinärbehörden der Länder noch über die Ökoverbände eine Aufstellung der Freiland-Geflügelbetriebe nach Bundesland, Tierart und Tierzahl zu erhalten war.

Auch über das Statistische Bundesamt konnten nur Daten über die Anzahl der Ökobetriebe insgesamt, nicht aber zu den Geflügelhaltungsbetrieben erhalten werden. Es gibt leider auch keinen Öko-Dachverband, sondern die Betriebe sind in verschiedenen Ökoverbänden organisiert.

Deshalb wurde ein anderer Verfahrensweg eingeschlagen: Auf einer Fachtagung über Geflügelkrankheiten wurde das Projekt vorgestellt und die anwesenden Geflügeltierärzte um Mitarbeit gebeten. Außerdem wurde ein Brief an alle Geflügeltierärzte in Deutschland verschickt, in dem die Notwendigkeit des Projekts erläutert und um Unterstützung bei der Probennahme gebeten wurde. Zahlreiche Kollegen waren zur Mitarbeit bereit. Damit konnte die Auswahl der Bestände aber vom Projektleiter nicht selbst aktiv beeinflusst werden, sondern musste den Kollegen vor Ort überlassen bleiben.

Im Bundesland Mecklenburg-Vorpommern wählte der Epidemiologische Dienst die Bestände aus und organisierte die Probennahme.

Die Tierhalter blieben im Rahmen der Untersuchung anonym, nur die Postleitzahl ging in die Auswertung ein.

Epidemiologische Charakterisierung der Bestände

Um die Infektionsgefährdung der Geflügelbestände erfassen zu können, wurde ein Probenbegleitschein entworfen, der auch Angaben zu epidemiologischen Fragen abforderte wie zur Bestandsgröße, zu Haltungsparemtern, zum Hygieneregime, zur geographischen Lage des Bestandes und zum Wildvoegeleinflug (Anlage 1). Dieser Fragebogen wurde an alle Probennehmer verschickt, von ihnen bei der Probennahme vor Ort ausgefüllt und zusammen mit dem Untersuchungsmaterial eingesandt.

Um diese Angaben zum Infektionsrisiko zu bewerten und vergleichen zu können, wurden die Risikofaktoren durch mögliche Wildvogelkontakte sowie durch das Haltungsmanagement mit Punkten bewertet und die Bestände nach einem Bewertungsschlüssel als gering, mittelstark oder hoch gefährdet eingestuft (Anlage 2).

Untersuchungsmaterial

Pro Bestand wurden in der Regel 10 Proben genommen, weil die Untersuchung von mindestens 9 Tieren bei einer angenommenen Prävalenz von 30 % im infizierten Bestand mit über 95 % statistischer Sicherheit zur Ermittlung von mindestens einem positiven Tier führt.

Von Hühnern und Puten wurden Blutproben, in wenigen Fällen auch Eier auf Antikörper untersucht. Von Enten und Gänsen wurden aus der Kloake Abstrichtupferproben entnommen und in Röhrchen mit einem speziellen Viruserhaltungsmedium verbracht (Virocult, Fa. Medical Wire & Equipment, Corsham, Wilts., England) und sofort zur Untersuchung ins Labor geschickt. Zusätzlich wurden meist auch noch 10 Blutproben entnommen.

Virologische und serologische Untersuchung

Die Tupferproben wurden im Labor aufbereitet, indem jeweils 3 bis 4 Proben aus dem gleichen Bestand gepoolt und bakterienfrei filtriert wurden. Jeder Pool wurde auf mindestens 3 vorbebrütete SPF-Hühnereier verimpft (Lohmann Tierzucht,

Cuxhaven). Die weiterbebrüteten Eier wurden 2 x täglich geschickt. Fünf Tage nach Beimpfung wurden die überlebenden Eier durch Kühlung getötet. Von allen Eiern wurde die Allantoisflüssigkeit geerntet und mittels Hämagglutination auf die Anwesenheit eines Virus geprüft. Im negativen Fall erfolgten mindestens eine weitere, bei verdächtigen Reaktionen bis zu 3 weiteren Eipassagen. Hämagglutinierende Virusisolate wurden mittels PCR differenziert (Starick et al., 2000). Die Subtypisierung erfolgte mittels Hämagglutinations-Hemmungstest (HAHT) mit monospezifischen Antiseren gegen die AIV-Subtypen H1 bis H13.

Aus den Blutproben wurde Serum oder Plasma gewonnen. Aus Eiern wurden die Antikörper isoliert, indem 1 Teil Dotter mit 3 Teilen phys. Salzlösung intensiv gemischt und nach Gefriertauen zentrifugiert wurde. Die wässrige Phase wurde wie Serum weiterverwendet.

Die Untersuchung von Hühner- und Putenseren auf Antikörper gegen Influenzavirus erfolgte mit einem kommerziell verfügbaren ELISA-Test (FlockCheck-AI-ELISA von IDEXX Laboratories). Verdächtige und positive Proben wurden mittels HAHT abgeklärt. Als Antigene dienten AIV der Subtypen H1 bis H13.

Da es für Wassergeflügel keinen ELISA gibt, wurden die Seren von Enten und Gänsen gleich mit dem HAHT auf AIV-Antikörper der Subtypen H1 bis H13 untersucht.

3 Ergebnisse

Untersuchungsgut

Im Zeitraum von Oktober 2002 bis März 2004 wurden im Rahmen des Projektes insgesamt 486 Geflügelbestände mit Freilandauslauf labordiagnostisch auf aviäre Influenza untersucht. Dabei handelt es sich um 117 Hühner-, (fast ausschließlich Legehennen), 7 Mastputen-, 143 Enten- und 205 Gänsebestände sowie 14 Rassegeflügelbestände (Hobbyhaltungen). Alle Bestände waren zur Zeit der Probennahme gesund. Die Zusammensetzung des Untersuchungsgutes nach Tierarten ist in Abb. 1 dargestellt. Es wurden alle Bundesländer in die Untersuchung einbezogen. Niedersachsen, das Bundesland mit dem höchsten Geflügelbesatz, ist mit 83 Beständen am stärksten vertreten. Abb. 2 zeigt die Verteilung nach Bundesländern und den Anteil der Tierarten pro Bundesland.

Insgesamt gingen 5274 Proben zur Untersuchung ein. Sie gliedern sich in 3318 Tupferproben (aus 359 Beständen), 1534 Serumproben (aus 166 Beständen) und 422 Eier (aus 44 Beständen). Im Mittel wurden pro Bestand 9,2 Tupfer-, 9,2 Serum- oder 9,6 Eierproben genommen. Entsprechend unserer Vorgaben wurden von Hühnern und Puten Blutproben oder Eier zur serologischen Untersuchung eingeschickt, von Wassergeflügel dagegen Kloakentupfer (Enten 97 %, Gänse 94 %) für den direkten Virusnachweis. 83 Bestände lieferten sowohl Tupfer- als auch Serumproben.

Die Probennahme und damit der Probeneingang erfolgten nicht kontinuierlich, wie aus der Abb. 3 zu ersehen ist. Das konnte vom Projektleiter kaum beeinflusst werden.

Epidemiologische Bewertung der untersuchten Bestände

Die untersuchten Bestände waren von unterschiedlicher Größe (Abb. 4). Den größten Anteil am Untersuchungsgut machten die Bestände mit einer mittleren Größe von 100 – 999 Tieren aus (31,1 %). Der Anteil sehr großer Bestände mit mehr als 10000 Tiere im Auslauf betrug 14,6 %. Bei diesen 71 sehr großen Betrieben handelte es sich vorwiegend um Legehennenhaltungen (57), aber auch 3 Enten- und 10 Gänsehaltungen waren von dieser Größe (Abb. 5). Die untersuchten Rassegeflügelbestände bzw. Hobbyhaltungen hatten meistens weniger als 10 Tiere. Auf 20 Probenbegleitscheinen war die Bestandsgröße nicht angegeben.

Von den 486 untersuchten Beständen lagen von 201 Angaben zum Wildvogeleinflug und zur Lage der Ausläufe vor, so dass eine Schätzung der Infektionsrisikos durch Wildvogelkontakte erfolgen konnte (Abb. 6 a). 21 Bestände mussten als hoch infektionsgefährdet eingestuft werden, weil des öfteren Wildenten oder andere Wildvögel im Auslauf beobachtet wurden und Gewässer in der Nähe oder in den Auslauf einbezogen waren.

Dazu gehören 5 Hühner-, 7 Enten-, 7 Gänsebestände und eine Hobbyhaltung. Die Betriebe mit Wildvogelkontakten verteilen sich gleichmäßig auf alle Bestandsgrößen. In 213 Probenbegleitscheinen waren Angaben zum Handlungsmanagement enthalten, die nach dem Punktesystem in Anlage 2, Punkt B, bewertet wurden. Die Einstufung der Bestände hinsichtlich ihres haltungsbedingten Infektionsrisikos ist in Abb. 6 b dargestellt. Als hoch gefährdet durch ungünstiges Management wurden 51 (24 %) Betriebe eingestuft. Hierbei handelte es sich vorwiegend um Wassergeflügelhaltungen kleiner und mittlerer Größe. Bei diesen befanden sich Tiere unterschiedlichen Alters und oft auch verschiedene Geflügelarten zusammen im Auslauf. Von den sehr großen Beständen mit mehr als 10 000 Tieren im Auslauf hatten 82 % ein gutes Hygieneregime und demzufolge ein sehr geringes Risiko. Nur 1 einziger Bestand dieser Größenordnung musste als hoch gefährdet eingestuft werden.

Ergebnisse der Laboruntersuchung

Insgesamt konnte aus einem Bestand ein AIV isoliert werden und in 5 Beständen wurden Antikörper gegen AIV nachgewiesen. Außerdem wurde ein Paramyxovirus (PMV) vom Serotyp 1 angezüchtet. In Tabelle 1 sind alle Ergebnisse aufgeführt und mit weiteren Angaben ergänzt.

Das isolierte AIV ist vom Subtyp H6. Auch die Antikörper in 3 der positiven Bestände sind gegen den Subtyp H6 gerichtet. Außerdem wurden Antikörper gegen 3 weitere Subtypen nachgewiesen: H3, H4 und H12. Eine Gänseherde hatte sowohl Antikörper gegen AIV H4 als auch gegen H6. Hinweise auf das Vorkommen der Subtypen H5 und H7 wurden nicht gefunden.

Alle direkten und indirekten AIV-Nachweise betreffen Wassergeflügelbestände und zwar 6 mal Gänse und 1 mal Enten. Damit waren 2,9 % der Gänsebestände und 0,7 % der Entenbestände mit Influenzavirus infiziert.

Die positiven Bestände lagen in verschiedenen Bundesländern (Abb. 7). Zwischen den 3 Beständen mit H6-Nachweis aus Schleswig-Holstein scheint ein epidemiologischer Zusammenhang zu bestehen. Sie stammen aus dem gleichen Postleitzahlengebiet und wurden in aufeinanderfolgenden Monaten beprobt. Als erstes wurde in einem Bestand das Virus nachgewiesen, im Folgemonat in 2 Herden Antikörper dagegen.

In den 117 Hühner- und 7 Putenbeständen konnte keine AIV-Infektion nachgewiesen werden. Bei der serologischen Untersuchung mittels ELISA reagierten zwar Einzelproben aus 11 Hühnerbeständen positiv. Dieses Ergebnis konnte aber mit dem HAHT nicht bestätigt werden, so dass die ELISA-Reaktionen als unspezifisch gewertet werden müssen.

Das isolierte PMV-1 stammte aus einer kleinen Entenhaltung in Bayern. Das Virus war nur schwach pathogen und wurde serologisch mittels monoklonaler Antikörper als Impfvirus identifiziert. Wahrscheinlich haben sich die Enten bei mit Lebendvakzine geimpften Hühnern angesteckt.

4 Wertung der Ergebnisse und Ableitung von Vorschlägen für BMVEL

In einer deutschlandweiten Stichprobenuntersuchung von insgesamt 486 Geflügelbetrieben mit Freilandauslauf auf das Vorkommen von aviärer Influenza wurde bei 2,9 % der 205 untersuchten Gänsebestände und bei 0,7 % der 143 Entenbestände eine Influenzavirusinfektion nachgewiesen. Die 117 untersuchten Hühnerbestände sowie die 7 Putenbestände und 14 Hobbyhaltungen waren nicht infiziert. Bei dem direkt oder indirekt nachgewiesenen AIV handelte sich um unterschiedliche Virussubtypen und zwar H3, H4, H6 und H12. Die potentiellen Geflügelpesterreger H5 und H7 waren nicht dabei.

Im gleichen Zeitraum wurden im Nationalen Referenzlabor für aviäre Influenza der BFAV mehr als 2000 Wildvögel verschiedener Spezies aus allen Teilen Deutschlands auf Influenzavirus untersucht und AIV folgender Subtypen isoliert: H2, H3, H4, H5, H7, H10, H12 und H13. Virusträger waren vor allem verschiedene Wildentenarten, aber auch eine Möwe und eine Dohle. Die Virusverbreitung war jedoch nicht flächendeckend und auch nur saisonal. Obwohl ganzjährig Proben genommen wurden, erfolgten die Virusnachweise nur im Herbst bzw. im Winter zur Zeit des Vogelzuges. Die meisten Virusträger waren Durchzügler. Von den heimischen Standvögeln, die während des Sommers beprobt wurden, konnte kein Virus isoliert werden. Die Virusnachweise konzentrierten sich auf Norddeutschland insbesondere auf Gebiete entlang der Nord- und Ostseeküste.

Auch in der vorliegenden Untersuchung der Geflügelbestände mit Freilandauslauf erfolgten die Virus- und Antikörpernachweise nur im Spätherbst und Winter, obwohl die meisten Proben in den Sommermonaten von Juni bis September genommen wurden. Das spricht für ein erhöhtes Infektionsrisiko in dieser Zeit. Denn nur Wildvögel kommen als Infektionsquelle in Frage, zumindest für die Infektionen mit den Virussubtypen H4 und H12, denn diese wurden in Deutschland noch nie bei Wirtschaftsgeflügel nachgewiesen. Antikörper gegen Subtyp H3 und gegen H6 wurden dagegen auch in einer statistisch repräsentativen deutschlandweiten Untersuchung an Wirtschaftsgeflügel in geschlossener Haltung in jeweils 0,6 % der Hühnerbestände festgestellt. Die beiden H3 positiven Hühnerherden aus letztgenannter Untersuchung stammten auch aus NRW wie der positive Gänsebestand der vorliegenden Untersuchung. Es könnte ein epidemiologischer Zusammenhang bestehen.

Der Gänsebestand wurde im Dez. 2002 beprobt, die beiden Legehennenbestände im März bzw. Mai 2003, so dass der Gänsebestand der index case gewesen sein könnte. Da die Halter der Bestände aber nicht namentlich bekannt sind, kann diese Vermutung nicht überprüft werden.

Die 3 Bestände mit AIV H6 Virus oder Antikörpern in SH, die im Dez. 2003 und Jan. 2004 untersucht wurden, sind wahrscheinlich Glieder einer Infektionskette. Die Bestände stammen aus einem Gebiet mit gleicher Postleitzahl, so dass nach einem Viruseintrag eine Weiterverschleppung von Bestand zu Bestand sehr wahrscheinlich ist.

Von fast der Hälfte der Betriebe wurden außer dem Untersuchungsmaterial weitere Angaben zur Verfügung gestellt, nach denen die mögliche Infektionsgefährdung eingeschätzt werden konnte. Da Wildvögel als Reservoir für Influenzaviren gelten, wurden die möglichen bzw. beobachteten Kontakte zu Wildvögeln eingeschätzt, weil sich auf diese Weise Hausgeflügel anstecken kann. Des Weiteren wurden Hygieneregime bzw. Haltingsmanagement unter dem Gesichtspunkt bewertet, ob sich nach erfolgter Infektion der Erreger im Bestand leicht ausbreiten oder längere Zeit zirkulieren könnte. Das ist insofern von großer Bedeutung, da Influenzaviren häufig erst nach zahlreichen Tierpassagen in Hausgeflügel ihre Pathogenität steigern und zu Erkrankungen führen.

Von den 201 hinsichtlich möglicher Wildvogelkontakte bewerteten Betrieben mussten 20 als hoch gefährdet eingestuft werden, bei 11 davon wurden häufig Wildenten im Auslauf gesehen und bei einigen grenzte der Auslauf an ein natürliches Gewässer oder es war ein kleiner Teich in den Auslauf einbezogen. Niemals wurden jedoch größere Schwärme von Wildvögeln, wie sie während der Zeit des Vogelzuges vorkommen, in den Ausläufen gesehen. Bei den beobachteten Wildenten handelte es sich anscheinend um einheimische Brutpaare. Die mit AIV infizierten Bestände waren hinsichtlich der Wildvogelkontakte als mittelgradig gefährdet eingestuft.

Die insgesamt geringe Verbreitung von Influenzaviren in den Freilandbeständen lässt den Schluss zu, dass sehr selten Virus von Wildvögeln eingetragen wird. Eine Ursache dafür ist, dass die heimischen Wasservögel (Standvögel) anscheinend kaum Virus tragen, die saisonal in großer Zahl vorhandenen Durchzügler aber Ansiedlungen und damit auch die Geflügelbetriebe meiden. Von den untersuchten Beständen lag auch keiner in oder direkt an einem Zugvogelrastgebiet. Hühnerausläufe sind für wildes Wassergeflügel sicher weniger attraktiv als Wassergeflügelhaltungen. Das spiegelt sich in der Konzentration der positiven Befunde auf Gänse und Enten wider. Außerdem waren die Hühnerbestände zwar meist größer, aber hatten eine bessere hygienische Absicherung.

Um die Infektionsgefährdung von Geflügel in Freilandhaltung weiter zu verringern, ist auch in Zukunft insbesondere bei der Einrichtung neuer Auslaufhaltungen alles zu tun, um direkte und indirekte Kontakte mit Wildvögeln zu verhindern (Werner, 2000).

- In Wildvogelsammel- oder –rastgebieten sollte Geflügel nicht im Freien gehalten werden.
- Die Fütterung bzw. Futterlagerung muss im Stall erfolgen, wo Wildvögel keinen Zugang haben.
- Für die Wasserversorgung darf kein Oberflächenwasser verwendet werden.
- Wassergeflügelhaltung soll nicht direkt an oder auf mit Wildvögeln besetzten Gewässern erfolgen.
- Auch im Auslauf ist eine nach Tierarten getrennte Haltung erforderlich.
- Die Ställe müssen so ausgelegt sein, dass bei erhöhter Infektionsgefährdung auch eine geschlossene Haltung möglich ist.

Außerdem sollte zur Absicherung der Geflügelhaltung insgesamt ein diagnostisches Frühwarnsystem für aviäre Influenza etabliert werden, bei dem die Freilandhaltungen als Sentinels dienen können. Das sollte beinhalten:

- Etablierung einer gesetzlich verankerten Überwachung von Geflügelhaltungen mit Freilandauslauf (2 x jährlich nach dem Vogelzug serologische Untersuchung),
- Einbeziehung aller Freilandhaltungen ab einer bestimmten Größe oder Auswahl von Sentinelbeständen auf Grund der epidemiologischen Gefährdung,
- Weiterführung der Surveillance bei Wildvögeln, dabei Konzentration auf wenige Standorte mit großem Wasservogelaufkommen,
- Aufnahme der Influenzavirusinfektionen bei Geflügel (außer Geflügelpest) in die Meldepflicht.

Für die Auswahl der Sentinelbestände können die im Rahmen des Projektes entwickelten Bewertungskriterien genutzt werden.

Die Aufnahme der Geflügelinfluenza (außer Geflügelpest, die anzeigepflichtig ist) in die Meldepflicht ist eine Voraussetzung, um alle Daten zur Geflügelinfluenza über das Tierseuchennachrichtensystem (TSN) zentral zu erfassen und den Verantwortlichen wirklich zugänglich zu machen. Die Meldepflicht muss nicht mit einer Bekämpfungspflicht gekoppelt sein.

5 Zusammenfassung

Wilde Wasservögel sind das natürliche Reservoir von Influenzaviren. Auch in Deutschland wurden in den letzten Jahren insbesondere in durchziehenden Wildenten Influenzaviren verschiedener Subtypen nachgewiesen, einschließlich der potentiellen Erreger der Geflügelpest H5 und H7. Bei Geflügelhaltungen mit Freilandauslauf besteht wegen möglicher Wildvogelkontakte ein erhöhtes Infektionsrisiko für das Wirtschaftsgeflügel, das untersucht werden sollte.

In einer deutschlandweiten Stichprobe wurden insgesamt 486 Geflügelbetriebe mit Freilandauslauf auf das Vorkommen von aviären Influenzaviren getestet. Bei 2,9 % der 205 untersuchten Gänsebestände und bei 0,7 % der 143 Entenbestände wurde eine Influenzavirusinfektion nachgewiesen. Die 117 untersuchten Hühnerbestände sowie die 7 Putenbestände und 14 Hobbyhaltungen waren nicht infiziert. Die direkt oder über Antikörper nachgewiesenen Influenzaviren gehörten zu den Subtypen H3, H4, H6 und H12.

Aus den angegebenen Daten der untersuchten Bestände zu Haltungs- und Hygieneparametern sowie zu möglichen und wirklich beobachteten Kontakten zu Wildvögeln wurde das spezifische Infektionsrisiko mittels eines Punktesystems eingestuft.

Alle mit Influenzavirus infizierten Betriebe hatten ein mittleres Infektionsrisiko. Obwohl bei ca 10 % der Haltungen das Infektionsrisiko als sehr hoch eingestuft wurde, scheint die Ansteckung durch Wildvögel ein sehr seltenes Ereignis zu sein. Vermutet wird, dass es sich bei den in Ausläufen beobachteten Wildvögeln - einschließlich der Wildenten - um einheimische Standvögel handelte. Die saisonal in großer Zahl auftretenden Durchzügler bevorzugten Rastgebiete außerhalb der Ansiedlungen.

Trotz der geringen Häufigkeit des Viruseintrages durch Wildvögel sollte zur Absicherung der gesamten Geflügelwirtschaft vor der Geflügelpest eine gesetzlich verankerte Überwachung der Geflügelhaltungen mit Freilandauslauf etabliert werden. Sie sollte zweimal jährlich nach dem Vogelzug erfolgen und besonders infektionsgefährdete Bestände umfassen.

6 Gegenüberstellung der ursprünglich geplanten zu den tatsächlich erreichten Zielen

Ursprünglich war die Laufzeit des Projektes vom 01. 10. 2002 bis zum 31. 12. 2003 vorgesehen. Die Geflügelpestausbrüche in den Niederlanden, Belgien und Deutschland im Frühjahr 2003 und die damit verbundenen Vorbeugemaßnahmen schränkten jedoch die Probennahme zeitweise stark ein. Deshalb wurde die Laufzeit um 2 Monate bis 29. 02. 2004 verlängert. Auch im März gingen noch Proben ein und wurden auch noch untersucht und ausgewertet.

Die vorgesehene Untersuchungszahl von 380 Beständen wurde mit 486 weit übertroffen. Die Verteilung auf die verschiedenen Geflügelarten ergab sich aus den Möglichkeiten der Probengewinnung.

Es konnte festgestellt werden, dass die Verbreitung von Influenzaviren in Freilandgeflügel in Deutschland sehr gering ist, dass aber in einigen Beständen ein hohes Infektionsrisiko besteht.

Es werden Maßnahmen zur Infektionsvorbeuge sowie die Etablierung einer regelmäßigen diagnostischen Überwachung der besonders gefährdeten Betriebe empfohlen. Damit wurde das geplante Ziel erreicht.

7 Danksagung

Ohne die freiwillige und unentgeltliche Probennahme sowie die Erfassung der Bestandsdaten vor Ort wäre die Durchführung des Projektes nicht möglich gewesen. Allen Beteiligten gilt unser herzlicher Dank.

8 Literatur

Fouchier, R.A.M., Olsen, B., Bestebroer, T.M., Herfst, S., van der Kemp, L., Rimmelzwaan, G.F. and Osterhaus, A.D.M. (2003): Influenza A Virus Surveillance in wild birds in Northern Europe in 1999 and 2000. *Avian Dis.* **47**, 857-860.

Osterhaus, D.M.E. et al. (2003): Highly pathogenic avian Influenza in The Netherlands - Identification of the agent and its possible history. 65. Geflügel-Fachgespräch der DVG, Hannover, 6./7. Nov. 2003.

Pluimers, F.H. (2003): How to cope with HPAI: Lessons we learned and perspectives for the future. 65. Geflügel-Fachgespräch der DVG, Hannover, 6./7. Nov. 2003.

Starick, E., Römer-Oberdörfer, A. and Werner, O. (2000): Type- and subtype-specific RT-PCR assays for avian influenza viruses (AIV). *J. Vet. Med. B* **47**, 295-301.

Werner, O. (2000): Aviäre Influenza – eine permanente Bedrohung des Nutzgeflügels und des Menschen. DVG, 59. Fachgespräch Geflügelkrankheiten, 34- 48.

Werner, O., Starick, E. und Grund, C.H. (2003): Isolation and characterization of a low-pathogenicity H7N7 influenza virus from a turkey in a small mixed free-range poultry flock in Germany. *Avian Dis.* **47**, 1104-1108, 2003.

Tierarztpraxis/
Probennehmer:

Probenbegleitschein (epidemiol. Erhebung) zur Probe genommen am:.....

Herkunfts-Bestand mit PLZ:

Anerkannter Ökobetrieb: Ja Nein Verband:

Art und Größe des Bestandes: Nur eine Geflügelart Mischbestand

Tierart	Tierzahl	Haltungsform		Proben				
		Ge- schlos sen	Freiland Auslauf	Nr.	Anzahl	Serum	Tupfer	Entnahmeort - Schlachthof - Bestand
Junghennen								
Legehennen								
Lege- Elterntiere								
Masthühner/Broiler								
Mast- Elterntiere								
Mastputen								
Puten- Elterntiere								
Mastenten								
Enten- Elterntiere								
Mastgänse								
Gänse- Elterntiere								

Werden im gleichen Betrieb Schweine gehalten? Ja Nein

Bewirtschaftungsregime: Alles rein – Alles raus – Prinzip
 Zustallung / Nachstallung
 Mischhaltung Unterschiedliches Alter
 Unterschiedliche Nutzungsrichtung
 Unterschiedliche Geflügelarten

Auslauf: Nur eine Geflügelart im Auslauf
 Mehrere Geflügelarten im Auslauf Welche?

Wildvogeleinflug im Auslauf:

Vogelart	sehr oft	oft	selten	nie
Sperlinge/Spatzen				
Andere Kleinvögel				
Tauben				
Krähen				
Möven				
Wildenten				

Weitere Arten ergänzen:

Lage des Auslaufs: Auslauf ist an natürlichem Gewässer gelegen
 Gewässer ist in den Auslauf einbezogen
 Größere Wasserflächen liegen in näherer Umgebung (ca 5 km)
 Wildvogelsammelplätze / -brutgebiete liegen in der Nähe

Bewertung der Infektionsgefährdung der Geflügelbestände mittels Punktesystem

A Infektionsgefährdung durch Wildvögel, insbesondere wilde Wasservögel

Im Auslauf wurden gesehen:

Sperlinge oft/sehr oft	0.2
Andere Kleinvögel oft/sehr oft	0.2
Tauben oft/sehr oft	0.2
Krähen oft/sehr oft	0.2
Möwen selten:	0.5
Möwen oft/sehr oft	2
Wildenten selten:	3
Wildenten oft/sehr oft:	6

Auslauf an natürlichem Gewässer gelegen oder
Größere Wasserflächen in der Nähe: 2

Gewässer ist in Auslauf einbezogen: 4

Wildvogelsammelplatz/brutgebiet in der Nähe 2

Bewertung: **Geringes Infektionsrisiko: 0-4**
Mittelstarkes Infektionsrisiko: 5-9
Starkes Infektionsrisiko: ab 10

B Infektionsgefährdung durch Bestandsgröße und Management

Größe des Bestands (Anzahl Tiere):

Sehr klein (<10)	0
Klein (10 - 99)	0.5
Mittelgroß (100 - 999)	1
Groß (1000 - 9999)	1,5
Sehr groß (> 10000)	2

Zustallung / Nachstallung / Unterschiedliches Alter: 2

Verschiedene Geflügelarten zusammen im Auslauf: 4

Bewertung: **Geringes Infektionsrisiko: 0-2 Pkt**
Mittelstarkes Infektionsrisiko: 3-5 Pkt
Hohes Infektionsrisiko: 6-8 Pkt

Tabelle 1

Direkte und indirekte Nachweise von aviärem Influenzavirus (AIV)

Virus	Art des Nachweises	Untersungs-Nr.	Termin der Probennahme	Tierart	Bundesland	Infektionsrisiko durch	
						Wildvögel	Haltung
AIV H 12	Antikörper	FS 55/02	Nov 02	Gans	BB	mittel	mittel
AIV H 3	Antikörper	FS 85/02	Dez 02	Gans	NRW	unbekannt	unbekannt
AIV H 4	Antikörper	FS 86/02	Dez 02	Gans	NI	mittel	mittel
AIV H 6	Antikörper	FS 86/02	Dez 02	Gans	NI	mittel	mittel
PMV-1	Virus	FK 262/03	Juli 03	Ente	BY	unbekannt	unbekannt
AIV H 6	Virus	FK 416/03	Dez 03	Gans	SH	mittel	mittel
AIV H 6	Antikörper	FS 05/04	Jan 04	Ente	SH	mittel	hoch
AIV H 6	Antikörper	FS 08/04	Jan 04	Gans	SH	gering	mittel

Abb. 1 Anteil verschiedener Geflügelarten am Untersuchungsgut

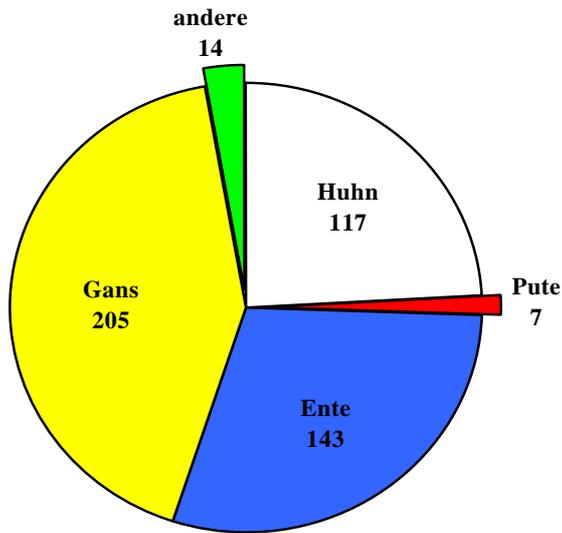


Abb. 2 Anzahl untersuchter Bestände pro Bundesland und Anteil der verschiedenen Geflügelarten

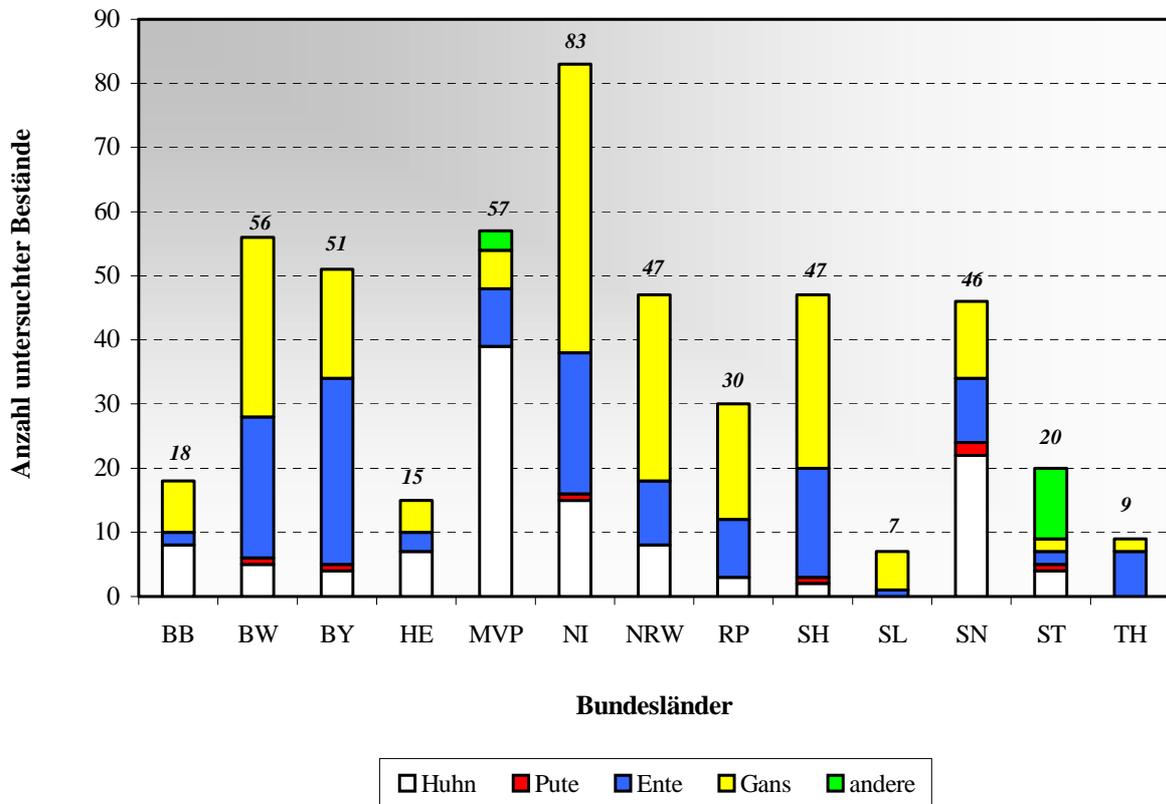


Abb. 3 Zeitliche Verteilung der Probennahme

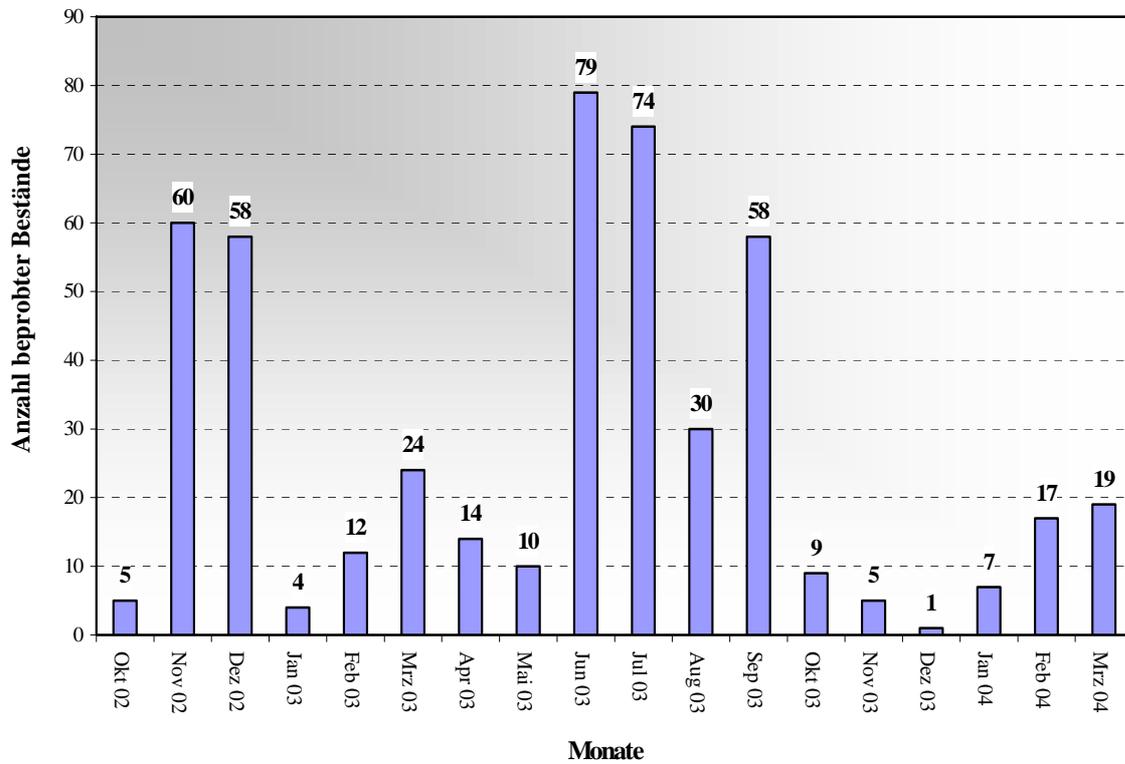


Abb. 4 Größe der untersuchten Bestände

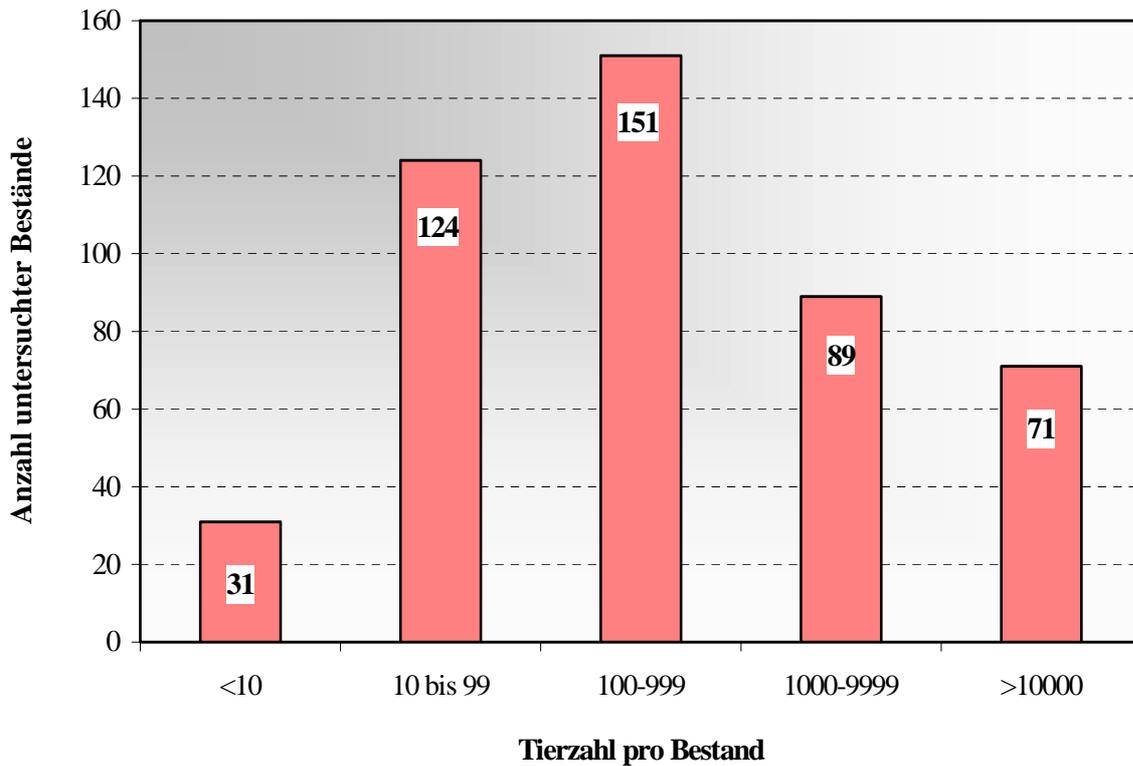
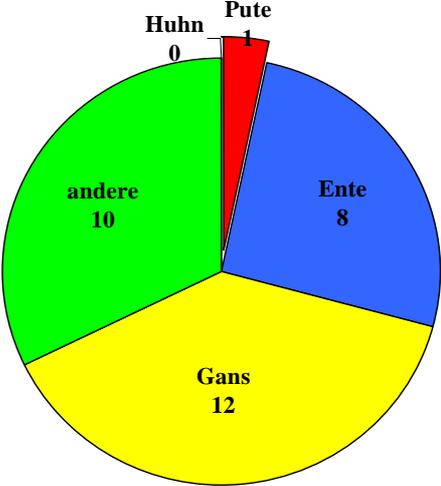
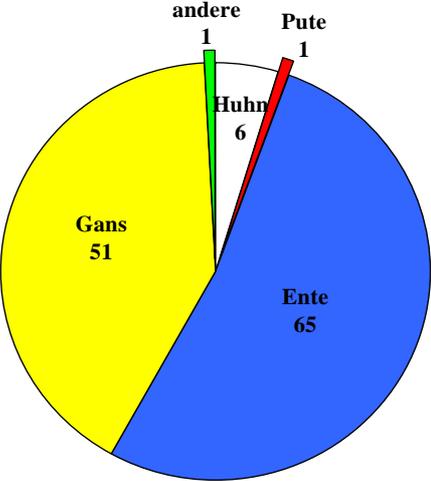


Abb. 5 Anteil der Tierarten an verschiedenen Bestandgrößen

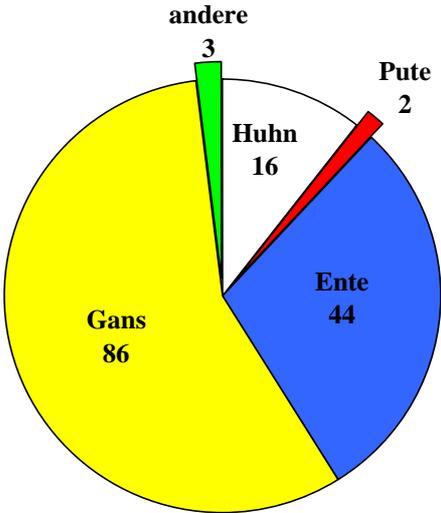
sehr kleiner Bestand (<10 Tiere)



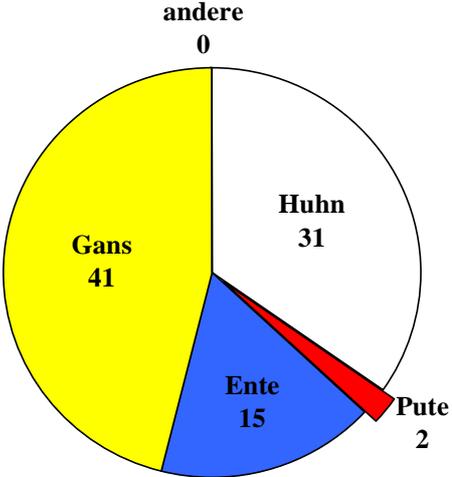
kleiner Bestand (10 bis 99 Tiere)



mittelgroße Bestände (100 - 999 Tiere)



große Bestände (1.000 – 9.999 Tiere)



sehr große Bestände (>10.000 Tiere)

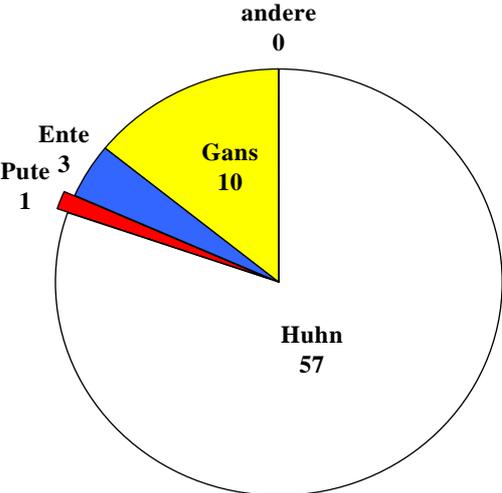
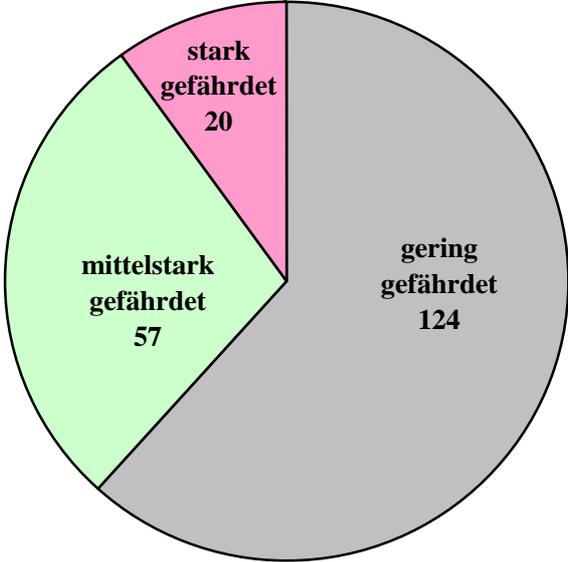


Abb. 6 Infektionsrisiko der untersuchten Bestände

a) durch Wildvogelkontakte



b) durch Haltungparameter

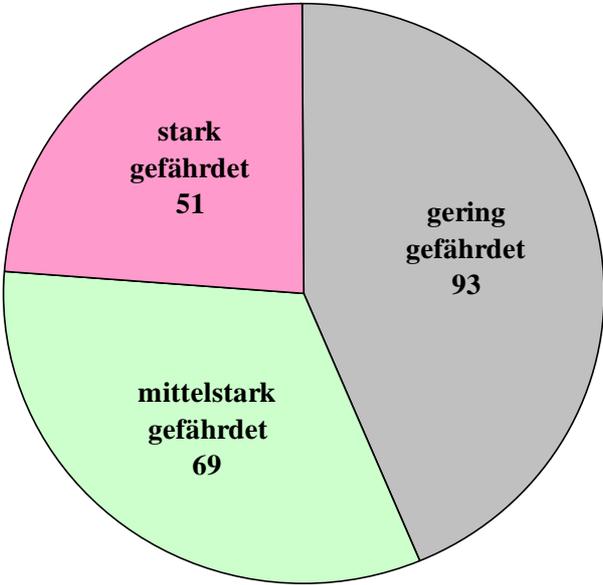


Abb. 7 Geographische Verteilung der mit Influenzavirus infizierten Bestände

