

## **Auftreten eines Falles der Vogelgrippe H5N2 in einer Geflügelhaltung in Ostbayern**

Von Benedikt Asbach

Am Freitag, den 4.12.2015 wurde in einem ostbayerischen Geflügelhof im Rodinger Ortsteil Mitterkreith im Rahmen einer Routine-Untersuchung der Erreger der Geflügelpest – ein aviäres Influenzavirus (Vogelgrippe) – nachgewiesen.<sup>1</sup> Als zuständige Behörde sperrte das Landratsamt Cham gemäß den gesetzlichen Vorschriften zunächst den Hof und ordnete nach Bestätigung des Verdachtsfalls die Tötung aller Vögel des Betriebs an, um die Vermehrung und Ausbreitung des Erregers zu verhindern. Insgesamt wurden alle ca. 13000 Tiere (gemäß Meldung an die Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE)<sup>2</sup> ca. 9500 Legehennen, ca. 2000 Enten, ca. 100 Puten und ca. 1500 Gänse) am 6. und 7.12. gekeult. Weitergehende Laboruntersuchungen führten am 7.12. zur Bestätigung der Verdachtsdiagnose und Klassifizierung des Erregers als niedrig-pathogenes Influenza-Virus vom Subtyp H5N2.<sup>3</sup>

Darüberhinaus wurde zum Schutz anderer Geflügelhaltungen ein Sperrgebiet von ca. 1 km Radius um den Hof eingerichtet.<sup>4</sup> Für 14 Betriebe, die innerhalb des Sperrgebiets lagen, galten weitreichende, gesetzlich vorgeschriebene Auflagen (§21 GeflPestSchV)<sup>5</sup>: Die Betreiber mussten die Behörden unverzüglich darüber informieren, an welchem Ort wieviele Vögel für welche Nutzung gehalten werden und ob ggf. Tiere verendet sind, damit gezielt intensivere virologische und tierärztliche Untersuchungen durchgeführt werden können. Das bedeutet, dass vor allem mehr Proben genommen und analysiert werden als dies routinemäßig der Fall ist. Diese erweiterten Untersuchungen wurden auch in 29 sog. Kontaktbetrieben vorgenommen, die außerhalb der Sperrzone lagen, aber mit denen zuvor ein Austausch von Materialien oder Tieren stattgefunden hatte. Für die Betriebe im Sperrgebiet galt des Weiteren eine Reihe von Schutzmaßnahmen. Diese umfassen ein Transportverbot von Geflügel und Geflügelprodukten sowie von Einstreu und Gülle. Auch die Durchführung von Geflügelmärkten o.ä. ist untersagt. Tierische Nebenprodukte müssen „unschädlich beseitigt werden“, d. h. so, dass potentiell vorhandene Erreger abgetötet werden. Die Geflügelhaltungen dürfen nur noch von autorisierten Personen (Tierhalter und Mitarbeiter in der Tierhaltung, Tierärzte, amtlich Beauftragte) betreten werden; diese müssen geeignete Schutzkleidung tragen, die anschließend desinfiziert oder unschädlich beseitigt werden muss. Falls Vögel zur Aufstockung eines Wildvogelbestandes gezüchtet werden, dürfen diese nicht freigelassen werden. Schließlich müssen Transportfahrzeuge, die genutzt wurden um Tiere oder Materialien zu transportieren, die potentiell mit Vogelgrippe-Virus kontaminiert sein könnten, gründlich gereinigt und desinfiziert werden.

Wie das Landratsamt Cham mitteilt, waren am gesamten Einsatz vom So, 6.12. ab 4:30 bis Mo, 7.12. 21:00 ca. 120 Personen beteiligt, die insgesamt etwa 4000 Einsatzstunden geleistet haben, um die nötigen Absperrmaßnahmen, die Keulung und die Desinfektionsmaßnahmen durchzuführen.<sup>6</sup> Wie das Landratsamt am 29.12.2015 – also etwa drei Wochen später – mitteilte, wurden bei der intensivierten Überwachung glücklicherweise keine weiteren Infektionen mit dem Virus festgestellt.<sup>7</sup> Da es also zu keiner Verschleppung kam, konnte das Sperrgebiet nach Abschluß umfangreicher Desinfektionsmaßnahmen und nach den vorgeschriebenen Wartezeiten am 22.1.2016 – nach 49 Tagen – wieder aufgehoben werden.<sup>8</sup> Die Geflügelhaltung im betroffenen Mitterkreither Betrieb wurde schließlich im Februar 2016 wieder aufgenommen.<sup>9</sup>

Es wurden hier also innerhalb kürzester Zeit nach Feststellung einer einzelnen Vogelgrippe-Infektion unter sehr großem Aufwand weitreichende Maßnahmen durchgeführt, die nicht nur einen enormen wirtschaftlichen Schaden zur Folge hatten, sondern auch zur Tötung tausender Tiere führten.

Im Folgenden soll beschrieben werden, worum es sich bei der Vogelgrippe handelt, wie die Überwachung erfolgt, warum im Falle einer Infektion derart drastische Maßnahmen getroffen werden und schließlich, wie sich der gesetzliche Rahmen darstellt.

### Influenza, Vogelgrippe, Geflügelpest

Infektionen mit dem Influenza-Virus („Grippe-Virus“) treten nicht nur bei Menschen und bei Vögeln auf, sondern betreffen auch einige andere Tierarten wie Schweine, Pferde, Hunde, Katzen und Seehunde. Wie weiter unten dargestellt wird, gibt es verschiedene Subtypen des Influenza-Virus, die zwar meist bevorzugt eine bestimmte Tierart infizieren, aber auch immer wieder zwischen verschiedenen Tierarten und auch dem Menschen übertragen werden können. Beim Menschen löst das Influenza-Virus die klassische Virusgrippe („echte Grippe“) aus, die nicht mit dem typischerweise wesentlich harmloseren „grippalen Infekt“ verwechselt werden darf.<sup>10</sup> Grippe ist eine schwere Atemwegs-Erkrankung, die mit hohem Fieber einhergeht und gerade bei älteren Menschen, Kleinkindern unter 2 Jahren sowie chronisch Kranken zum Tode führen kann. Auch wenn die Erkrankung in den meisten Fällen milder verläuft, ist Personen ab 60 Jahren, Schwangeren ab dem 2. Trimenon, chronisch Kranken und weiteren Risikogruppen zu raten, sich entsprechend den Empfehlungen der Ständigen Impfkommission am Robert Koch-Institut (STIKO) jährlich gegen die Grippe impfen zu lassen.<sup>11</sup>

Influenza-Virus-Infektionen bei Vögeln werden meist vereinfachend als Vogelgrippe bezeichnet und verlaufen in der Regel völlig unauffällig oder harmlos mit nur milden Symptomen. Tatsächlich stellen wildlebende Wasservögel das sogenannte „natürliche Reservoir“ der Influenzaviren dar. Damit bezeichnet man allgemein Arten, an welche ein Virus derart gut angepasst ist, dass es praktisch keine Krankheitssymptome hervorruft und nur in Ausnahmefällen schwere Erkrankungen auslöst. Derartige Viren gibt es auch beim Menschen, z. B. das *Herpes-simplex*-Virus, das Lippenherpes verursacht und nach einer Infektion lebenslang in unserem Körper erhalten bleibt. Während also Enten und Gänse in der Regel nicht erkranken, können sie doch Träger des Virus sein. Das bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit gibt an, dass etwa 5 % aller Wasser-Wildvögel Influenza-Viren tragen.<sup>12</sup>

Bei der Vogelgrippe unterscheidet man darüberhinaus je nach Schweregrad der Infektion zwei Formen, die wissenschaftlich korrekt als „niedrig-pathogenes aviäres Influenza-Virus“ (LPAIV, von engl. *low pathogenic avian influenza virus*) und als „hoch-pathogenes aviäres Influenza-Virus“ (HPAIV) bezeichnet werden. Wenn Vögel an der Infektion mit einem HPAIV erkranken, spricht man, v.a. auch im juristischen Sprachgebrauch, von „Geflügelpest“, bzw. genauer von „klassischer Geflügelpest“. Diese Bezeichnung ist aus wissenschaftlicher Sicht eher unglücklich. Bei der Pest handelt es sich nämlich um eine völlig andere Erkrankung, die nicht durch ein Virus, sondern durch eine Infektion mit dem Bakterium *Yersinia pestis* ausgelöst wird. Der Begriff Geflügelpest ist historischen Ursprungs und wurde erstmals 1878 zur Beschreibung eines Geflügelsterbens in Norditalien verwendet.<sup>13</sup> Ob es sich hierbei und bei

späteren ähnlichen Ausbrüchen aber tatsächlich um Vogelgrippe handelte, ist nicht geklärt, da auch eine Infektion mit dem Newcastle-Disease-Virus als Ursache in Frage kommt.<sup>14</sup> Dieses Virus ist der Erreger der „atypischen Geflügelpest“, die jedoch ähnliche Symptome aufweist. In Bezug auf die Geflügelhaltung besteht allerdings ein wichtiger Unterschied zur Vogelgrippe, nämlich die Verfügbarkeit eines Impfstoffs zur wirksamen Vorbeugung von Infektionen mit dem Newcastle-Disease-Virus. Tatsächlich besteht gemäß der Geflügelpest-Verordnung sogar eine Impfpflicht für Hühner und Truthühner.

Dass der Erreger der klassischen Geflügelpest und das Influenza-Virus des Menschen eng verwandt sind, wurde erst 1954 vom deutschen Virologen Werner Schäfer (1912 – 2000) aus Tübingen gezeigt.<sup>15</sup>

### Das Influenza-Virus

Dank der modernen molekularbiologischen Forschung sind der Aufbau, der Vermehrungszyklus und viele Eigenschaften der Influenza-Viren recht gut untersucht.<sup>10</sup> Die ovalen Viruspartikel bestehen aus einer Lipid-Hülle, die sich in ihrer Zusammensetzung von den Körperzellen ableitet, welche das Virus ursprünglich infiziert und in denen es sich vermehrt hat. Im Inneren finden sich mehrere sog. Strukturproteine, die zum einen dafür verantwortlich sind, dass das Viruspartikel korrekt gebildet wird und zum anderen die virale Erbinformation verpacken. Diese besteht aus meist 8 separaten Segmenten von Ribonukleinsäuresträngen (RNA). Außen auf dem Viruspartikel und in der Membran verankert finden sich zwei Proteine (Eiweiße), die entscheidend für die Infektion und Verbreitung des Virus sind: Das Hämagglutinin (HA) und die Neuraminidase (NA).

Der Name Hämagglutinin (griech. Häm = Blut) leitet sich davon ab, dass das Protein an bestimmte Zuckerstrukturen bindet, die auf der Oberfläche von roten Blutkörperchen vorkommen. Weil auf jedem Viruspartikel viele Hämagglutinin-Proteine vorhanden sind, werden die Blutkörperchen über die Bindung an das Virus vernetzt und verklumpen („Agglutination“). Daher kann sich das Virus auch im Blut nur begrenzt ausbreiten. Vielmehr findet die Vermehrung beim Menschen im Gewebe der Atemwege, bei Vögeln hingegen im Gewebe des Darms statt, und zwar in Zielzellen, die ebenfalls genau die eben erwähnten Zuckerstrukturen auf ihrer Oberfläche haben. Das Hämagglutinin ermöglicht es also dem Virus, an diese Zellen anzudocken und löst anschließend das Verschmelzen mit der Zelle aus, was den viralen Vermehrungszyklus in Gang bringt. Allerdings führt es auch dazu, dass neu gebildete Viruspartikel, die von den Zellen abgegeben werden, mit ihrem Hämagglutinin zunächst an diesen Zuckerstrukturen, den sog. Neuraminsäuren, hängen bleiben. Um sich weiter zu verbreiten, muss das Virus daher von den Neuraminsäuren der Zelle abgelöst werden. Hierzu dient die Neuraminidase, bei der es sich um ein Enzym handelt, das diese Zucker abspalten kann.

Bei der Bildung neuer Viruspartikel wird das HA-Protein zunächst in einer Vorläuferform gebildet (HA<sub>0</sub>-Form), die noch nicht in der Lage ist, das Verschmelzen von Virus und Zelle auszulösen. Dies ist erst möglich, wenn HA von proteinspaltenden Enzymen an einer bestimmten Stelle in zwei Teile (HA<sub>1</sub> und HA<sub>2</sub>) gespalten wurde. Je nachdem, wie diese Spaltstelle genau beschaffen ist, kann die Spaltung bereits bei der Produktion in der Zelle (im Falle einer sog. polybasischen Schnittstelle), oder erst deutlich später nach Freisetzung des Viruspartikels außerhalb der Zelle (monobasische Schnittstelle) stattfinden. Dieses molekulare Detail der unterschiedlichen Dauer bis zur Spaltung ist einer der Hauptunterschiede zwischen hochpathogenen

und niedrigpathogenen Influenza-Viren. Die Viren, deren HA-Moleküle bereits in der Zelle gespalten werden, sind sofort infektiös und können daher viel schneller weitere Zellen in den Atemwegen bzw. im Darm infizieren. Dadurch sind die Viren auch insgesamt in einer größerer Konzentration vorhanden, weshalb mehr von ihnen beim Niesen in Tröpfchen bzw. mit dem Kot abgegeben und potentiell von anderen Menschen bzw. Tieren wieder aufgenommen werden.

Weil die HA- und NA-Proteine auf der Oberfläche des Virus für das Immunsystem gut sichtbar sind, werden gegen diese beiden Proteine auch Antikörper gebildet, die nach überwundener Infektion vor einer Wiederinfektion mit dem Virus schützen. Da sich die Proteine zwischen verschiedenen Influenza-Virusstämmen aber mehr oder weniger deutlich unterscheiden, kann es sein, dass es zu einer Neuinfektion mit einem Virus kommt, das hinreichend verschieden ist, so dass die vorhandenen Antikörper keinen wirksamen Schutz vermitteln. (Unter anderem aus diesem Grund wird auch fast jedes Jahr ein neuer Impfstoff entwickelt, der zur Bildung von Antikörpern gegen die Influenza-Varianten führt, die am wahrscheinlichsten in der jeweiligen Grippe-Saison hierzulande auftreten werden.)

Aufgrund größerer Unterschiede werden die Influenza-Viren in drei Gruppen (A, B und C) eingeteilt, wobei den Influenza-A-Viren medizinisch die größte Bedeutung zukommt. Sie kommen bei Menschen, Vögeln und Schweinen, manchmal auch bei anderen Säugetieren vor, während Influenza-B zwar typischerweise beim Menschen auftritt, aber auch schon in Seehunden gefunden wurde. Influenza-C wurde bei Menschen und Schweinen gefunden, verursacht aber meist keine schweren Erkrankungen. Bei den Influenza-A-Viren unterscheidet man verschiedene Subtypen, die sich anhand von Merkmalen der HA- und NA-Proteine einteilen lassen. Bis heute kennt man 18 Varianten von HA (kurz als H1 bis H18 bezeichnet) bzw. 11 von NA (N1 bis N11). Die einzelnen Subtypen werden je nach der Kombination der HA- und NA-Gene, die jeweils auf einem eigenen Segment des Erbguts liegen, z. B. als H1N1, H5N1 oder H5N2 bezeichnet.

Wie oben dargestellt, spielt das HA-Protein die entscheidende Rolle bei der Infektion der Zellen. Daher hat der HA-Subtyp auch großen Einfluss darauf, welche Tierarten die jeweilige Virusvariante infiziert. Bei Wasservögeln, insb. Enten, findet man praktisch alle HA-Varianten, wenngleich H3, H4 und H6 besonders häufig sind. Bei Seevögeln, insb. Möwen, überwiegen die Varianten H9 und H13. Bei Hausgeflügel findet man schließlich am häufigsten die Varianten H1, H5, H7 und H9. Menschen werden insbesondere von den Subtypen H1 und H3, aber immer wieder auch von H2 infiziert, während H5, H7 und H9 selten auftreten. Bei Schweinen findet sich vor allem H1, manchmal aber auch H2, und H3, bei Pferden vor allem H3 und manchmal H7. Diese Präferenzen ergeben sich aus verschiedenen Faktoren, die jeweils zu einer besseren bzw. schlechteren Vermehrung des Virus in der jeweiligen Art führen. Ein gut untersuchtes Beispiel ist z. B. die Präferenz des Hämagglutinins für leicht unterschiedliche Zuckertypen. So bindet das HA von Vogelgrippe-Viren an eine Zuckerstruktur, die als SA- $\alpha$ -2,3-Gal bezeichnet wird, während das HA von Viren, die Menschen infizieren, bevorzugt an SA- $\alpha$ -2,6-Gal bindet. SA- $\alpha$ -2,3-Gal kommt auf Zellen des Darmgewebes von Vögeln vor, während in Zellen der oberen Atemwege des Menschen nur SA- $\alpha$ -2,6-Gal, auf den Zellen der unteren Atemwege zusätzlich auch SA- $\alpha$ -2,3-Gal vorkommt. Dementsprechend werden Menschen v. a. von Viren infiziert, die eine Präferenz für SA- $\alpha$ -2,6-Gal haben, während Vögel von Viren infiziert werden, die SA- $\alpha$ -2,3-Gal bevorzugen. Dennoch kann es hin und

wieder zu einer Übertragung von Vogel-Viren auf den Menschen kommen, wenn z. B. sehr große Mengen vorhanden sind, so dass beim Einatmen einige Virus-haltige Tröpfchen bis in die unteren Atemwege gelangen, wo sie infizierbare Zellen mit der passenden Zuckerstruktur vorfinden. Außerdem ist bei einer großen Menge Viren die Wahrscheinlichkeit größer, dass einzelne Viren dabei sind, die aufgrund von zufälligen Mutationen besser an das SA- $\alpha$ -2,3-Gal binden, so dass es zu einer erfolgreichen Infektion auch der oberen Atemwege kommen kann, was einem klassischen „*survival of the fittest*“ entspricht. In diesem Zusammenhang spielen Schweine eine wichtige Rolle für die Epidemiologie der Influenza-Viren. In den Atemwegen der Schweine finden sich nämlich beide Zuckertypen gleichzeitig, so dass sie sowohl von Menschen-adaptierten, als auch von Vogel-adaptierten Grippe-Viren infiziert werden können.<sup>16</sup> In seltenen Fällen kann es dazu kommen, dass eine Zelle von zwei verschiedenen Viren gleichzeitig infiziert wird, so dass Nachkommen-Viren entstehen, die eine Mischung beider Viren darstellen. Die 8 verschiedenen Segmente des Erbguts werden nämlich zufällig auf die neu gebildeten Viren verteilt, so dass z. B. bei einer Mischinfektion mit H1N1 und H5N2 auch H5N1-Viren entstehen können („Reassortierung“). Dadurch kann es passieren, dass ein hochpathogenes Vogelvirus plötzlich durch ein anderes HA die Fähigkeit zur leichten Übertragung auf den Menschen gewinnt.

Allerdings sind eine Reihe weiterer Faktoren dafür verantwortlich, dass eine Übertragung zwischen Vögeln und Menschen ineffizient ist, z. B. die unterschiedlichen Temperaturen in unseren Atemwegen (ca. 33°C) und im Darm der Vögel (ca. 38°C), die Einfluss auf die Aktivität der viralen Enzyme haben.

### Vogelgrippe-Ausbrüche

Durch Veränderung eines Virus, entweder durch die Reassortierung oder den natürlichen Mutationsvorgang (s. o.), können aus LPAI-Viren die HPAIV hervorgehen, die dann insbesondere bei Hühnern und Puten, aber auch Schwänen, Tauchern, einigen Ziervogelarten u. a. schwere Erkrankungen, eben die klassische Geflügelpest, hervorrufen. Enten und Gänse zeigen, wenn überhaupt, dann meist nur milde Symptome.<sup>17</sup> Bei Hühnervögeln treten nach wenigen Stunden bis einigen Tagen vielfältige und wenig typische Symptome auf, zu denen ein stumpfes, gesträubtes Federkleid, Teilnahmslosigkeit, Atemnot, Niesen, ein Ausfluss aus Augen und Schnabel und ein wässrig-schleimiger, grünlicher Durchfall zählen können. Die Tiere nehmen weder Futter noch Wasser zu sich, haben Fieber und können von zentralnervösen Störungen, wie einer abnormen Kopfhaltung und Gleichgewichtsstörungen, betroffen sein. Außerdem kann es zu Blutstauungen oder Unterhautblutungen kommen, die zu einer blauroten Verfärbung der Haut, sichtbar an Kopfanhängen und Füßen, führen. Die Legeleistung setzt plötzlich aus, oder es werden dünne, verformte Eier gelegt. Das Virus wird durch die Ausscheidungen, insb. den Kot, weiter übertragen, so dass es bei Hausgeflügel innerhalb weniger Tage zum Tod von allen Tieren des Bestandes kommen kann.<sup>18</sup>

Der bekannteste Ausbruch von HPAIV ist sicherlich die Vogelgrippe vom Subtyp H5N1, die 1997 erstmals in Hongkong auftrat. Rückblickend konnte festgestellt werden, dass es bereits 1996 zu ersten Fällen in China kam, die auf das Virusisolat mit dem systematischen Namen „A/Goose/Guangdong/1/96 (GsGd)“ zurückgehen. Durch klassische seuchenhygienische Maßnahmen, welche die Schließung aller Geflügelmärkte und die Keulung großer Bestände einschlossen, wurde der Ausbruch zunächst eingedämmt. Doch schon 2001/2002 trat H5N1 erneut auf

und seitdem kommt es immer wieder zu Ausbrüchen in Asien. In der Folge verbreitete sich das Virus auch von dort aus. 2005 kam es in der Mongolei zu einem Massensterben von Vögeln. Danach wurde das Virus auch in Wildvögeln in Russland und Kasachstan nachgewiesen. Man nimmt an, dass die weitere Verbreitung nach Europa, in den Nahen Osten und nach Nordafrika auf Vogelwanderungen zurückgeht. Das Virus wurde immer wieder in Wildvögeln gefunden und mehrfach in Hausgeflügelbeständen nachgewiesen.

Als Konsequenz aus diesen Ausbrüchen wurde die weltweite Überwachung intensiviert. Durch bessere Koordination und Meldepflichten gibt es seit 2005 relativ gute Daten über die Verbreitung des Virus und die Fallzahlen, insb. für Infektionen des Menschen. Gemäß einem Bericht des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC)<sup>19</sup> wurden zwischen 2003 und November 2015 insgesamt 844 Labor-bestätigte Infektionen des Menschen mit dem H5N1-Vogelgrippe-Virus an die WHO gemeldet. 449 davon, also 54 %, verliefen tödlich. In den allermeisten Fällen hatten die Infizierten intensiven Kontakt zu kranken Tieren (Tierhalter), die Weitergabe von Mensch zu Mensch ist glücklicherweise bislang eine Rarität. Laut dem ECDC-Bericht gab es in Europa noch keine Fälle von H5N1 beim Menschen. 2009 sorgte eine weitere Influenza-Infektion für Schlagzeilen, die u. a. unter den Namen „Neue Grippe“, „Mexikanische Grippe“ oder „Schweinegrippe“ auftauchte. Dabei handelte es sich um ein neu aufgetretenes Influenza-Virus des Menschen, das zwar sehr ansteckend ist – weshalb es sich seitdem auch weltweit sehr weit verbreitet hat –, aber glücklicherweise meist nur milde Krankheitsverläufe verursacht.

Die große Gefahr besteht darin, dass sich die beiden entscheidenden Eigenschaften, also die hohe Pathogenität wie bei der Vogelgrippe und die hohe Infektiosität wie bei der Neuen Grippe vereinen und es zu einer weltweiten Pandemie mit hoher Sterblichkeit kommt, wie es am Ende des zweiten Weltkriegs bei der „Spanischen Grippe“ der Fall war, der mehrere Millionen Menschen zum Opfer fielen.

Seit Januar 2015 kam es in den USA zum größten Vogelgrippe-Ausbruch seit Jahrzehnten, der vom HPAIV-Subtyp H5N2 ausgelöst wurde. Dieser Subtyp wurde in den USA erstmals 1983 festgestellt, was damals zur Tötung von 17 Millionen Tieren führte. 2004 trat das Virus erneut in einem einzelnen Bestand von 6600 Tieren in Texas auf. Der aktuelle Ausbruch führte bis Mai 2015 zur Keulung von mehr als 30 Millionen Tieren in 143 Betrieben aus 12 Bundesstaaten.<sup>20</sup> Weitere Fälle wurden aus Kanada, China und Taiwan gemeldet.

In Europa kam es gemäß dem Bericht des ECDC<sup>19</sup> zu einem ersten Fall von H5N2 in einer Entenhaltung in Arezzo/Italien im Januar 2015, sowie in Noord-Brabant/Niederlande im April 2015. Zwei weitere Ausbrüche in Enten- und Putenhaltungen aus der Emilia-Romagna wurden im November und Dezember 2015 gemeldet. Bei allen diesen Fällen handelte es sich um niedrig-pathogene H5N2 Varianten. Am 1.12.2015 wurde allerdings aus Frankreich gemeldet, dass auf einer Gänsefarm in der Dordogne eine Infektion mit einer hoch-pathogenen Variante des H5N2-Virus festgestellt wurde. Hinzu kommt nun auch noch der H5N2-Fall aus Ostbayern, bei dem auch eine LPAIV-Variante vorlag. Infektionen des Menschen mit H5N2 sind bislang noch nicht dokumentiert.

Insgesamt ist also nachvollziehbar, warum die drastischen seuchenhygienischen Maßnahmen getroffen werden, wenn es zu einem Ausbruch der Vogelgrippe kommt. Eine unkontrollierte, weitere Verbreitung würde zum krankheitsbedingten Tod eines großen Teiles der Hausgeflügel-Bestände führen, was einen immensen wirtschaftlichen Schaden zur Folge hätte. Des Weiteren steigt mit der Fallzahl bei Vögeln das Risiko der Anpassung von Viren an den Menschen.

### Überwachung und rechtlicher Hintergrund

Bei der Überwachung unterscheidet man zunächst die Überwachung von Wildvögeln einerseits und von Hausgeflügelbeständen andererseits. Bei den Wildvögeln unterscheidet man des Weiteren das aktive Monitoring – die Probennahme bei lebenden, zu diesem Zwecke gefangenen Vögeln, die nach der Probengewinnung (Abstriche des Oropharynx und der Kloake) wieder freigelassen werden – und das passive Monitoring – die Probennahme bei krank bzw. tot aufgefundenen Vögeln.

Laut der EU-Richtlinie 2010/367/EU wurden zwischen 2006 und 2009 in der gesamten Europäischen Union 350.000 Wildvogelproben untersucht. Ca. 75 % der Proben entstammten dem aktiven Monitoring von lebenden Vögeln, während die restlichen 25 % von tot aufgefundenen Tieren stammten. Dabei wurden mehr als 1000 Fälle von HPAIV bei den krank bzw. tot aufgefundenen Tieren festgestellt, während es nur etwa fünf Fälle bei den Tieren aus dem aktiven Monitoring gab. LPAIV wurde fast ausnahmslos bei der Beprobung gesunder Vögel nachgewiesen. Das aktive Monitoring von Wildvögeln wird daher seit Einführung dieser EU-Richtlinie nicht mehr durchgeführt.

Die EU-Richtlinie sieht verschiedene Maßnahmen zur Überwachung vor. Einerseits sollen Organisationen, die am ehesten Fälle von hoher Vogelsterblichkeit beobachten (z. B. Jagdorganisationen, Ornithologen, Naturschutzbehörden) verpflichtet werden, diese Ereignisse an die Behörden zu melden, damit diese im Rahmen des passiven Monitorings entsprechende Labor-Untersuchungen durchführen können. Zusätzlich soll weiterhin ein aktives Monitoring in Hausgeflügelbeständen durchgeführt werden. Dabei wird bevorzugt eine sog. risikobasierte Überwachung durchgeführt, d. h. es werden v. a. solche Betriebe überwacht, in denen eher mit Fällen von Vogelgrippe zu rechnen ist. Zu den Risikofaktoren gehört z. B. die Nähe eines Betriebs zu Feuchtgebieten, in denen sich Wasserzugvögel sammeln oder es generell zu einer hohen Dichte von Wasser- und Zugvögeln kommt, des Weiteren Betriebe mit Freilandhaltung, wo es zu einem Kontakt mit Wildvögeln kommen kann, oder Betriebe mit einem niedrigen Biosicherheitsniveau z. B. in Bezug auf die Art der Futtermittellagerung. Darüberhinaus spielt aber auch die Art der gehaltenen Vögel eine Rolle, insb. im Fall von Enten und Gänsen, bei denen die Infektion ja symptomlos vorliegen kann. Auch Handelsströme sind zu berücksichtigen, d. h. ob ein Austausch von Tieren, Fahrzeugen, Materialien oder Personal erfolgt, da auch auf diese Weise eine Übertragung des Virus denkbar ist. Schließlich spielt natürlich die Größe und räumliche Dichte der Betriebe eine Rolle. Es ist mindestens eine jährliche und bei entsprechendem Risiko ggf. auch häufigere Beprobung vorgesehen. Wie viele Betriebe mindestens untersucht werden, ergibt sich aus einem Schlüssel der genannten EU-Richtlinie. Liegen z.B. in einem festgelegten Risikogebiet mehr als 250 Betriebe, müssen 60 davon beprobt werden. Für Enten- und Gänsehaltungen gelten etwas höhere Zahlen, hier müssen 80 von 250 Betrieben untersucht werden. Die Zahl der zu untersuchenden Tiere wird jeweils so festgelegt, dass mit einer Nachweissicherheit von 95 % mindestens ein infiziertes Tier gefunden wird, wenn mehr als 30 % der Tiere betroffen sind, mindestens jedoch 5 Tiere pro Stallung. Die jeweiligen nationalen Regelungen können natürlich eine intensivere Überwachung von mehr Betrieben und eine Beprobung von mehr Tieren vorschreiben.

Insgesamt legen die zuständigen Behörden also fest, in welchen Regionen wie viele Betriebe in welchem Umfang sinnvollerweise beprobt werden. Die Ergebnisse der Überwachung sind halbjährlich an die zuständige Koordinierungsstelle der Europäischen Kommission zu richten.

In Deutschland ist die zuständige Behörde für die Koordinierung das Bundesamt für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL). Die konkrete Beprobung wird von den Veterinärämtern durchgeführt. In Bayern werden die Laboruntersuchungen vom Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) durchgeführt. In der folgenden Tabelle sind die Untersuchungszahlen aus dem Zeitraum 2006 bis 2015 zusammengefasst, die das LGL auf seiner Webseite veröffentlicht hat.<sup>12</sup> Die meisten Proben stammen aus Niederbayern und der Oberpfalz.

Jahr	Wildvögel (passives Monitoring)			Hausgeflügel (passives Monitoring)			Hausgeflügel (aktives Monitoring)		
	Probenanzahl	Influenza-positiv	H5N1-positiv	Probenanzahl	Influenza-positiv	H5N1-positiv	Probenanzahl	Influenza-positiv	H5/H7 positiv
2006	9337	76	74	947	7	0	1223	0	0
2007	3269	121	19	10770	242	136	3559	119	119
2008	4719	153	0	211	1	0	695	0	0
2009	1024	69	1	106	0	0	525	0	0
2010	724	99	0	162	1	0	907	0	0
2011	227	14	0	654	1	0	799	0	0
2012	86	0	0	198	0	0	955	0	0
2013	102	1	0	247	1	0	1299	12	11
2014	225	5	0	511	0	0	1272	1	1
2015	648	38	0	2907	16	0	1542	0	0

Proben, die am LGL als positiv für Influenza-A getestet wurden, werden zur Bestätigung an das Nationale Referenzlabor geschickt, das Friedrich-Loeffler-Institut (Bundesforschungs-institut für Tiergesundheit) auf der Insel Riems. Hier wird im Falle einer Bestätigung auch die Subtypisierung durchgeführt, insb. also die Zuordnung, ob es sich um ein Virus vom Subtyp H5N1 handelt. Schließlich wird überprüft, ob es sich um ein hoch-pathogenes oder ein niedrig-pathogenes Influenza-Virus handelt. Die klassische Methodik dazu ist ein Tierversuch, bei dem ca. 6 Wochen alte Hühner mit dem Virusisolat infiziert und für 10 Tage beobachtet werden. Aus den beobachteten Symptomen wird dann geschlossen, ob es sich um HPAIV oder LPAIV handelt. Dank moderner Methoden der Gentechnik ist es möglich – als Ersatz zum Tierversuch – direkt das entscheidende Merkmal des Virus, nämlich die Art der Spaltstelle im HA-Molekül, zu untersuchen. Hierzu wird das HA-Gen mittels der Polymerasekettenreaktion vervielfältigt und anschließend durch DNA-Sequenzierung bestimmt, ob eine monobasische (bei den LPAIV) oder polybasische (bei den HPAIV) Schnittstelle vorliegt.<sup>21</sup>

In Deutschland wird die EU-Richtlinie durch die „Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest“ (GeflPestSchV)<sup>5</sup> umgesetzt, in der alle Maßnahmen zur Vorbeugung und Bekämpfung von HPAIV festgelegt sind.

In der Verordnung sind zunächst umfangreiche Melde- und Aufzeichnungspflichten für Geflügelhalter festgelegt. Des Weiteren werden verschiedene Schutzmaßnahmen angeordnet, wie z. B. dass die Fütterung und Tränkung von gehaltenen Vögeln so zu erfolgen hat, dass es dabei zu keinem Kontakt mit Wildvögeln kommt.

Die Maßnahmen zur Früherkennung sehen vor, dass bei einer Häufung von Todesfällen im Bestand (mehr als 2 – 3 % innerhalb von 24 Stunden) oder einer erheblichen Veränderung der Legeleistung oder Gewichtszunahme der Bestand sofort durch einen Tierarzt auf das Vorhandensein von Vogelgrippe untersucht werden muss. (Für Enten und Gänse gelten wegen der mildereren Symptomatik andere Merkmale.)

Eine besondere Erwähnung verdienen die Regelungen zur Schutzimpfung. Vogelgrippe-Impfungen sind gemäß EU-Vereinbarungen verboten, was auch in der GeflPestSchV festgelegt ist. Der Hintergrund dieses Verbots ist es, dass es – wie auch im Falle der Grippe-Impfung des Menschen – durch die kontinuierliche Veränderung des Virus dazu kommen kann, dass Virus-Varianten entstehen, gegen die der Impfstoff nicht mehr schützt. Allerdings führt eine klassische Impfung auch dazu, dass eine Unterscheidung geimpfter Tiere von infizierten Tieren durch den klassischen Nachweis von Antikörpern im Blut, wie beim aktiven Monitoring vorgeschrieben, nicht mehr möglich ist. Weil dadurch die Früherkennung nicht mehr durchführbar ist, hat man sich entschieden bis zur Entwicklung von Impfstoffen, die eine solche Unterscheidung ermöglichen würden, Impfungen generell zu verbieten. Die Behörde kann allerdings Ausnahmegenehmigungen zur Impfung erteilen, z. B. zur wissenschaftlichen Forschung, zum Schutz von Zootieren oder zur Arterhaltung seltener Rassen.

Der Großteil der GeflPestSchV befasst sich mit den Maßnahmen zur Bekämpfung des Virus. Hier gibt es zunächst Vorschriften, wie im Verdachtsfall zu verfahren ist und sodann, wie nach amtlicher Bestätigung eines hochpathogenen (Unterabschnitt 3) oder eines niedrigpathogenen aviären Influenza-Virus (Unterabschnitt 6) zu verfahren ist. In beiden Fällen ist der Regelfall, dass der betroffene Bestand getötet und unschädlich entsorgt wird. Außerdem wird ein Sperrbezirk um den betroffenen Betrieb eingerichtet, der im Falle von HPAIV mind. 3 km Radius hat, sowie ein Beobachtungsgebiet von mind. 10 km Radius. Darüberhinaus kann ggf. noch eine Kontrollzone eingerichtet werden. In diesen Bereichen gelten jeweils spezielle Transport- und Überwachungsvorschriften. Bei LPAIV hat das Sperrgebiet einen Radius von mind. 1 km und es gelten die eingangs genannten Regelungen, wie sie natürlich auch im konkreten Fall des Ausbruchs in Roding vom dortigen Landratsamt auf der Basis der GeflPestSchV angeordnet wurden. Schließlich ist in der Verordnung auch festgelegt, wann die entsprechenden Maßnahmen wieder aufgehoben werden, sowie wann und unter welchen Voraussetzungen eine Wiederbelegung des betroffenen Betriebs möglich ist.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass der Ausbruch des Vogelgrippe-Virus H5N2 in Ostbayern ein Einzelfall war. Durch die vom Landratsamt auf Grundlage der Geflügelpest-Verordnung getroffenen Maßnahmen wurde eine weitere Ausbreitung verhindert. Solange allerdings nicht wirksame Impfstoffe entwickelt und zugelassen werden, wird es immer wieder zu solchen isolierten Ereignissen kommen. Dank der geltenden Hygienebestimmungen ist ein größerer epidemischer Ausbruch unwahrscheinlich, aber nicht ausgeschlossen, insbesondere wenn ein neues hochpathogenes Virus entsteht, das eine sehr hohe Übertragungsrate hat. Da in so einem Fall auch eine erste Gefährdung für den Menschen besteht, ist die weitere kontinuierliche Überwachung und Bekämpfung der Vogelgrippe also unbedingt angebracht.

## Referenzen

- 1 Landratsamt Cham, »Verdacht auf Geflügelpest«, Meldung vom 6.12.2015
- 2 OIE – World Organisation for Animal Health, »Immediate notification report – Report reference: 15-015-00007 REF OIE 19292«, 8.12.2015
- 3 Landratsamt Cham, »Geflügelpestverdacht in Roding - Landratsamt Cham gibt weitestgehend Entwarnung«, Meldung vom 7.12.2015
- 4 Amtsblatt für den Landkreis Cham, Nr. 41, 8.12.2015
- 5 Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest (Geflügelpest-Verordnung), in der Fassung der Bekanntmachung vom 8. Mai 2013 (BGBl. I S. 1212), die durch Artikel 388 der Verordnung vom 31. August 2015 (BGBl. I S. 1474) geändert worden ist
- 6 Landratsamt Cham, »Geflügelpest: Landrat bedankt sich bei Helferinnen und Helfern«, Meldung vom 11.12.2015
- 7 Landratsamt Cham, »Geflügelpest: Sperrmaßnahmen können voraussichtlich Mitte Januar aufgehoben werden«, Meldung vom 29.12.2015
- 8 Landratsamt Cham, »Geflügelpest: Sperrmaßnahmen sind ab 22. Januar aufgehoben«, Meldung vom 21.1.2016
- 9 Landratsamt Cham, »Landrat besucht Geflügelhof in Mitterkreith«, Meldung vom 22.2.2016
- 10 Modrow S., Falke D., Truyen U., Schätzl H., »Molekulare Virologie«, Spektrum Akademischer Verlag, 2010
- 11 [http://www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/STIKO/Empfehlungen/-Impfempfehlungen\\_node.html](http://www.rki.de/DE/Content/Kommissionen/STIKO/Empfehlungen/-Impfempfehlungen_node.html)
- 12 Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, »Geflügelpest: Untersuchungszahlen 2005 – 2016«, [http://www.lgl.bayern.de/tiergesundheit/tierkrankheiten/virusinfektionen/gefluegelpest/anzeige\\_jahr.php](http://www.lgl.bayern.de/tiergesundheit/tierkrankheiten/virusinfektionen/gefluegelpest/anzeige_jahr.php), abgerufen am 5.6.2016
- 13 Perroncito E., »Epizootia tifoide nei gallinacei«, *Annali Accad Agri Torino* 1878;21:87–126.
- 14 Lupiani B., Reddy S.M., »The history of avian influenza«, *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* 2009;32(4):311-23
- 15 Schäfer W., »Vergleichende sero-immunologische Untersuchungen über die Viren der Influenza und klassischen Geflügelpest«, *Z Naturforsch* 1955;10b-81-91
- 16 Ito T., Couceiro J.N., Kelm S., et al., »Molecular basis for the generation in pigs of influenza A viruses with pandemic potential«, *J Virol*, 1998;72(9):7367-73
- 17 Friedrich-Loeffler-Institut, »Steckbrief Influenzainfektionen bei Geflügel und Wildvögeln«, Stand 18.11.2014
- 18 Friedrich-Loeffler-Institut, »Informationen des FLI: Klassische Geflügelpest (Hochpathogene Form der Aviären Influenza)«, Stand 27.2.2013
- 19 European Centre for Disease Prevention and Control. »Rapid risk assessment – Situation overview: highly pathogenic avian influenza virus A of H5 type« 4.12.2015.
- 20 Mara Hvistendahl, » Enigmatic bird flu strain races across the U.S. Midwest«, *Science* 15.5.2015;348(6236):741-742
- 21 Friedrich-Loeffler-Institut, »Amtliche Methodensammlung: Anzeigepflichtige Tierseuchen«, 2016

Anschrift des Verfassers:

Dr. Benedikt Asbach  
 Füllrohrstr. 2  
 93051 Regensburg