



per e-mail

An die
Arbeitsgemeinschaft
bäuerliche Landwirtschaft e. V.
Herrn Wöllert
Bahnhofstr. 31
59065 Hamm

Bernhard Kühnle

Leiter der Abteilung
Lebensmittelsicherheit und Tiergesundheit

BEARBEITET VON ORR'n Dr. Barbara Hoffmann

HAUSANSCHRIFT Rochusstraße 1, 53123 Bonn

TEL +49 (0)228 99 529 – 3560

FAX +49 (0)228 99 529 – 3731

E-MAIL 322@bmel.bund.de

INTERNET www.bmel.de

AZ 322-35214/0033

DATUM 20.02.2017

Aktuelles Geflügelpestgeschehen in Deutschland

Ihre Schreiben an Herrn Bundesminister Schmidt

Sehr geehrter Herr Wöllert!

Mit Schreiben vom 30.1.2017 hatten Sie sich mit einigen Fragen zum aktuellen Geflügelpestgeschehen in Deutschland an Herrn Bundesminister gewandt; Herr Bundesminister hat mich gebeten Ihnen zu antworten. Wie mir bekannt ist, haben Sie sich mit wortgleichem Schreiben auch an die jeweils zuständigen Landesminister/Landesministerinnen und an das Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) gewandt. Ich gehe davon aus, dass Ihnen von dort eine gesonderte Nachricht zugehen wird; unabhängig davon habe ich den Ländern meine Antwort zur Kenntnis gegeben.

Zu Ihren Fragen nehme ich in Abstimmung mit dem FLI wie folgt Stellung:

Frage 1:

Stimmt es, dass die Beprobung von Hunderttausenden Wasservögeln weltweit (allein 331.653 in der EU zwischen 2007-2014; etwa 450.000 in den USA) kein dauerhaftes Reservoir für die aktuellen hochpathogenen Formen der Vogelgrippe-Viren oder ihren unmittelbaren Vorläufern in Wildvögeln nachweisen konnte und es Nachweise bei Wildvögeln nur im räumlichen und zeitlichen Zusammenhang mit Vogelgrippefällen in der Geflügelwirtschaft gab?

Nein, das stimmt nicht. Das Monitoring von Wildvögeln zeigt auf nationaler und internationaler Ebene, dass Wildvögel ein natürliches Reservoir für Inflenzaviren darstellen.

Dies gilt in erster Linie für niedrigpathogene aviäre Influenzaviren, unter denen sich auch Viren der Subtypen H5 und H7 befinden, welche zur hochpathogenen Form mutieren können. Bei Wildvögeln wurden aber auch Viren gefunden, die bei Hühnervögeln hochpathogen sind (z.B. H5N1 ab 2005, H5N8 ab 2014, H5N8 ab 2016, H5N5 2017). Dabei kann die Virulenz bei Wildvögeln unterschiedlich sein. Während Infektionen mit H5N1 und dem aktuell zirkulierenden H5N8 bei vielen Wildvögeln tödlich verliefen, führte das ab dem Herbst 2014 zirkulierende H5N8-Virus nicht zu einer merklich erhöhten Sterblichkeit bei Wildvögeln.

In Deutschland wurden im Jahre 2016 insgesamt 12560 Wildvögel auf aviäre Influenza untersucht. Bei 1062 dieser Vögel wurden Influenzaviren nachgewiesen, davon wurden 528 dem Subtyp H5, zwei dem Subtyp H7 und 43 anderen H-Subtypen zugeordnet. Für die übrigen Proben liegt ein Typisierungsergebnis bisher nicht vor.

Frage 2:

Welche Belege gibt es dafür, dass die Ausbreitungsmuster des H5N1 Virus seit 2005 und des aktuellen H5N8-Virus den Zugrouten von Wildvögeln folgen? Stimmt es, dass ein infizierter Vogel recht schnell an der Krankheit stirbt und somit keine längeren Strecken mehr fliegen kann? Stimmt es, dass die Viren unter Freilandbedingungen nicht lange stabil sind, weil Wärme, Trockenheit und UV-Strahlung sie schnell abtöten?

Das H5N8 Virus wurde 2010 erstmals in Vögeln auf Geflügel-Märkten in China entdeckt und ist vermutlich aus dem ebenfalls aus der dortigen Geflügelproduktion seit 1996 bekannten H5N1 Virus hervorgegangen. Durch Mutation und Reassortierung sind diese Geflügelpestviren in der Lage, in relativ kurzen Zeiträumen neue Varianten und Subtypen zu bilden.

Die genetische Analyse der seit November 2016 in Deutschland aufgetretenen hochpathogenen Geflügelpestviren vom Subtyp H5N8 zeigt einen hohen Verwandtschaftsgrad zu den im Frühjahr und Sommer 2016 im russisch-mongolischen Grenzgebiet in Wildvögeln nachgewiesenen H5N8-Viren. Parallel zum Frühsommerzug in nördliche Brutgebiete wurden monophyletische Verwandte dieses Stammes in verschiedenen Zugvogelarten am nur 1600 km entfernten Qinghai See in China gefunden. Diese Viren des HPAI-Virus-Subtyps H5N8 der Linie 2.3.4.4 haben ihrerseits ihren Ursprung in Stämmen, die in China im Jahr 2013 erstmals auftraten. Die Viruslinie 2.3.4.4 kommt in zwei genetisch unterschiedlichen Grundformen vor: HPAIV H5N8 Linie 2.3.4.4 A und B. Die H5N8-Viren des Jahres 2014/2015 in Europa und Nordamerika gehörten der Linie A an, die H5N8-Viren des Jahres 2016/2017 in Russland, Indien und Europa der Linie B. Dabei sind nur drei der acht Segmente genetisch ähnlich zu der ursprünglichen Grundform 2.3.4.4 B.

Die deutschen H5N8-Viren des Jahres 2016/2017 sind weitgehend identisch mit den in Polen und Schweden gefundenen Varianten und zeigen in sechs der acht Genomsegmente eine hohe genetische Ähnlichkeit zu den im Frühsommer in Russland und der Mongolei nachgewiesenen H5N8-Viren. Die Ähnlichkeit zu weiteren russischen H5N8-Viren, die im November und Dezember 2016 in den russischen Gebieten Kalmückien und Astrachan nachgewiesen wurden, lassen weitere Rückschlüsse auf den vermutlichen Eintragungsweg des Stammes über Russland zu. Zwei der acht Genomsegmente treten allerdings bei den in Deutschland, Polen und Schweden beschriebenen Viren im Vergleich zu den russisch-mongolischen Viren neu auf. Diese Genomsegmente können aufgrund der Verwandtschaft zu anderen Viren als Quelle eines nach dem Juni 2016 aufgetretenen Rekombinationsereignisses zugeordnet werden. Eine geographische Lokalisation dieses Rekombinationsereignisses ist auf der Basis der momentanen Datenlage nicht möglich. Die bisherigen genetischen Analysen und das zeitlich gestaffelte Auftreten der Viren dieser Linie lassen einen direkten Eintrag, wie zum Beispiel aus illegalen Importen aus den Ursprungsgebieten dieser Viren in China, als unwahrscheinlich erscheinen.

Stattdessen ist, wie bereits für das Jahr 2014/2015 beschrieben, ein Eintragungsweg über Zugvögel, welche diese Viren durch überlappende Zugrouten und Rastgebiete kontinuierlich und über mehrere Wochen bis Monate in vielen Übertragungsereignissen weitergegeben haben, nicht ausgeschlossen (<http://science.sciencemag.org/content/354/6309/213>).

Ein direkter Eintrag aus China oder den benachbarten asiatischen Ländern ist auch deshalb unwahrscheinlich, weil dann andere genetische Muster der hier nachgewiesenen Viren zu erwarten wären. Die in Deutschland nachgewiesene Reassortante mit zwei neuen Genomsegmenten müsste bei einem direkten Eintrag bereits in China nachweisbar sein. Das ist nicht der Fall.

Neben der hauptsächlich in Deutschland vorkommenden H5N8-Linie wurden bisher auch zwei weitere H5-Virusvarianten nachgewiesen (H5N8 mit veränderter Genomzusammensetzung und H5N5). Die genetischen Analysen der vollständigen Genome dieser Viren sind jedoch noch nicht abgeschlossen. Für die Variante des H5N8-Virus und auch für das H5N5-Virus zeigen erste Analysen aber bereits, dass auch hier eine Verwandtschaft zu den Vorläuferviren aus dem Russisch-Mongolischen Grenzgebiet zu erkennen ist. Sie scheinen demnach parallel oder in kurzer Folge entstanden zu sein, zeigen genetische Unterschiede und wurden dann ebenfalls nach Deutschland eingeschleppt.

Zusammenfassend ist daher ein über mehrere Entwicklungsstufen verlaufender Weg von Asien über die Mongolei und Sibirien nach Europa und auch nach Deutschland anzunehmen. Die Übertragungsereignisse bleiben jedoch unklar.

Zur Krankheitsdauer und zum klinischen Verlauf der Geflügelpest bei Wildvögeln liegen keine umfassenden Erkenntnisse vor, da der Virusnachweis in der Regel bei bereits verendeten Tieren erfolgt. Allerdings konnten auch bei einer geringen Zahl von Stockenten aus der Jagdstrecke, d.h. gesund erlegten Wasservögeln, HPAIV H5N8-Infektionen nachgewiesen werden.

Die Infektiosität von AI-Viren in der Umwelt bleibt bei kälteren Temperaturen länger erhalten als bei Wärme; Trockenheit und UV-Strahlung führen zu einer beschleunigten Inaktivierung des Erregers. Bei für die Viren günstigen Umweltbedingungen muss jedoch davon ausgegangen werden, dass die Viren mehrere Wochen infektiös bleiben können.

Frage 3:

Stimmt es, dass sich Wildvögel selbst unter extremen Bedingungen kaum gegenseitig infizieren? Stimmt es, dass sich im Spätwinter 2006 vor Rügen rund 150.000 Wasservögel in den eisfreien Stellen der Ostsee aufhielten und davon knapp 6.000 starben? Entspricht dies einer normalen Todesrate in einem Eiswinter? Stimmt es, dass von 4.898 untersuchten Todesopfern nur bei 158 das Virus nachgewiesen wurde?

Nein, es ist davon auszugehen, dass sich Wildvögel gegenseitig infizieren können. Im Rahmen des Geflügelpestgeschehens bei Wildvögeln im Jahr 2006 wurden 344 Wildvögel positiv auf HPAIV befundet. Dem BMEL liegen keine Informationen zur Gesamtzahl der verendeten Tiere vor.

Frage 4:

Ist es möglich, dass die hochpathogenen Formen der Viren unter den Bedingungen großer und enger Geflügelhaltungen aus endemisch vorhandenen niedrig pathogenen Formen entstehen?

Hochpathogene AI Viren können aus niedrigpathogenen Vorläuferviren durch spontane Mutationen entstehen. Dieser Vorgang ist in der Natur auf Viren der Subtypen H5 und H7 beschränkt. Vorrangig waren hierbei Legehennenbetriebe mittlerer Größe betroffen. Die Risiken der Entstehung von HPAIV aus LPAIV können bislang nicht spezifiziert werden.

Frage 5:

Kann es sein, dass diese Viren in Geflügelhaltungen weltweit über Zeiträume von einigen Wochen existieren, bevor die Infektion erkannt wird?

Nicht nur das aktuelle Geflügelpestgeschehen zeigt, dass der Erreger für Hausgeflügel hochpathogen ist mit der Folge, dass das Geflügel innerhalb kurzer Zeit (1 bis 3 Tage) erkrankt und stirbt. Es ist allerdings bekannt, dass z.B. Wassergeflügel (Enten und Gänse) gegenüber bestimmten hochpathogenen Formen des Erregers weniger empfänglich sind als Hühnervögel (z. B. Hühner, Puten). Bei Wassergeflügel kann die Inkubationszeit um wenige Tage verlängert sein.

Frage 6:

Ist es möglich, dass diese Viren z. B. über Geflügeltransporte zu Schlachthöfen, Austrag von mit Viren belasteter Luft aus den Ställen, mangelhafte Hygiene beim Transport von Geräten, Fahrzeugen, Transportbehältern und Abfällen aus der Geflügelhaltung, Ausbringen von Geflügelkot als Dünger auf Agrarflächen bzw. Eintrag in Oberflächengewässer in die freie Landschaft gelangen?

Bei jedem Nachweis von Geflügelpest in einem Geflügelbestand werden umfangreiche epidemiologische Untersuchungen, im Bedarfsfall mit Unterstützung durch das FLI, durchgeführt. Diese umfassen sämtliche von Ihnen genannten Aspekte sowie weitere mögliche Eintragswege wie Personenkontakte, Futter, Einstreu, direkte oder indirekte Kontakte zu Wildvögeln etc.

Im Tierseuchennachrichtensystem der Europäischen Union sind 538 Ausbrüche dokumentiert. Bei 395 (73 Prozent) wurde die Eintragsquelle als „unbekannt“ angegeben. Bei 143 Ausbrüchen (27 Prozent) werden folgende Eintragsquellen genannt: Bei 55 Ausbrüchen erfolgte die Infektion durch Kontakt zu Nachbarbetrieben, in 47 Ausbrüchen wird ein direkter Kontakt zu Wildtieren angegeben und 25 Geflügelpest-Ausbrüche in Ungarn und Rumänien entstanden durch den Zukauf von Tieren. Weiterhin konnte in 12 Betrieben eine Übertragung durch Gerätschaften ermittelt werden, bei zwei Fällen wurde der indirekte Kontakt zu Wildtieren als Ursache festgestellt sowie jeweils ein Ausbruchsgeschehen wurde auf Personenkontakt beziehungsweise eine Übertragung durch Fahrzeuge zurückgeführt.

In wenigen Fällen konnten Eintragswege als wahrscheinlich oder als gesichert ermittelt werden. Dies war bei Ausbrüchen von HPAI Subtyp H5N1 in drei Kleinhaltungen in Brandenburg nach Verfütterung von Abfällen von tiefgefrorenen Enten an Hühner im Jahre 2007 und einem Sekundärausbruch im Jahr 2017 von HPAI Subtyp H5N8 bei Puten in Brandenburg nach Verbringen von Tieren aus einem H5N8-betroffenen Bestand der Fall.

Grundsätzlich ist eine wie in der Frage dargestellte Übertragungsmöglichkeit vorstellbar und wird daher im Rahmen der epidemiologischen Ausbruchsuntersuchungen abgeklärt.

Frage 7:

Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit, dass die Viren auch in extrem abgeriegelte Stallanlagen mit ihren vielfältigen Maßnahmen zu Biosicherheit von außen direkt oder indirekt über Wildvögel eingetragen werden? Was ließe sich hier verbessern?

Im Rahmen der Verschleppung der Erreger bzw. der Einschleppung der Erreger in einen Geflügelbestand spielt der Faktor „Mensch“ eine nicht zu unterschätzende Rolle, denn bedingt durch eine hohe Viruslast in der Umwelt besteht jederzeit die Möglichkeit, dass über mit Wildvogelkot kontaminierten Stiefeln, Reifen oder aber auch Einstreumaterial der Erreger in einen ansonsten abgeschotteten Geflügelbestand eingebracht wird.

Das FLI stellt auf seiner Homepage www.fli.de umfangreiche Informationen zur Verbesserung der Biosicherheit in Geflügelhaltungen zur Verfügung.

Frage 8:

Wäre es denkbar, dass über den weltweiten Handel z. B. mit Bruteiern, Eintagsküken und mangelhaft erhitztem Futter aus tierischen Abfällen, durch länderübergreifende Lebendtransporte von Geflügel zu Schlachthöfen und den Rücktransport der leeren Behälter, Transporter etc. sowie durch den Handel mit Schlachtkörpern das Virus sich ausbreitet und so schlussendlich auch zu uns gelangt? Da die Vogelgrippe weltweit auftritt, reicht es nicht, die Verhältnisse in Deutschland oder Europa zu untersuchen, vielmehr muss dabei zwingend die weit fortgeschrittene länder- und kontinenteübergreifende Vernetzung der Geflügelwirtschaft berücksichtigt werden.

Die in der Antwort zu Frage 6 genannten epidemiologischen Untersuchungen umfassen sämtliche möglichen Kontakte des betroffenen Betriebes im epidemiologisch relevanten Zeitraum. Hierbei werden sowohl die Möglichkeiten für einen Eintrag des Erregers in den Bestand als auch für die Verschleppung des Virus aus dem Bestand heraus berücksichtigt. Sofern internationale Handelskontakte bestehen, werden die entsprechenden Behörden der jeweiligen Länder informiert und führen ihrerseits weitere epidemiologische Ermittlungen durch. Bezüglich der Aufklärung von Übertragungswegen über Ländergrenzen hinweg findet ein Austausch zwischen den beteiligten Behörden statt. In regelmäßigen Ausschuss-Sitzungen auf EU-Ebene wird zudem die weltweite Lage der AI sowie die in anderen Ländern/ Kontinenten ergriffenen Maßnahmen (z. B. Asien, USA) besprochen, um daraus Informationen für die eigene Situation und die unter Umständen erforderlichen Schutzmaßnahmen gegen die Einschleppung von Erregern nach Europa bzw. die Ausbreitung innerhalb der EU z. B. über Handelsaktivitäten zu verhindern. Zahlreiche von der AI betroffene Länder sind für die Einfuhr von Geflügel und dessen Erzeugnisse vollständig

gesperrt. Auch für auf Grund von AI-Feststellungen innerhalb der EU eingerichtete Restriktionszonen herrschen auf der Grundlage des EU-Rechts (Richtlinien 2005/94/EG und 2009/158/EG; Entscheidung 2006/563/EG) sowie der nationalen Geflügelpest-Verordnung Verbringungsperren für Tiere und Waren. Diese umfassen auch Bruteier, Eintagsküken, Fleisch und andere Erzeugnisse.

Das BMEL beobachtet die weltweite AI-Situation seit Jahren und steht mit den jeweiligen Ländern in regem Kontakt. Auch das FLI ist weltweit mit anderen Referenzlaboratorien vernetzt; zudem findet ein regelmäßiger und intensiver Austausch von Informationen und genetischem Material für Forschungszwecke statt.

Die Gefahr einer Einschleppung von AI über den legalen Handel mit Tieren oder Waren ist insofern auch im Fokus; allerdings wird auf Grund der umfangreichen Schutzmaßnahmen und Untersuchungs-/ Zertifizierungsanforderungen in der aktuellen Risikoeinschätzung des FLI nur eine geringe Gefahr einer Einschleppung durch den legalen Handel gesehen.

Zur weiteren Ermittlung von potentiellen Eintragungswegen werden in internationaler Zusammenarbeit phylogenetische Analysen der AI-Viren erstellt. Diese weisen auf Verwandtschaftsgrade der in verschiedenen Ländern vorkommenden AI-Viren hin und geben weitere Erkenntnisse über die Verbreitungsdynamik.

Auf Grundlage der in genetischen Analysen ermittelten Unterschiede der in Europa vorhandenen Virusstämme zu den in Asien vorkommenden Stämme sowie der zeitlichen Abfolge der Veränderungen in der Genomsequenz der jeweiligen Stämme ist ein direkter Eintrag des AI-Virus aus Asien z. B. über den Handel als unwahrscheinlich anzusehen (siehe auch Antwort zu Frage 2).

Weitere Informationen zur internationalen Lage im Hinblick auf die Geflügelpest sind in der aktuellen Risikoeinschätzung des FLI (Stand 24.1.2017) unter folgendem Link einzusehen:

https://openagrar.bmel-forschung.de/servlets/MCRFileNodeServlet/openagrar_derivate_00001633/FLI-Risikoeinschaetzung_HPAIV_H5_20170124.pdf.

Frage 9:

Stimmt es, dass trotz aufwendiger Monitoring-Maßnahmen bei der aktuellen Epidemie von H5N8 in Europa in keinem einzigen Fall die Viren entdeckt wurden, bevor es Ausbrüche in Geflügelhaltungen gab?

Die Aussage ist nicht zutreffend. Vorläufer des aktuellen H5N8-Virus wurden zunächst im Sommer 2016 im Grenzgebiet der Russischen Föderation und der Mongolei und das Virus selbst dann Ende Oktober 2016 bei einem Wildvogel in Ungarn nachgewiesen, bevor die ersten Nachweise bei gehaltenen Vögeln erfolgten. Auch in Deutschland gingen den ersten Ausbrüchen bei gehaltenen Vögeln zahlreiche Nachweise bei Wildvögeln voraus, insbesondere am Plöner See in Schleswig-Holstein, am Bodensee und nahe der Ostseeküste in Mecklenburg-Vorpommern. So wurden zwischen dem 1. und dem 11. November 2016 83

Fälle von H5N8 bei Wildvögeln festgestellt, wohingegen der erste Fall beim Hausgeflügel am 11.11. 2016 aus SH gemeldet wurde.

Im Hinblick auf die im Rahmen von Monitoringuntersuchungen festgestellten Viren der Subtypen H5 und H7 wird auf die Ausführungen zu Frage 1 verwiesen.

Frage 10:

Warum wird bei verendeten Vögeln lediglich auf den Gehalt an Viren getestet, nicht aber die eigentliche Todesursache bestimmt?

Gemäß den Vorgaben der Geflügelpest-Verordnung sind Geflügelhalter verpflichtet, z.B. bei Auftreten entsprechender Symptome, im Falle von erhöhten Verlusten oder bei starkem Rückgang der Legeleistung die Krankheitsursache tierärztlich abklären zu lassen und – im Falle eines Verdachts auf das Vorliegen der Geflügelpest – diesen Verdacht bei der zuständigen Behörde anzuzeigen. Die von der zuständigen Behörde eingeleiteten Untersuchungen umfassen die klinische Untersuchung der Tiere im Bestand sowie die Entnahme von Proben und/oder verendeten Tieren zur Sektion.

Üblicherweise erfolgt bei Geflügel und bei Wildvögeln, die in eine staatliche Untersuchungseinrichtung zur Untersuchung verbracht werden, eine Sektion mit pathologisch-anatomischer Untersuchung und weiterführender Laboruntersuchung. Diese umfasst nicht nur die Untersuchung auf aviäre Influenzaviren, sondern auch die Untersuchung auf andere Erreger/Krankheiten. Relevant für die einzuleitenden Maßnahmen ist allerdings der Nachweis des Geflügelpesterregers.

Frage 11:

Wie viele der bei der aktuellen Vogelgrippewelle betroffenen Betriebe hielten ihr Geflügel in Freilandhaltung?

Dazu liegen dem BMEL keine Informationen vor.

Frage 12:

Welche Maßnahmen können in Zukunft ergriffen werden, um eine Einschleppung und Weiterverbreitung wirklich wirksam zu verhindern, da die bisher ergriffenen (Aufstallungspflicht und „aktives“ Wildvogelmonitoring) dies bislang offensichtlich nicht vermochten?

Ihre Schlussfolgerung vermag ich nicht zu teilen. Das Wildvogelmonitoring hat nicht zum Ziel, die Infektion von Wildvögeln nicht verhindern, sondern dient dazu, einen Überblick über die in der Wildvogelpopulation vorkommenden aviären Influenzaviren zu bekommen.

Die Aufstallung soll den unmittelbaren Kontakt zwischen Hausgeflügel und Wildvögeln unterbinden. Im aktuellen Geschehen (Stand 15.02.2017) wurden 15 HPAI-Ausbrüche in den ca. 865 in Deutschland existierenden Zoos, Wildparks und ähnlichen Haltungen, die ihr Geflügel in der Regel nicht aufstallen können, festgestellt; das sind etwa etwa 1,7% der Bestände. Im Vergleich dazu wurden in den etwa 65.000 kommerziellen Geflügelhaltungen mit angenommener Aufstallung bisher 40 Ausbrüche festgestellt (etwa 0,06% der Bestände). Dies ist als Indiz dafür anzusehen, dass die Aufstallung ihre Wirkung nicht verfehlt hat. Weiterhin muss in weiteren 16 Fällen in Geflügelhaltungen mit weniger als 400 Tieren davon ausgegangen werden, dass die Tiere zumindest zeitweise im Freiland gehalten wurden.

Unabhängig von der Aufstallung sind aber die Biosicherheitsmaßnahmen von großer Bedeutung, denn die Einschleppung auch in Betriebe mit sehr gutem Management zeigt, dass dem Faktor „Mensch“ (siehe auch zu Frage 7) eine sehr große, möglicherweise bisher unterschätzte Bedeutung zukommt. Bei den Tierhaltern muss eine Bewusstseinsänderung eintreten und zwar dahingehend, dass sie selbst Teil der Biosicherheit sind und sie durch ihr Verhalten wesentlich dazu beitragen können, dass der Erreger nicht in seinen Bestand eingetragen wird.

Mit freundlichen Grüßen

Im Auftrag



Bernhard Kühnle