

SABINE BILK, ANDREAS ENGELHARDT, NELE MATTHES, CHRISTOPH SCHULZE, Frankfurt (Oder),
TIMM HARDER, Insel Riems, RALF-UDO MÜHLE, Potsdam, THOMAS MÜLLER, Wusterhausen,
ANDREAS HLINAK, Frankfurt (Oder)

Aviäre Influenza A: Untersuchungen im Rahmen des Wildvogelmonitorings im Land Brandenburg

Schlagworte/key words: Wildvogelmonitoring, aviäre Influenza, hochpathogen, niedrigpathogen, Brandenburg

Einleitung

Influenza A Viren kommen bei vielen Vogel- und einigen Säugetierarten vor. Es handelt sich um behüllte, einzelsträngige RNA-Viren aus der Familie der Orthomyxoviridae. Auf der Oberfläche besitzen sie jeweils drei Strukturproteinspezies das Matrix-2-Protein, das Hämagglutinin (HA) und die Neuraminidase (NA). Bisher sind 16 verschiedene Hämagglutinin- und 9 verschiedene Neuraminidase-Antigene bekannt. Die Kombinationsmöglichkeiten der Hämagglutinin- und Neuraminidase-Antigene auf der viralen Oberfläche bedingen die hohe Variabilität der aviären Influenza A Viren (AIV) und bestimmen den AIV-Subtyp (z.B. H5N1). Bezüglich der Pathogenität werden niedrigpathogene (LPAIV = low pathogenic avian influenza virus) und hochpathogene Stämme (HPAIV = highly pathogenic avian influenza virus) unterschieden (WEBSTER et al., 1992, FOUCHIER et al., 2005).

Seit 2003 traten in Südostasien vermehrt Infektionen mit HPAIV H5N1 „Asia“ auf. Im Herbst 2005 wurde HPAIV H5N1 „Asia“ aus erkrankten und verendeten Wildvögeln im europäischen Teil der Russischen Föderation, im Donau-Del-

ta in Rumänien, in der Ukraine und in Kroatien isoliert (UNGER et al., 2008). Diese Nachweise ließen ein erhöhtes Risiko für eine Ausbreitung des HPAIV H5N1 unter anderem durch Zugvögel nach Mitteleuropa befürchten. HPAIV verursacht große Schäden in der Geflügelwirtschaft, vermehrte Tierverluste in der Wildvogelpopulation und hat darüber hinaus ein hohes zoonotisches Potential (HARDER & WERNER, 2006). Auf der Basis einer Risikobewertung wurden im Jahr 2005 Programme für das Monitoring in der Wildvogelpopulation und Hausgeflügelbeständen in der europäischen Gemeinschaft beschlossen (2005/94/EG, 2007/268/EG). Auf dieser gesetzlichen Grundlage wird jährlich von der EU-Kommission und den Nationalen Referenzlaboratorien für aviäre Influenza (NRL, DE: Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Insel Riems) der EU Mitgliedsländer das „Untersuchungsprogramm der Bundesrepublik Deutschland zur Durchführung von Erhebungen über Geflügelpestvorkommen in Haus- und Wildgeflügelbeständen“ erstellt. In dem Untersuchungsprogramm erfolgt entsprechend der epidemiologischen Situation in Deutschland die genaue Festlegung der Bepro-

bungs- und Untersuchungszahlen der einzelnen Bundesländer.

Ziele des Untersuchungsprogramms bei Wildvögeln sind 1) eine Einschätzung der Verbreitung verschiedener AIV-Subtypen durch kontinuierliche Untersuchung von lebend beprobten (Indikator-) Wildvogelarten (Vögel der Ordnungen *Anseriformes* und *Charadriiformes*) und 2) ein frühzeitiges Auffinden von HPAIV (H5 und H7) bei Wildvögeln. Dies ist wichtig zur Einordnung des Risikos einer Übertragung in die Hausgeflügelbestände bzw. einer Entwicklung eines endemischen Status von HPAIV in der Wildvogelpopulation.

Material und Methoden

Im Rahmen des Wildvogelmonitorings des Landes Brandenburg wurden von 2006–2008 6667 Proben von Wildvögeln mit den gesetzlich fixierten, diagnostischen Methoden auf AIV untersucht. Eine Übersicht zur ornithologischen Klassifikation der untersuchten Wildvögel zeigt Tabelle 1. Das Probenmaterial gliederte sich wie folgt: 1) Organe sowie Rachen-/Kloakentupfer von toten Vögeln. 2) Rachen-/Kloakentupfer sowie der Kopf von bei der Jagd erlegten Vögeln. 3) Rachen-/Kloakentupfer lebender Vögel, die durch das Landesumweltamt (LUA) oder im Auftrag des LUA bzw. der Veterinärbehörden des Landes durch freiwillige Helfer genommen wurden. 4) Sammelkotproben aus ausgewählten Gebieten bzw. mit Bezug auf spezifisch bestimmte Vogelspezies. Für die Gewinnung der Tupferproben wurden Virocult® Tupfer (MW&E, Corsham, UK) eingesetzt, die durch das Landeslabor Brandenburg (LBB) bereitgestellt wurden. Die gewonnenen Proben wurden zeitnah und gekühlt der Untersuchungseinrichtung zugesandt. Zu jeder Probe (Tupfer, Kopf, Tierkörper) wurden die wesentlichen Parameter des beprobten Tieres (Vogelart, Alter, Geschlecht, territoriale Zuordnung und Besonderheiten) für die weitere Bewertung und Interpretation der Untersuchungsergebnisse über einen spezifischen Probenbegleitschein erfasst. Die Diagnostik erfolgte strikt nach den für Europa bzw. Deutschland verbindlich vorgegebenen Methoden (2006/437/EG, ANONYM, 2008a, ANONYM, 2008b). Nach Aufbereitung

der Tupfer bzw. Organe wurde die virale RNA entsprechend den methodischen Vorgaben des Herstellers extrahiert (High Pure Viral RNA Kit, Fa. Roche, Mannheim; INSTANT Influenza RNA Kit-KFml; Fa. Analytik Jena, Jena).

Der Nachweis sowie die Differenzierung von LPAIV und HPAIV erfolgte anhand einer diagnostischen Kaskade (SLOMKA et al., 2007): 1) Nachweis von Influenza A Viren durch Amplifikation des Matrixprotein(M)-Gens mittels real time RT-PCR (SPACKMAN et al., 2002, STARICK et al., 2005). 2) Bei Nachweis dieser AIV-spezifischen Genomsequenz Detektion des H5- und H7-Gens mit einer real time RT-PCR (HOFFMANN et al., 2007). 3) Molekulare Pathotypisierung H5 und H7 positiver Isolate am NRL für aviäre Influenza: Bestimmung von HPAIV durch Sequenzanalyse der endoproteolytischen Schnittstelle des HA-Genfragments (HOFFMANN et al., 2007, WEBER et al., 2007). Die dreistufige Untersuchungskaskade ist in Abb. 1 dargestellt. LPAIV Isolate wurden klassisch im bebrüteten Hühnerei angezüchtet, serologisch charakterisiert und, wie auch die HPAIV Isolate, einer späteren molekulargenetischen Charakterisierung im NRL zugeführt (hier nicht gezeigt).

Ergebnisse

Im Rahmen des Wildvogelmonitorings wurden im Land Brandenburg in den Jahren 2006, 2007 und 2008 insgesamt 3062, 1696 bzw. 1909 Wildvögel aus 37 Familien und 16 Ordnungen untersucht. Im gesamten dreijährigen Untersuchungszeitraum wurden schwerpunktmäßig Spezies der Ordnungen *Anseriformes* (Gänsevögel) und *Charadriiformes* (Regenpfeiferartige) untersucht. Auf diese beiden Ordnungen entfielen über die Hälfte (56 %) aller untersuchten Wildvögel (Tab. 1). Weiterhin hatten Spezies der Ordnungen *Accipitriformes* (Greifvögel) und *Gruiformes* (Kranichvögel) mit 13 % bzw. 12 % einen relativ großen Anteil (Tab. 1). Von insgesamt 6667 untersuchten Wildvögeln konnten im Berichtszeitraum in 67 Fällen (1 %) AIV-spezifische Genomsequenzen identifiziert werden. Davon wurde in 21 Fällen HPAIV des Subtyps H5N1 nachgewiesen. Alle HPAIV stammten aus dem Jahr 2006, während in 2007 und 2008 keine weiteren HPAIV

Tabelle 1 Ornithologische Klassifikation der im Wildvogelmonitoring untersuchten Vögel

Ordnung	Familie	Unterfamilie		Spezies	
Anseriformes	Anatidae	Anatinae	<i>Anas platyrhynchos</i>	Stockente	468
			<i>Aix galericulata</i>	Mandarinente	2
			<i>Anas querquedula</i>	Knärente	28
			<i>Anas penelope</i>	Pfeifente	12
			<i>Anas crecca</i>	Krickente	72
			<i>Anas acuta</i>	Spießente	2
			<i>Anas strepera</i>	Schnatterente	1
		Aythiinae	<i>Bucephala clangula</i>	Schellente	5
			<i>Aythya fuligula</i>	Reiherente	1
			<i>Somateria mollissima</i>	Eiderente	1
				Wildente	609
		Merginae	<i>Mergus merganser</i>	Gänsesäger	2
			<i>Mergus spec.</i>	Säger	1
		Anserinae	<i>Anser fabalis</i>	Saatgans	460
			<i>Anser anser</i>	Graugans	140
			<i>Anser albifrons</i>	Bläßgans	395
				Wildgans	238
		Tadorninae	<i>Tadorna tadorna</i>	Brandgans	3
		Cygninae	<i>Cygnus olor</i>	Höckerschwan	97
			<i>Cygnus cygnus</i>	Singschwan	111
<i>Cygnus spec.</i>	Schwan		257		
Charadriiformes	Scolopacidae	<i>Gallinago gallinago</i>	Bekassine	68	
		<i>Tringa totanus</i>	Rotschenkel	13	
		<i>Tringa nebularia</i>	Grünschenkel	1	
		<i>Lymnocyptes minimus</i>	Zwergschnepfe	8	
			Schnepfe	6	
		<i>Tringa glareola</i>	Bruchwasserläufer	113	
		<i>Actitis hypoleucos</i>	Flussuferläufer	51	
		<i>Tringa ochropus</i>	Waldwasserläufer	5	
		<i>Tringa erythropus</i>	Dunkler Wasserläufer	19	
		<i>Philomachus pugnax</i>	Kampfläufer	33	
		<i>Calidris alpina</i>	Alpenstrandläufer	219	
		<i>Calidris ferruginea</i>	Sichelstrandläufer	12	
		<i>Calidris minuta</i>	Zwergstrandläufer	29	
		<i>Calidris temminckii</i>	Temminckstrandläufer	1	
		<i>Calidris alba</i>	Sanderling	1	
	<i>Calidris canutus</i>	Knutt	2		
	Charadriidae	<i>Charadrius hiaticula</i>	Sandregenpfeifer	27	
		<i>Charadrius dubius</i>	Flussregenpfeifer	7	
		<i>Arenaria interpres</i>	Steinwälzer	3	
<i>Vanellus vanellus</i>		Kiebitz	17		

noch Tabelle 1

Ordnung	Familie	Unterfamilie		Spezies	
noch: Charadrii- formes	<i>Sternidae</i>		<i>Sterna hirundo</i>	Flusseeeschwalbe	82
	<i>Laridae</i>		<i>Larus ridibundus</i>	Lachmöwe	99
			<i>Larus argentatus</i>	Silbermöwe	1
			<i>Larus spec.</i>	Möwe	40
<i>Galliformes</i>	<i>Tetraonidae</i>		<i>Lagopus lagopus</i>	Moorschneehuhn	1
	<i>Phasianidae</i>		<i>Perdix perdix</i>	Fasan/Rebhuhn	46
			<i>Coturnix coturnix</i>	Wachtel	2
<i>Gruiformes</i>	<i>Gruidae</i>		<i>Grus grus</i>	Kranich	75
	<i>Rallidae</i>		<i>Fulica atra</i>	Blessralle	483
			<i>Rallus aquaticus</i>	Wasserralle	39
			<i>Porzana porzana</i>	Tüpfelralle	29
			<i>Gallinula chloropus</i>	Teichralle	6
			<i>Crex Crex</i>	Wachtelkönig	175
<i>Otididae</i>		<i>Otis tarda</i>	Trappe	11	
<i>Ciconiiformes</i>	<i>Ciconiidae</i>		<i>Ciconia ciconia</i>	Storch	87
	<i>Ardeidae</i>		<i>Ardea cinera</i>	Graureiher	143
			<i>Botaurus stellaris</i>	Rohrdommel	5
				Reiher	35
<i>Podicipedi- formes</i>	<i>Podicipedidae</i>		<i>Podiceps cristatus</i>	Haubentaucher	15
			<i>Podiceps nigricollis</i>	Schwarzhalbtaucher	9
			<i>Podiceps ruficollis</i>	Zwergtaucher	2
			<i>Podiceps spp.</i>	Taucher	8
<i>Accipitriformes</i>	<i>Accipitidae</i>			Greifvögel	192
			<i>Buteo buteo</i>	Mäusebussard	109
				Bussard	248
			<i>Accipiter nisus</i>	Sperber	111
			<i>Accipiter gentilis</i>	Habicht	57
			<i>Haliaeetus albicilla</i>	Seeadler	14
				Adler	2
			<i>Milvus spp.</i>	Milan	50
		<i>Circus spp.</i>	Weihe	6	
<i>Pandionidae</i>		<i>Pandion haliaetus</i>	Fischadler	87	
<i>Falconiformes</i>	<i>Falconidae</i>		<i>Falco spp.</i>	Falke	75
			<i>Falco tinnunculus</i>	Turmfalke	106
			<i>Falco columbarius</i>	Merlin	2
<i>Strigiformes</i>	<i>Strigidae</i>		<i>Strix aluco</i>	Waldkauz	60
			<i>Athene noctua</i>	Steinkauz	7
				Kauz	9
				Eule	54
		<i>Asio otus</i>	Waldohreule	28	
<i>Tytonidae</i>		<i>Tyto alba</i>	Schleiereule	87	

noch Tabelle 1

Ordnung	Familie	Unterfamilie		Spezies		
Passeriformes	<i>Alaudidae</i>			Lerche	2	
	<i>Hirundinidae</i>			Schwalbe	11	
	<i>Muscicapidae</i>		<i>Muscicapa striata</i>	Grauschnäpper	1	
	<i>Passeridae</i>		<i>Passer spec.</i>	Sperling	15	
	<i>Corvidae</i>			<i>Corvus frugilegus</i>	Saatkrähe	21
				<i>Corvus corone cornix</i>	Nebelkrähe	111
				<i>Corvus corone</i>	Aaskrähe	1
				<i>Corvus spec.</i>	Raben	18
				<i>Corvus corax</i>	Kolkrabe	44
				<i>Pica pica</i>	Elster	35
				<i>Garullus glandarius</i>	Eichelhäher	23
				<i>Corvus spec.</i>	Krähe	41
	<i>Turdidae</i>			<i>Turdus merula</i>	Amsel	24
					Drossel	6
	<i>Sturnidae</i>			<i>Sturnus vulgaris</i>	Star	20
	<i>Bombycillidae</i>			<i>Bombycilla garrulus</i>	Seidenschwanz	8
	<i>Paridae</i>			<i>Parus spp.</i>	Meise	10
	<i>Sylviidae</i>			<i>Acrocephalus spec.</i>	Rohrsänger	4
				<i>Locustella spec.</i>	Schwirl	5
	<i>Motacillidae</i>			<i>Anthus pratensis</i>	Wiesenpieper	5
				<i>Motacilla alba</i>	Bachstelze	5
	<i>Fringillidae</i>			<i>Carduelis spinus</i>	Erlenzeisig	6
				<i>Carduelis chloris</i>	Grünfink	6
<i>Carduelis carduelis</i>				Stieglitz	1	
				Fink	5	
<i>Coccothraustes coccothraustes</i>				Kernbeisser	5	
<i>Sittidae</i>			<i>Sitta europea</i>	Kleiber	1	
				sonst. Singvögel	23	
<i>Coraciiformes</i>	<i>Alcedinidae</i>		<i>Alecco atthis</i>	Eisvogel	3	
<i>Pelecaniformes</i>	<i>Phalacrocoracidae</i>		<i>Phalacrocorax carbo</i>	Kormoran	292	
<i>Cuculiformes</i>	<i>Cuculidae</i>		<i>Cuculus canorus</i>	Kuckuck	1	
<i>Piciformes</i>	<i>Picidae</i>			Specht	16	
<i>Columbiformes</i>	<i>Columbidae</i>			Taube	70	
<i>Apodiformes</i>	<i>Apodidae</i>		<i>Apus apus</i>	Mauersegler	29	
sonstige Vögel					175	

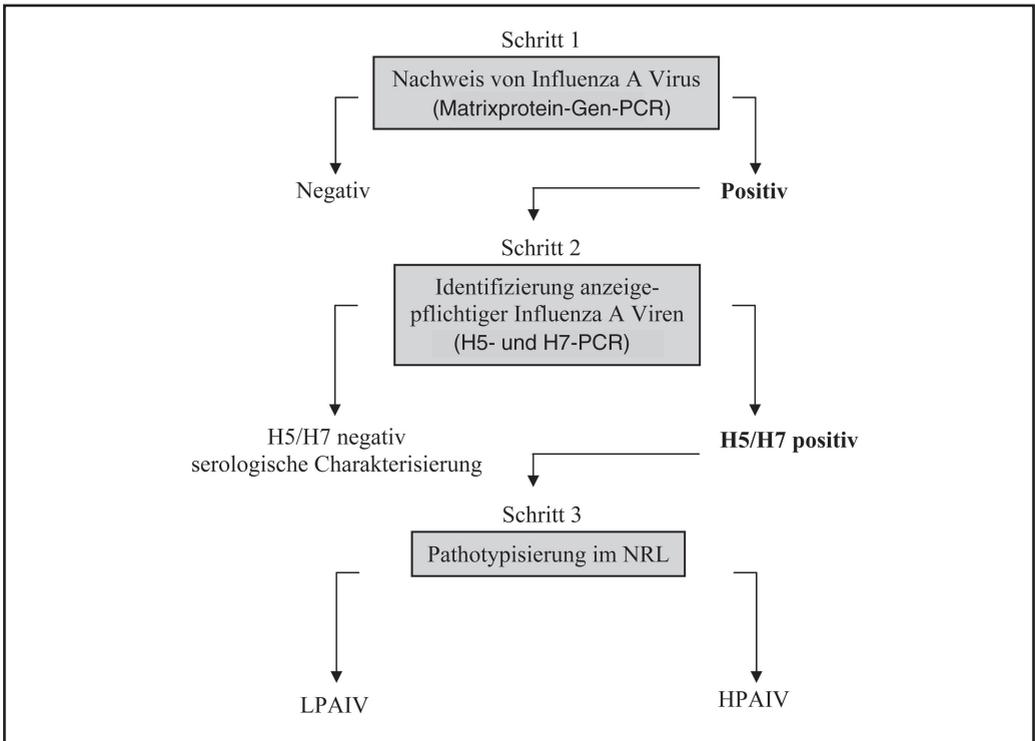


Abb. 1 Influenza A Virusdiagnostik im Rahmen des Wildvogelmonitoring, adaptiert aus 2006/437/EG

in der Wildvogelpopulation des Landes Brandenburg detektiert werden konnten. Über den gesamten Berichtszeitraum wurden 46 LPAIV verschiedener Subtypen bei Wildvögeln nachgewiesen. Die Zuordnung der AIV-Nachweise bzw. der gewonnenen Virusisolate zu den entsprechenden aviären Spezies zeigt Abb. 2 und Tab. 2. Bei den Isolaten, deren weitere Differenzierung noch aussteht, kann definitiv ausgeschlossen werden, dass es sich um HPAIV handelt (Tab. 2).

Diskussion

Hochpathogene aviäre Influenza A Viren (HPAIV) führen zu vermehrten Tierverlusten in der Wildvogelpopulation und Schäden in der Geflügelwirtschaft. Zum Nachweis des Vorkommens von HPAIV H5N1 und anderen AIV-Subtypen sowie zur Risikobewertung wurden Maßnahmen zur Überwachung und Früherkennung der Verbreitung von AIV in Wildvögeln

und Hausgeflügelbeständen auf der Ebene der Europäischen Union festgelegt (2005/94/EG, 2007/268/EG). Das Wildvogelmonitoring dient dabei als Frühwarnsystem für das Auftreten von HPAIV. Zur Umsetzung des Wildvogelmonitorings wurden die eingesandten Proben im Landeslabor Brandenburg mit für Europa bzw. Deutschland verbindlich vorgegebenen diagnostischen Methoden untersucht (2006/437/EG, ANONYM, 2008a, ANONYM, 2008b). Die vorwiegend angewandten molekularbiologischen Methoden sind hoch spezifisch, sensitiv und erlauben neben der zeitnahen Ergebnisbereitstellung eine Pathotypisierung der AIV-Isolate (SLOMKA et al., 2007). So kann das Auftreten von AIV schnell und mit hoher Sicherheit nachgewiesen werden und eine Differenzierung der Patho- und Subtypen erfolgen. Darüber hinaus ermöglicht eine weitergehende molekulargenetische Charakterisierung der Isolate die Einordnung des Infektionsgeschehens in den epidemiologischen Zusammenhang (UNGER et al., 2008).

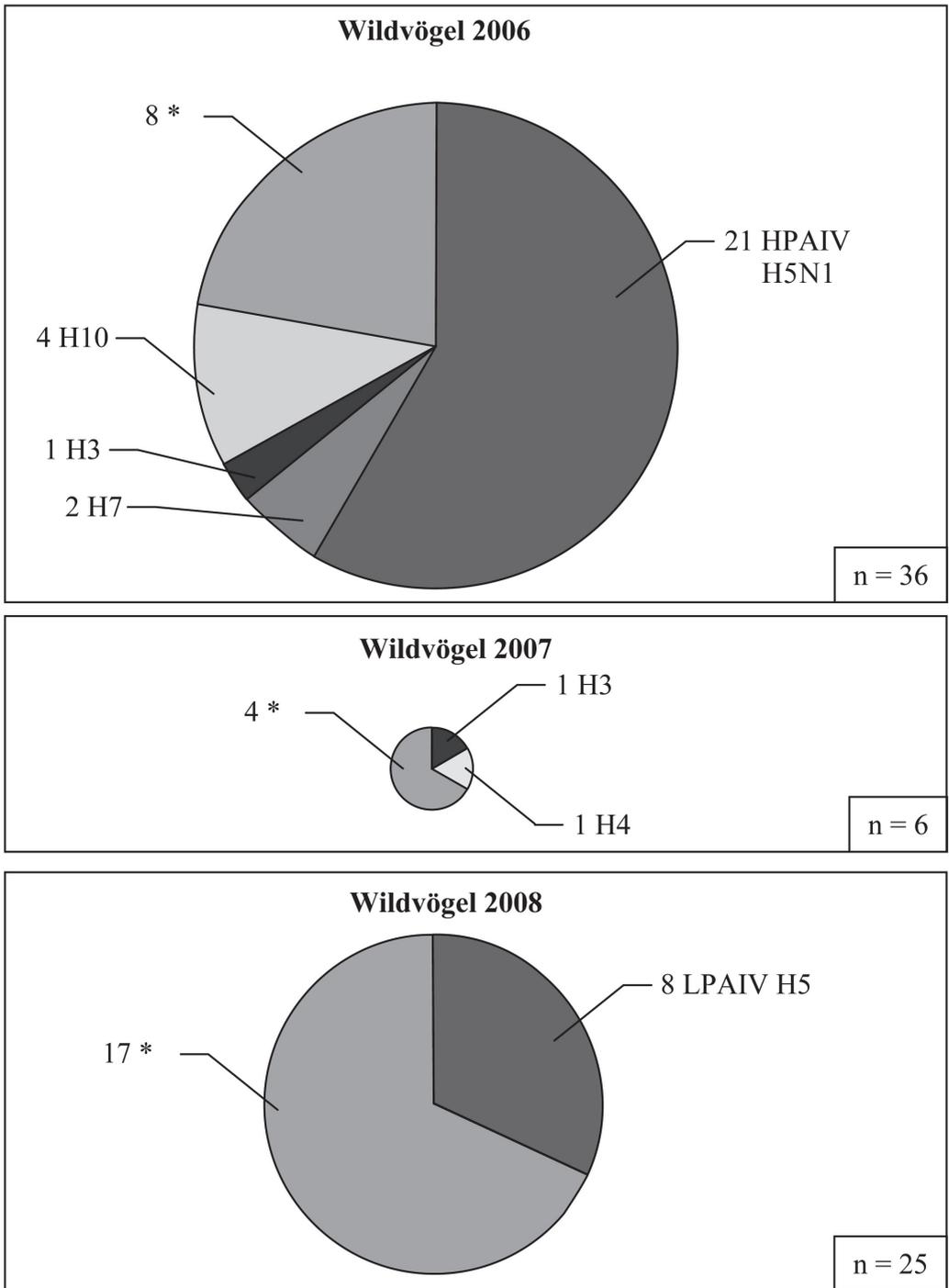


Abb. 2 Verteilung der nachgewiesenen Influenza A Virussubtypen 2006–2008 im Land Brandenburg (* = Bei Erstellung des Manuskriptes lag keine Differenzierung der Subtypen durch das NRL des FLI vor.)

Tabelle 2 Verteilung der nachgewiesenen Influenza A Viren und deren Subtypen innerhalb der Spezies (* = Bei Erstellung des Manuskriptes lag keine Differenzierung der Subtypen durch das NRL des FLI vor.)

Spezies	AIV positiv	HPAIV H5N1	LPAIV
Höckerschwan (<i>Cygnus olor</i>)	6	5	*
Singschwan (<i>Cygnus cygnus</i>)	9	4	*
„Schwan“	2	1	H7
Graugans (<i>Anser anser</i>)	1	1	-
Saatgans (<i>Anser fabalis</i>)	4	0	*
„Wildgans“	3	2	H7
Stockente (<i>Anas platyrhynchos</i>)	13	0	H3, H4, H5, *
„Wildente“	6	1	*
Weißstorch (<i>Ciconia ciconia</i>)	2	2	-
Turmfalke (<i>Falco tinnunculus</i>)	1	1	-
Blesshuhn (<i>Fulica atra</i>)	9	1	H10, *
Haubentaucher (<i>Podiceps cristatus</i>)	1	0	*
Kormoran (<i>Phalacrocorax carbo</i>)	2	0	*
Schleiereule (<i>Tyto alba</i>)	1	0	H3
„Bussard“	6	2	H10, *
„Greifvogel“	1	1	-
Gesamt	67	21	H3

Im Land Brandenburg wurden in den Jahren 2006–2008 insgesamt 6667 Wildvögel untersucht. Die verstärkte Beprobung und Untersuchung in 2006 ergab sich aus der damals aktuellen Risikoanalyse und den europaweit vermehrt gemeldeten Nachweisen von HPAIV H5N1 (UNGER et al., 2008). Eine Sensibilisierung der Öffentlichkeit bezüglich des möglichen Vorkommens von HPAIV H5N1 in Deutschland durch die Medien führte zudem zu einer vermehrten Einsendung tot aufgefundener Wildvögel. Bei den 2006 im Land Brandenburg untersuchten Wildvögeln wurde in 21 Fällen HPAIV H5N1 nachgewiesen. Nachweise traten gehäuft in Spezies der Familie der Anatidae (Entenvögel) auf. Zwar stellten die Anatidae mit 38 % der im Wildvogelmonitoring untersuchten Vögel auch eine überproportional beprobte Familie dar, die Tatsache, dass 67 % der HPAIV H5N1 Nachweise auf die Familie der Anatidae entfielen unterstreicht jedoch deren Schlüsselstellung in der Epidemiologie aviärer Influenzaviren (WEBSTER et al., 1992). Innerhalb der Familie der Anatidae hatten die Cyg-

ninae (Schwäne) mit über 71 % einen großen Anteil an HPAIV H5N1 Nachweisen. Eine vermehrte Nachweisrate von HPAIV H5N1 „Asia“ bei Schwänen verbunden mit einer erhöhten Mortalität in dieser Gattung wurde deutschland- und europaweit seit 2005 beobachtet, woraufhin diese als Indikatoren betrachtet werden (HARS et al., 2008, TEIFKE et al., 2007, TERREGINO et al., 2006, UNGER et al., 2008). Weitere HPAIV H5N1 Nachweise gelangen auch bei einem Storchpaar (*Ciconia ciconia*), einer Blässralle (*Fulica atra*), einem Turmfalken (*Falco tinnunculus*) und drei nicht näher differenzierten Greifvögeln. Die Isolation eines HPAIV H5N1 bei einem Weißstorchpaar im Land Brandenburg ist der erste Nachweis dieses Virussubtyps beim Weißstorch in Deutschland (HLINAK et al. 2008). Aufgrund seiner Habitatnutzung, der Vergesellschaftung mit Artgenossen sowie dem Grad der Mischung mit anderen Wildvogelspezies werden Weißstörche als Langstreckenzieher als eine Spezies mit einem erhöhten Risiko für eine Einschleppung von HPAIV H5N1 in die Europäische Union an-

gesehen (VEEN et al. 2009). Die vorliegende Studie widerspricht dieser Hypothese. Auf der Grundlage der Ergebnisse muss davon ausgegangen werden, dass es sich hier eher um ein Einzelereignis einer im Land Brandenburg erworbenen Infektion handelt, die aufgrund eines erhöhten Infektionsdrucks in 2006 in einem Gebiet mit hoher Dichte an wildem Wassergeflügel begünstigt wurde.

Parallel zu den Wildvögeln wurde auch Hausgeflügel untersucht (Hausgeflügel: 2006: 6906 Proben, 2007: 3398 Proben, 2008: 4581 Proben). Im Gegensatz zu den Wildvögeln wurde HPAIV H5N1 im Hausgeflügel im Land Brandenburg erst 2007 bei 26 Tieren aus drei Kleinstbeständen nachgewiesen (HARDER et al., 2009). Bei allen anderen 2006, 2007 und 2008 AIV positiv getesteten Proben handelte es sich um LPAIV (n=92). Das Hausgeflügel- und Wildvogelmonitoring zeigte für das Land Brandenburg damit insbesondere ein zeitlich und auch räumlich getrenntes Auftreten von HPAIV H5N1 in Hausgeflügel- und Wildvogelbeständen. Eine Übertragung des HPAIV H5N1 aus der Wildvogelpopulation in die Hausgeflügelbestände im Dezember 2007 kann aufgrund der Monitoringdaten als unwahrscheinlich angesehen werden, da 2007 und auch 2008 bei keinem der 3605 im Wildvogelmonitoring untersuchten Tiere HPAIV H5N1 isoliert werden konnte. Allerdings ist zu betonen, dass auch weiterhin das wilde Wassergeflügel als potenzielles Erregerreservoir und somit als Überträger von HPAIV H5N1 angesehen werden muss. So konnten HARDER et al. (2009) einen Ausbruch in drei Putenbeständen in Bayern im Sommer 2007 zeitlich, räumlich und auch phylogenetisch mit wildem Wassergeflügel in Verbindung bringen. Das Wildvogelmonitoring ist nicht nur auf die Untersuchung der Verbreitung von HPAIV H5N1 ausgerichtet. Es soll vielmehr zusätzlich Hinweise über die Verbreitung anderer AIV-Subtypen liefern. LPAIV konnten im Land Brandenburg über den gesamten Zeitraum nachgewiesen werden. Dabei handelte es sich, soweit differenziert um H3, H4, H7, H10 und LPAIV H5 (siehe auch Abb. 3). Insbesondere aus den LPAIV der Subtypen H5 und H7 können nach Übertragung auf Hühnervögel durch Mutation HPAIV de novo entstehen (WEBSTER et al., 1992, HARDER & WERNER 2006).

Die kontinuierliche Untersuchung zu Vorkommen und Verbreitung von AIV in der Wildvogelpopulation und den Hausgeflügelbeständen ist die Basis für eine umfassende Risikobewertung zum Schutz der Geflügelwirtschaft vor AIV Einträgen aus dem Wildvogelbereich, aber auch zum Schutz der Wildvögel sowie des Menschen vor Expositionen gegenüber HPAIV aus dem Hausgeflügelbereich. Die durch die labordiagnostischen Untersuchungen bereitgestellten Daten zum Nachweis von AIV in der Wildvogelpopulation und den Hausgeflügelbeständen stellen einen wesentlichen Bestandteil zum Schutz vor der Ausbreitung von HPAIV dar.

Danksagung

Unser Dank gilt den beteiligten technischen Mitarbeiterinnen des Landeslabors Brandenburg, den Jagdbeauftragten, dem NABU, dem Landesumweltamt und den Mitarbeitern des Friedrich-Loeffler-Instituts.

Zusammenfassung

Hochpathogene aviäre Influenza A Viren (HPAIV) des Subtyps H5N1 „Asia“ verursachten in Europa in den letzten Jahren vermehrte Tierverluste in der Wildvogelpopulation und große Schäden in der Geflügelwirtschaft. Zur Risikobewertung und Früherkennung des Auftretens dieses oder eines anderen HPAIV wurden auf Ebene der Europäischen Union Untersuchungsprogramme für Wildvögel- und Hausgeflügelbestände für die Mitgliedstaaten gesetzlich vorgeschrieben. In diese Programme ist das Landeslabor Brandenburg als staatliche Einrichtung eingebunden, die die im Land Brandenburg genommenen Proben mit den gesetzlich vorgeschriebenen Methoden untersucht (2006/437/EG). Insgesamt wurden von 2006–2008 6667 Wildvögel untersucht, von denen bei 67 Tieren Influenza A spezifische Genomsequenzen detektiert werden konnten. Die weitere Identifizierung ergab den Nachweis von 21 HPAIV H5N1.

Summary

Avian influenza A: monitoring investigations in the federal state of Brandenburg

Highly pathogenic avian influenza A virus (HPAIV) of subtype H5N1 caused increased losses in the population of wild birds and domestic poultry over the last years in Europe. The European Union adopted legislative provisions recruiting all member states to implement surveillance programmes for avian influenza in poultry and wild birds to ensure early detection of HPAIV H5N1 or other HPAIVs. The Landeslabor Brandenburg is the national authority incorporated in this programme as the official examination centre, investigating the samples of Brandenburg according to legal, harmonized methods (2006/437/EG). In total an amount of 6667 wild birds was analysed from 2006 until 2008. Influenza A virus specific genome sequences were found in 67 wild birds. Further investigations resulted in the detection of 21 HPAIV H5N1.

Literatur

- ANONYM (2008a): Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals. – Hrsg.: O.I.E. (WORLD ORGANIZATION FOR ANIMAL HEALTH). – http://www.oie.int/eng/normes/mmanual/A_summy.htm.
- ANONYM (2008b): Amtliche Methodensammlung für anzeigepflichtige Tierseuchen. – Hrsg.: FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT, BUNDESFORSCHUNGSINSTITUT FÜR TIERGESUNDHEIT – http://www.fli.bund.de/fileadmin/user_upload/Dokumente/Publikationen/Methodensammlung_FLI_0809.pdf.
- EUROPÄISCHE UNION (2005): 2005/94/EG: Richtlinie des Rates vom 20. Dezember 2005 mit Gemeinschaftsmaßnahmen zur Bekämpfung der Aviären Influenza und zur Aufhebung der Richtlinie 92/40/EWG. Amtsblatt der Europäischen Union L 317: 28–39.
- EUROPÄISCHE UNION (2006): 2006/437/EG: Entscheidung der Kommission vom 4. August 2006 über die Genehmigung eines Handbuchs zur Diagnose der Aviären Influenza gemäß der Richtlinie 2005/94/EG. Amtsblatt der Europäischen Union L 237: 1–27.
- EUROPÄISCHE UNION (2007): 2007/267/EG: Entscheidung der Kommission vom 13. April 2007 über die Durchführung von Programmen zur Überwachung der Aviären Influenza bei Hausgeflügel und Wildvögeln in den Mitgliedstaaten und zur Änderung der Entscheidung 2005/450/EG. Amtsblatt der Europäischen Union L 115: 3–17.
- FOUCHIER, R.A.M.; MUNSTER, V.; WALLENSTEN, A.; BESTEBROER, T.M.; HERFST, S.; SMITH, D.; RIMMELZWAAN, G.F.; OLSEN, B.; OSTERHAUS, A.D.M.E. (2005): Characterization of a novel influenza A virus hemagglutinin subtype (H16) obtained from black-headed gulls. – *Journal of Virology* 79 (5): 2814–2822.
- HARDER, T.C.; WERNER, O. (2006): Aviäre Influenza. – In: Influenzereport. KAMPS, B.; HOFFMANN, C.; PREISER, W. (Hrsg.): Flying publisher. – <http://www.influenzereport.com/ir/de.htm>.
- HARDER, T.C.; TEUFFERT, J.; STARICK, E.; GETHMANN, J.; GRUND, C.; FEREDOUNI, S.; DURBAN, M.; BOGNER, K.H.; NEUBAUER-JURIC, A.; REPPER, R.; HLINAK, A.; ENGELHARDT, A.; NÖCKLER, A.; SMIETANKA, K.; MINTA, Z.; KRAMER, M.; GLOBIG, A.; METTENLEITER, T.C.; CONRATHS, F.J.; BEER, M. (2009): Highly Pathogenic avian influenza virus (H5N1) in frozen duck carcasses, Germany, 2007. – *Emerging Infectious Diseases* 15 (2): 272–279.
- HARS, J.; RUETTE, S.; BENMERQUI, M.; FOUQUE, C.; FOURNIER, J.Y.; LEGOUGE, A.; CHERBONNEL, M.; DANIEL, B.; DUPUY, C.; JESTIN, V. (2008): The epidemiology of highly pathogenic H5N1 avian influenza in mute swan (*Cygnus olor*) and other *Anatidae* in the Dombes region (France), 2006. – *Journal of Wildlife Diseases* 44 (4): 811–823.
- HLINAK, A.; STARICK, E.; GLOBIG, A.; SCHULZE, C.; PILSL, H.; HARDER, T.C.; FREULING, C.; GRUND, C.; MÜHLE, R.U.; ENGELHARDT, A.; CONRATHS, F.J.; SASS, B.; MÜLLER, T. (2008): Untersuchungen zur Influenza A-Virusinfektion des Weißstorchs (*Ciconia ciconia*) in Brandenburg. – 27. AVID Tagung Virologie, Kloster Banz 17.–19.09.2008.
- HOFFMANN, B.; HARDER, T.; STARICK, E.; DEPNER, K.; WERNER, O.; BEER, M. (2007): Rapid and highly sensitive pathotyping of avian influenza A H5N1 virus by using real-time reverse transcription – PCR. – *Journal of Clinical Microbiology* 45: 600–603.
- UNGER, F.; HARDER, T.; CONRATHS, F.J.; TEUFFERT, J.; STAUBACH, C.; GLOBIG, A.; GRUND, C.; BEER, M.; METTENLEITER, T.C. (2008): Klassische Geflügelpest H5N1. Rückblick und aktuelle Synopsis der globalen Situation unter besonderer Berücksichtigung des Geschehens in Deutschland. – *Tierärztliche Praxis* 36 (G): 5–13.
- SLOMKA, M.J.; COWARD, V.J.; BANKS, J.; LÖNDT, B.Z.; BROWN, I.H.; VOERMANS, J.; KOCH, G.; HANDBERG, K.J.; JØRGENSEN, P.H.; CHERBONNEL-PANSART, M.; JESTIN, V.; CATTOLI, G.; CAPUA, I.; EJDERSUND, A.; THORÉN, P.; CZIFRA, G. (2007): Identification of sensitive and specific avian influenza polymerase chain reaction methods through blind ring trials organized in the European Union. – *Avian Diseases* 51 (1 Suppl): 227–234.
- SPACKMAN, E.; SENNE, D.A.; MYERS, T.J.; BULAGA, L.L.; GARDER, L.P.; PERDUE, M.L.; LOHMAN, K.; DAUM, L.T.; SUAREZ, D.L. (2002): Development of a real-time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes. – *Journal of Clinical Microbiology* 40: 3256–3260.
- STARICK, E.; WERNER, O.; KADEN, V. (2005): Laboratory diagnosis of avian influenza by reverse transcription (RT) – PCR. – *Berlin Münchener Tierärztliche Wochenschrift* 118 (7-8): 290–295.
- TEIFKE, J.P.; KLOPFLEISCH, R.; GLOBIG, A.; STARICK, E.; HOFFMANN, B.; WOLF, P.U.; BEER, M.; METTENLEITER, T.C.; HARDER, T.C. (2007): Pathology of natural infec-

- tions by H5N1 highly pathogenic avian influenza virus in mute (*Cygnus olor*) and whooper (*Cygnus cygnus*) swans. – *Veterinary Pathology* **44**: 137–143.
- TERREGINO, C.; MILANI, A.; CAPUA, I.; MARINO, A.M.; CALVALIERE, N. (2006): Highly pathogenic avian influenza H5N1 subtype in mute swans in Italy. – *Veterinary Record* **158** (14): 491.
- VEEN, J.; BROUWER, J.; ATKINSON, P.; BILGIN C.; BLEW, J.; EKŞIOĞLU, S.; HOFFMANN, M.; NARDELLI, R.; SPINA, F.; TENDI, C.; DELANY, S. (2007): Ornithological data relevant to the spread of Avian Influenza in Europe (phase 2): further identification and first field assessment of Higher Risk Species. Wetlands International, Wageningen, The Netherlands. – http://ec.europa.eu/environment/nature/conservation/wildbirds/birdflue/docs/spread_avian_influenza.pdf.
- WEBER, S.; HARDER, T.; STARICK, E.; BEER, M.; WERNER, O.; HOFFMANN, B.; METTENLEITER, T.C.; MUNDT, E. (2007): Molecular analysis of highly pathogenic avian influenza virus of subtype H5N1 isolated from birds and mammals in northern Germany. – *Journal of General Virology* **88**: 554–558.
- WEBSTER, R.G.; BEAN, W.J.; GORMAN, O.T.; CHAMBERS, T.M.; KAWAOKA, Y. (1992): Evolution and ecology. – *Microbiological Reviews* **56** (1): 152–179.
- Anschriften der Verfasser:*
- Dr. SABINE BILK, Dr. ANDREAS ENGELHARDT, NELE MATTHES, Dr. CHRISTOPH SCHULZE, Dr. ANDREAS HLINAK
Landeslabor Berlin-Brandenburg
Gerhard Neumann Str. 2/3,
D-15236 Frankfurt (Oder)
- PD Dr. TIMM HARDER
Institut für Virusdiagnostik,
Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Südufer 10
D-17493 Greifswald/Insel Riems
- Dr. RALF-UDO MÜHLE, Potsdam
Ökologische Station Gülpe
Universität Potsdam
D-14715 Gülpe
- Dr. THOMAS MÜLLER
Institut für Epidemiologie,
Friedrich-Loeffler-Institut
Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit
Seestraße 55
D-16868 Wusterhausen

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Beiträge zur Jagd- und Wildforschung](#)

Jahr/Year: 2009

Band/Volume: [34](#)

Autor(en)/Author(s): diverse

Artikel/Article: [Aviäre Infl uenza A: Untersuchungen im Rahmen des Wildvogelmonitorings im Land Brandenburg 115-125](#)