

Evolution und Ausbreitung des Vogelgrippe-Virus H5N1 Asia sowie Aspekte der Biosicherheit

von S. Lorenzen

(23 Literaturangaben)

Kurztitel: Evolution und Verbreitung von H5N1 Asia

Stichworte: Vogelgrippe-Virus H5N1 Asia – Entwicklung – Ausbreitung – Biosicherheit – Geflügelpestverordnung vom 18. 10. 2007

Zusammenfassung

Von allen asiatischen hochpathogenen Varianten des Vogelgrippe-Virus H5N1, die in China seit 1996 entstanden sind und dem Typ Asia zugeordnet werden, wurde nur eine nach Westen verschleppt. Sie wurde erstmals im Mai 2005 aus wild lebenden Streifengänsen am riesigen Hochgebirgs-Salzsee Qinghai in Zentralchina isoliert und erreichte 2006 Europa und Afrika. Die ursprüngliche Hypothese, dass Zugvögel diese Variante fernverschleppten, ist

aus mindestens neun Gründen nicht mehr haltbar. Viel wahrscheinlicher ist, dass die H5N1-Qinghai-Variante durch menschliche Aktivitäten nach Westen und dort von Land zu Land verbreitet wurde. Betriebe mit freilaufendem Geflügel und Bestände von Wildvögeln sind als biosicherer zu beurteilen als Geflügel-Großbetriebe, die miteinander vernetzt sind. Diese Erkenntnis findet in der Geflügelpest-Verordnung vom 18. 10. 2007 zu wenig Beachtung.

Abstract

Evolution and geographical spread of the Avian Influenza Virus H5N1 Type Asia and the problem of biosecurity

Key words: Avian influenza H5N1 evolution and spread over long distances – German avian flu order

Various »highly pathogenic« strains of the avian influenza virus H5N1 type Asia evolved in China since 1996, but only one of them spread west. This strain was isolated first in May 2005 from bar-headed geese breeding at the huge mountain salt-water Lake Qinghai in central China and reached Europe and Africa in early 2006. The previous hypothesis, according to which migratoring birds transported the Qinghai strain over long distances, has suffered severely from at least nine arguments.

Now it seems highly probable that the Qinghai strain was spread west and thence from one country to the next by human activities.

Smaller flocks of free-ranging poultry and aggregations of wild birds must be taken to be more biosecure than large-scale poultry operations. This widely accepted view is not adequately reflected by the German avian flu order from October 18th 2007.

1 Warum H5N1 Asia Sorgen bereitet

Aus zwei Gründen erregt das Vogelgrippe-Virus Typ H5N1 Asia Sorge. Erstens hat es seit 1996 eine turbulente Evolution in Südchina durchlaufen und zur Keulung von Hunderten Millionen von Hausvögeln in Südost-Asien geführt (Kilpatrick et al., 2006). Nur eine einzige Variante wurde westwärts verbreitet und erreichte Anfang 2006 Europa und Afrika. Zweitens sind schon 330 Menschen an asiatischen H5N1-Varianten erkrankt, und 202 von ihnen sind daran gestorben (Weltgesundheitsorganisation WHO am 12. Oktober 2007). Eine an den Menschen angepasste asiatische H5N1-Variante, die von Mensch zu Mensch übertragen werden kann, ist noch nicht bekannt geworden, doch vielfach wird befürchtet, eine solche Variante könnte innerhalb der nächsten wenigen Jahre entstehen und dann eine Pandemie (weltweite Seuche) in der menschlichen Bevölkerung verursachen mit bis zu 150 Millionen Toten (z. B. Liu et al., 2005; Chen et al., 2006).

Aus den genannten beiden Gründen müssen gegenwärtig kursierende H5N1-Varianten ernst genommen werden. Geeignete Maßnahmen gegen sie

sind zu ergreifen und ungeeignete Maßnahmen sind zu vermeiden. Doch wo liegt die Grenze zwischen ihnen? Gehört die deutsche Geflügelpest-Verordnung vom 18. Oktober 2007 zu den geeigneten oder zu den ungeeigneten Maßnahmen gegen H5N1 Asia? Diese Frage sei im folgenden naturwissenschaftlich geprüft.

2 Evolution von H5N1 in Südost-Asien

Den Prototyp von H5N1 Asia gibt es nicht mehr, wohl aber spätere Varianten von ihm. Der Prototyp wurde neben einer anderen H5N1-Variante 1996 auf einer Gänsefarm in Guangdong in Südchina gefunden und als GS/GD bezeichnet (Goose/Guangdong) (Xu et al., 1999). Die Bedingungen für die weitere Evolution von GS/GD waren ideal in Südchina und anderen Ländern im Fernen Osten (GRAIN, 2006):

- 1) Die Geflügelindustrie war gewaltig gewachsen, allein in China in den 1990-er Jahren um das Dreifache. Es entstanden Massenansammlungen von Geflügel, die hochgradig anfällig für Tierseuchen sind.
- 2) Hühnerkot wurde auf Anregung durch die Welternährungsorganisation (FAO) direkt in benachbarte

Gewässer geleitet, um dort die Fischereierträge zu erhöhen. Mit dem Kot konnten auch Krankheitskeime ins Freie gelangen. Nach *Williams* (2006) wurden sogar Hühner-Kadaver als Fischfutter in die Gewässer gegeben.

- 3) Nach uralter Gewohnheit wird im Fernen Osten viel Schlachtgeflügel lebend auf den Märkten angeboten und die nicht verkauften Tiere kommen anschließend in die Betriebe zurück. Die Märkte boten also eine ideale Gelegenheit zur Durchmischung von Viren und deren Eintrag in die Betriebe.

Li et al. (2004) fand Hinweise, dass die H5N1-Variante *GS/GD* auf die genannte Weise mehrfach in Kontakt mit anderen Vogelgrippe-Viren gekommen sein muss und dass die Viren hierbei Gene ausgetauscht haben (Reassortierung von Genen). So entstand aus der Variante *GS/GD* zunächst eine veränderte Variante, die 1997 in Hongkong (benachbart zu Guangdong) Geflügelpest in Geflügelhaltungen auslöste (*Guan et al.*, 2002). Mehr als 1,5 Millionen Stück Geflügel wurden allein damals gekeult. Die Variante *GS/GD* war noch bis 2000 in Südchina nachweisbar, ab 2001 nicht mehr. Stattdessen fanden *Li et al.* (2004) sechs neue H5N1-Varianten, die Gene von *GS/GD* und anderen Vogelgrippe-Viren enthielten. Von dieser neuen Vielfalt setzte sich von Januar 2002 bis 2004 eine Variante durch, deren Genotyp die Autoren als Z bezeichneten.

Chen et al. (2006) fanden Viren des Genotyps Z in Guangdong und den benachbarten Provinzen Guangxi und Hunan wieder, allerdings in veränderter Form. Die Autoren stellten fest, dass in dieser südchinesischen Region nicht nur die weltweit größte H5N1-Diversität besteht, sondern dass auch viele andere Vogelgrippe-Subtypen auf den Geflügel-Märkten (H3, H6, H9, H11 und andere) und bei ziehenden Wildenten (H1, H3, H4, H5, H6, H10) zirkulieren. Alle Subtypen konnten bei gesund wirkenden Vögeln gefunden werden. Die Befallsraten mit H5N1 waren gering (0,26 % bei Hühnern, 1,83 % bei Hausenten, 1,90 % bei Hausgänsen, 0,34 % bei Wildenten). Wegen der Vielfalt an Vogelgrippe-Viren und speziell an Abkömmlingen der *GS/GD*-Variante

bezeichneten die Autoren Südchina als das mögliche »Epizentrum«, von dem aus sich die befürchtete menschliche Grippe-Pandemie ausbreiten könnte.

Wichtig aus europäischer Sicht ist ein weiterer Befund von *Chen et al.* (2006). Sie fanden am riesigen Poyang Hu (je nach Wasserstand bis 5070 Quadratkilometer groß, Bodensee nur 536 Quadratkilometer, Hu = See) im Januar und März 2005 in sechs von 4316 beprobten überwinternden und gesund wirkenden, doch unbestimmten Zug-Wildenten den Z- und den V-Genotyp von H5N1, je einen Typ pro Ente. Die gleichen Genotypen isolierten sie auch in umliegenden Geflügelbetrieben. Sehr wahrscheinlich habe das Hausgeflügel die Wildenten infiziert, nicht umgekehrt, so die Autoren. Im Mai 2005 starben 1700 km weiter westlich, im Hochgebirge am noch größeren Qinghai Hu (abflussloser Salzsee in 3200 m Höhe, 5700 Quadratkilometer groß) rund 6000 wild lebende Wasservögel an hochpathogener Vogelgrippe. Betroffen waren vor allem Streifengänse (*Yasué et al.*, 2006; *Chen et al.*, 2006). Als Verursacher des Massensterbens fanden *Chen et al.* (2006) eine neue H5N1-Variante, deren Genotyp eine Mischung der zuvor gefundenen Z- und V-Genotypen vom Poyang Hu darstellte. Wie und wo die Qinghai-Variante entstanden war, blieb unklar. Allein sie jedoch gelangte von China aus nach Westen bis nach Europa und Afrika (*Kilpatrick et al.*, 2006).

Die WHO (2007) hat mittlerweile eine einheitliche Nomenklatur für die hochpathogenen H5N1-Viren fernöstlichen Ursprungs geschaffen. Nach ihr gehören der Qinghai-Typ und seine Nachfolger zum Kladus (Zweig) 2.2 im phylogenetischen Baum. Diese Viren verursachten Ausbrüche in Mongolei (2005), Türkei (2005, 2006), Iran (2006), Irak (2006), Aserbeidschan (2006), Nigeria (2006) und Ägypten (2006 und 2007) (WHO, 2007). Nach *Starick et al.* (2007) gehören zu diesem Kladus auch alle in Deutschland und den anderen europäischen Ländern gefundenen H5N1-Varianten von 2006 und 2007. Die übrigen Varianten, die auf den Fernen Osten beschränkt geblieben sind, zählen zu den Kladen 0, 1, 2.1, 2.3, 2.4 und 3 bis 9 des phylogenetischen Baums.

Die hochpathogene Aviäre Influenza (HPAI) wird als Geflügelpest bezeichnet, die geringpathogene AI (LP AI) als Vogelgrippe (*Werner u. Kaleta*, 2005). Das Virus kann in beiden Fällen als Vogelgrippe-Virus benannt werden.

3 Das Aus der Hypothese, Zugvögel könnten H5N1 Asia fernverschleppen

Die Hypothese, Zugvögel könnten H5N1 Asia fernverschleppen, gründet auf einem mittlerweile erkannten Irrtum. Ursprünglich meinte man (z. B. *Chen et al.*, 2006), der Qinghai Hu sei derart entlegen und fern von aller Geflügelindustrie, dass nur Zugvögel die hochpathogene Qinghai-Variante oder ihre beiden Vorläufer vom Poyang Hu zum Qinghai Hu verschleppt haben könnten. Wenn aber Zugvögel das Virus 1700 km weit verschleppen können, dann sei als möglich zu erachten, dass sie das Virus auch die weiteren 7000 km nach Europa fernverschleppen könnten, natürlich nicht in einem Stück, sondern nach Art eines Staffellaufs mit kaskadenartige Ausbrüchen der Seuche unterwegs wie in der Mongolei, in Sibirisch Russland, Europa und Afrika (*Chen et al.*, 2006). Und weil die Brutvögel des Qinghai Hu in Südost-Asien, Sibirien, Australien und Neuseeland überwintern, hätte die Qinghai-Variante sogar das Potenzial für eine globale Bedrohung (*Liu et al.*, 2005).

Diese Hypothese stürzte zusammen wie ein Kartenhaus, als bekannt wurde, dass am Qinghai Hu seit 2003 in mehreren seenahen Betrieben Streifengänse aufgezogen werden, um sie als Wirtschaftsgeflügel zu halten und zum Teil wieder auszuwildern (*Butler*, 2006). Das Massensterben wilder Streifengänse im Mai 2005 fand nahe solcher Betriebe statt. Außerdem werden in der Region Tourismus und wirtschaftliche Entwicklung stark gefördert. Nach *GRAIN* (2006) ist die Region durch Straßen- und Schienen-Verbindungen mit Gebieten in China verbunden, die von H5N1 betroffen sind. Qinghai ist also entgegen ursprünglicher Auffassung alles andere als ein »geschütztes Naturreservat«. Nach dem neuen Erkenntnisstand gilt jetzt als wahrscheinlich, dass der H5N1-Qinghai-Typ oder

**Einkleber
Albrecht „Solacyl“**

**Einkleber
Albrecht „Enroxil Inj.“**

die Z- und V-Varianten, aus denen er entstand, nicht durch Zugvögel, sondern durch menschliche Aktivitäten zum Qinghai Hu gelangten.

Gegen die Hypothese, hochpathogene H5N1-Varianten könnten durch Zugvögel fernverschleppt werden, sprechen auch die folgenden acht Argumente:

- 1) Könnten Wildvögel die Qinghai-Variante von H5N1 weiträumig verbreiten, bliebe unerklärlich, warum sie diese Variante nicht in ihre Überwinterungsgebiete in Südost-Asien, Australien, Neuseeland und Indien verschleppten.
- 2) Die Route der Westwärts-Ausbreitung der Qinghai-Variante von H5N1 passt relativ gut zum Verlauf der Transsibirischen Eisenbahn (*Kagfreiland*, 2006; *Webster et al.*, 2006; *GRAIN*, 2006). Insofern kann das Virus durchaus durch menschliche Aktivitäten von Ost nach West fernverschleppt worden sein. Diese Hypothese wird unterstützt durch die Erkenntnisse, dass die Mongolei ihr Geflügel überwiegend aus China und Russland importiert (*Steiof*, 2006).
- 3) Könnten Wildvögel hochpathogene H5N1-Varianten weiträumig verbreiten, bliebe unerklärlich, warum es in Südost-Asien lokale H5N1-Varianten gibt (H5N1-»Kolonien«). Nach *Chen et al.* (2006) können nur Handelsbewegungen und nicht Zugvögel diese »Kolonie«-Bildungen ermöglicht haben.
- 4) Auch in Laos wurden Geflügel-Großbetriebe von H5N1 befallen. Die befallenen Bestände wurden gekult, und Importe aus Nachbarländern mit H5N1-Problemen wurden verboten. Keine Maßnahmen wurden gegen freilaufendes Geflügel von Hinterhofhaltungen fern der Geflügelfabriken ergriffen, auch nicht nahe von Überwinterungsgebieten wild lebender Wasservögel. Die vielen Hinterhofhaltungen blieben frei von H5N1-Ausbrüchen, sofern sie keine Kontakte mit der Geflügelindustrie hatten (referiert nach *GRAIN*, 2006).
- 5) Weltweit wurden Proben von über 300.000 gesund wirkenden Wildvögeln in 40 Ländern genommen und auf das HPAI-Virus H5N1 getestet (*Newman et al.*, 2007). Fast alle

Tests verliefen negativ. Ob die sechs positiv getesteten Wildenten des Poyang Hu die Infektion überlebten oder nicht, ist unbekannt. In Europa wurde H5N1 Typ Asia höchstens bei toten oder sterbenden, nicht aber bei gesund wirkenden Wildvögeln gefunden.

- 6) *Weber u. Stilianakis* (2007) berichten, dass Zwergschwäne durch Infektion mit niedrig pathogenen Vogelgrippe-Viren der Subtypen H6N2 und H6N8 nicht fit genug für den Langstreckenflug waren, weil sie weniger fraßen, längere Zeit für das Anlegen von Fettreserven für den Weiterflug brauchten, später zum Zug aufbrachen und kürzere Strecken bewältigten als ihre uninfizierten Artgenossen. Sicherlich würde eine Infektion mit hochpathogenen H5N1-Varianten die Fitness von Zugvögeln ebenfalls verringern.
- 7) Eine spezifische H5N1-Variante des Asia-Typs trat Ende Januar 2007 erst in einem ungarischen Gänsebetrieb und einige Tage später in einem englischen Putenbetrieb auf (in Suffolk). Wiederum wurden zunächst ziehende Wildvögel für die Übertragung des Virus von Ungarn nach England verantwortlich gemacht. Doch der Eigner des englischen Betriebes, der Geflügelindustrielle Bernard Matthews, unterhält Geflügelbetriebe auch in Ungarn. Also schickte die britische Regierung einen Inspektor auf den englischen Betrieb, und der fand eindeutige Unterlagen, dass der Betrieb kurz vor dem Seuchenausbruch tonnenweise Putenfleisch aus dem ungarischen Seuchengebiet zur Weiterverarbeitung erhalten hatte (*Times Online* vom 5. Februar 2007). Wahrscheinlich also kam das Virus auf diesem Wege und nicht durch Wildvögel von Ungarn nach England. Vogelzugbewegungen von Ungarn nach England gibt es mitten im Winter nicht. Auch Seuchenausbrüche in Nigeria (Januar 2006), Italien und Irak (je Februar 2006) fanden zu einer Jahreszeit statt, da der Vogelzug lange abgeschlossen war (*Yasué et al.*, 2006).
- 8) *Muzafar et al.* (2006) weisen auf die fundamentale Balance zwischen Virulenz (den Wirt krank machend)

und Transmission (neue Wirte infizieren) hin, der alle Krankheitserreger unterworfen sind. Nur Krankheitserreger, die durch Drittorganismen (z. B. Mücken) übertragen werden, können eine hohe Virulenz entwickeln, nicht aber Krankheitserreger, die auf direkte Übertragungen von Wirt zu Wirt angewiesen sind. Da Vogelgrippe-Viren direkt übertragen werden, können sie in freier Wildbahn nicht gleichzeitig hochpathogen für Wildvögel sein. Gelangen diese Viren aus den Massenhaltungen ins Freie, endet ihre Evolution dort schnell, weil die Infektionskette abreißt, sobald die Populationsdichte einen kritischen Schwellenwert unterschritten hat. Wild lebende Vögel stellen also eine Sackgasse für hochpathogene Vogelgrippe-Viren dar.

Aus den angeführten Argumenten folgt, dass Wildvögel zwar mit »hochpathogenen« Vogelgrippe-Viren infiziert werden können und daran auch sterben, dass sie aber die Viren nicht auf Geflügelbestände fernübertragen können.

4 Die Geflügelpest-Verordnung vom 18. 10. 2007 im Licht wissenschaftlicher Erkenntnis

Die eben dargestellten Erkenntnisse über die weiträumige Verbreitung hochpathogener H5N1-Varianten müssen im europäischen Kampf gegen H5N1 angemessen berücksichtigt werden.

Sharkey et al. (2007) taten dies in ihrer Studie über Risiken der Fernverbreitung von Geflügelpest. Geflügelhochburgen mit hohem Vernetzungsgrad, also mit vielen Betrieben pro Unternehmen und viel LKW-Verkehr zwischen den Betrieben und zu den Schlachtstätten, wurden als ein viel größeres Risiko für die schnelle und weite Verbreitung hochpathogener Vogelgrippe-Viren erkannt als unvernetzte Einzelbetriebe mit lokaler Wirtschaftsweise. Vernetzte Hausenten-Betriebe würden das höchste Infektionsrisiko darstellen, weil Enten wochenlang infiziert bleiben können, ohne ernstlich zu erkranken. Doch selbst wenn Hausenten eines unvernetzten Geflügel-Einzelbetriebs

an Geflügelpest erkrankten, würde die Seuche auf diesen Betrieb beschränkt bleiben.

Auch in der Schweiz, die bekannt ist für große Vor- und Umsicht beim Umgang mit Tierseuchen, darf das gesamte schweizerische Geflügel ab dem 15. Oktober 2007 generell im Freiland gehalten werden. Einschränkungen gibt es nur im Umkreis von 1 km rund um die großen Seen. Dort müssen die Geflügelhalter bestimmte Bedingungen erfüllen, wenn sie ihr Geflügel frei laufen lassen wollen. Sie müssen dafür sorgen, dass Futter, Tränke und Betriebsgewässer für wilde Wasservögel unzugänglich sind, dass Hühner und Puten nicht gemeinsam mit Wassergeflügel gehalten und die normalen Hygienevorschriften eingehalten werden. Diese Lösung ist pragmatisch, leuchtet ein und steht in vollem Einklang mit wohlbegründeter wissenschaftlicher Erkenntnis (telefonische Auskunft von Herrn Dr. Reist vom schweizerischen Bundesamt für Veterinärwesen, BVET).

Das seuchenpolitisch maßgebliche Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) in Deutschland zeigt sich offenbar uneingedrückt von Erkenntnissen wie den dargestellten. Von Juni bis August 2007 verursachte eine neue hochpathogene H5N1-Variante (Subkladus 2.2.3 im phylogenetischen Baum, *Starick et al.*, 2007) den Tod von Hausgeflügel und Wildvögeln in Tschechien, im mittleren Teil von Deutschland und in Ostfrankreich. Die Ausbruchsorte erstrecken sich von Ost nach West über eine Distanz von 900 km (*Newman et al.*, 2007). In Deutschland war Bayerns größte Entenhaltung in Wachenroth befallen (Ausbruch am 24. 8. 2007) und am Kelbra-Stausee in Thüringen / Sachsen-Anhalt forderte das Virus 285 Opfer unter den Schwarzhals- tauchern (August 2007).

Das FLI (15. 10. 2007) machte allein Wildvögel für die Verbreitung des Virus verantwortlich, weil »zumindest eine indirekte kausale Beteiligung von Wildvögeln bei den jüngsten Ausbrüchen von HPAIV-Infektionen bei Hausgeflügel nicht ausgeschlossen werden« könne. »Daher wird das Risiko des Eintrags von HPAIV H5N1 über Wildvögel in Hausgeflügelbestände als hoch eingeschätzt.« Das angeführte

Argument ist nichtssagend, weil andere Ursachen für die angesprochenen Ausbrüche auch »nicht ausgeschlossen werden können«, z. B. eine Verschleppung der neuen H5N1-Variante durch menschliche Aktivitäten. Doch genau diese Denkmöglichkeit negiert das FLI mit seiner Einschätzung, »Die Gefahr einer Einschleppung über den Personen- und Fahrzeugverkehr erscheint aufgrund der gegenwärtigen Verbreitungslage in Europa vernachlässigbar«, also »keiner weiteren Betrachtung bedürftig«. Beide Einschätzungen des FLI verkehren den gegenwärtigen Erkenntnisstand ins Gegenteil, denn in der Vergangenheit gab es viele Anzeichen, dass Fahrzeuge der Geflügelindustrie, beladen z. B. mit Geflügel oder Geflügelprodukten, H5N1 sehr wohl fernverbreiten können und dass Wildvögel und freilaufendes Geflügel dies so gut wie gar nicht können, weder direkt noch indirekt.

Im Zusammenhang mit Tierseuchen, zu denen auch Geflügelpest gehört, wird gern von Biosicherheit gesprochen, die durch Maßnahmen wie die Geflügelpest-Verordnung vom 18. Oktober 2007 angestrebt werden soll. Nach *Otte et al.* (2007) wird Biosicherheit verstanden als »jegliche Maßnahme, die eine Ausbreitung eines infektiösen Agens von infizierten auf empfängliche Tiere oder die Einschleppung infizierter Tiere in eine Herde, Region oder in ein Land verhindert, in dem die Infektion noch nicht auftrat«. Maßnahmen für Biosicherheit sind also Maßnahmen gegen Ausbreitungsmöglichkeiten einer Tierseuche. Nach Erkenntnissen wie den dargestellten ist es hochwahrscheinlich, dass Wildvögel und Einzelbetriebe mit freilaufendem Geflügel viel biosicherer sind als die vernetzten Betriebe der Geflügelindustrie.

Es mag angehen, dass ein gewisser Grad der Biounsicherheit der Geflügelindustrie billiger in Kauf genommen werden muss, um den Markt weiterhin mit relativ billigem Geflügelfleisch beliefern zu können. Angesichts solcher Überlegungen ist es aber nicht anständig, wenn der Makel der Biounsicherheit auf Wildvogelbestände und unernetzte Geflügel-Freilandhaltungen abgeschoben wird.

Die wissenschaftlich nicht haltbare Risiko-Bewertung des FLI fand ihren

Niederschlag u. a. in § 13 der deutschen »Verordnung zum Schutz gegen die Geflügelpest (Geflügelpest-Verordnung)« vom 18. Oktober 2007: »Wer Geflügel hält, hat das Geflügel 1. in geschlossenen Ställen oder 2. unter einer überstehenden, nach oben gegen Einträge gesicherten dichten Abdeckung und mit einer gegen das Eindringen von Wildvögeln gesicherten Seitenbegrenzung (Schutzvorrichtung) zu halten«. Als Wildvögel im Sinne der Verordnung gelten Hühnervögel, Gänsevögel, Greifvögel, Eulen, Regenpfeiferartige und Schreitvögel, nicht aber Singvögel (z. B. Spatzen, Krähen) oder Fasane (gehören zu den Kranichartigen), obwohl letztere vielfach künstlich aufgezogen und zur Jagd ausgesetzt werden. Widerrufliche Ausnahmen vom Aufstallungsgebot können und sollen die zuständigen Behörden auf Antrag erteilen, »soweit Belange der Tierseuchenbekämpfung nicht entgegenstehen, insbesondere ein Ausbruch der Geflügelpest nicht zu befürchten ist.«

Leidtragende des Aufstallungsgebots sind nicht die Geflügelindustriellen, die ihr Geflügel ausschließlich in Ställen halten und dennoch verantwortlich sind für viele, wenn nicht alle Verschleppungen »hochpathogener« Vogelgrippe-Viren von ihren Betrieben in andere Betriebe oder ins Freiland. Leidtragende sind vielmehr die Freilandhalter von Geflügel, von deren Betriebe nach aller Erkenntnis ein nur vernachlässigbares Risiko für die Verbreitung »hochpathogener« Vogelgrippe-Viren ausgeht.

Die strengen Hygiene-, Protokoll- und Meldepflichten, die den Geflügelhaltern auferlegt werden, gehören sicherlich zu den geeigneten Maßnahmen gegen Geflügelpest, doch sie reichen nicht aus. Notwendig ist, wie *Yasué et al.* (2006), *Menke* (2007) und *Petermann* (2007) ausführen, auch eine gründliche epidemiologische Untersuchung aller Geflügelpest-Fälle bei Wild- und Hausvögeln, um die Verschleppungsursachen für die hochpathogenen H5N1-Varianten und ihre Wirkung auf die befallenen Vögel so gut wie möglich zu verstehen. Befallene Wildvögel müssen richtig und nicht nur ungefähr oder falsch bestimmt werden, eventuelle Ringe an den Vogelfüßen müssen abgelesen und gemeldet werden, mögliche Stressfaktoren, die

den Krankheitsverlauf verschlimmert haben könnten, müssen ermittelt werden, und die erzielten Ergebnisse sind der Öffentlichkeit zugänglich zu machen, damit und der Kampf gegen H5N1 durch Kritik und Anregungen optimiert werden kann.

Literatur

1. Butler, D. (2006): Blogger reveals China's migratory goose farms near site of flu outbreak. *Nature* 441, 263.
2. Chen, H., G. J. D. Smith, K. S. et al. (2006): Establishment of multiple sublineages of H5N1 influenza virus in Asia: Implications for pandemic control. *PNAS* 103, 2845-2850, 2006.
3. GRAIN (2006): Fowl play. The poultry industry's central role in the bird flu crisis. www.grain.org/go/birdflu.
4. Guan, Y., S. M. Peiris, A. S. Lipatov et al. (2002): Emergence of multiple genotypes of H5N1 avian influenza viruses in Hong Kong SAR. *PNAS* 99, 8950-8955.
5. Kagfreiland (2006): Hühnermist. Warum »kagfreiland« fordert, das Freilandverbot für Geflügel sofort aufzuheben. www.kagfreiland.ch/x_files/vogelgrippe/03Report_VoG.pdf.
6. Kilpatrick, A. M., A. A. Chmura, D. W. Gibbons et al. (2006): Predicting the global spread of H5N1 avian influenza. *PNAS* 103, 19368-19373.
7. Li, K. S., Y. Guan, J. Wang et al. (2004): Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature* 430, 209-213.
8. Liu, J., H. Xiao, F. Lei et al. (2005): Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds. *Science* 309, 1206.
9. Menke, W. (2007): Beobachtungen zum Totfund-Monitoring im Rahmen der Untersuchungen zum Vorkommen von »Vogelgrippe«-Viren in Wildvogelbeständen 2006 im Landkreis Friesland. *Jahresber. ornithol. A. G. Oldenbg.* 19, 111-125.
10. Muzafar, S. B., R. C. Ydenberg, I. L. Jones (2006): Avian influenza: An ecological and evolutionary perspective for waterbird scientists. *Waterbirds* 29, 243-257.
11. Newman, S., J. Pinto, L. DeSimone et al. (2007): HPAI in Europe 2007: Concurrent outbreaks in Poultry and wild birds. www.fao.org/docs/eims/upload/231765/EW_Europe_aug07_ai.pdf.
12. Petermann, P. (2007): 285 tote Schwarzhals-Taucher, ein Nachruf und ein dringender Aufruf. www.netzwerk-phoenix.net.

13. Petermann, P. (2007a): Anforderungen an epidemiologische Untersuchungen von aktuellen Vogelgrippe- bzw. Geflügelpest-Fällen in Deutschland. www.netzwerk-phoenix.net
14. Sharkey, K. J., R. G. Bowers, K. L. Morgan et al. (2007): Epidemiological consequences of an incursion of highly pathogenic H5N1 avian influenza into British poultry flock. *Proc. R. Soc. B: doi:10.1098/rspb.2007.1100*.
15. Starick, E., M. Beer, B. Hoffmann et al. (2007): Phylogenetic analyses of highly pathogenic avian influenza virus isolates from Germany in 2006 and 2007 suggest at least three separate introductions of H5N1 virus. *VETMIC* 3852, doi: 10.1016/j.vetmic.2007.10.012.
16. Steiof, K. (2006): Wird die Geflügelpest durch Zugvögel übertragen? *Ber. Vogelschutz* 42, 15-32.
17. Weber, P. T., N. I. Stilianakis (2007): Ecological immunology of Avian Influenza (H5N1) in migratory birds. *Emerging Infectious Diseases* 13, 1-9.
18. Webster, R. G., Y. Guan, M. Peiris, H. Chen (2006): H5N1 Influenza continues to circulate and change. *Microbe* 1, 559-565.
19. Werner, O., E. F. Kaleta (2005): Orthomyxoviridae. In: *Kompendium der Geflügelkrankheiten* (O. Siegmann, U. Neumann, ed.), Schlütersche, Hannover.
20. WHO (2007): Towards a unified nomenclature system for the highly pathogenic H5N1 avian influenza viruses. www.who.int/csr/disease/avian_influenza/guidelines/nomenclature/en
21. Williams, M. (2006): Farm fish fed dead chickens a risk for H5N1 influenza in Indonesia? www.drmartinwilliams.com/conservation/catfish-farm.html.
22. Xu, X., K. Subbarao, N. J. Cox, Y. Guo (1999): Genetic characterization of the pathogenic influenza A/Goose/Guangdong/1/96 (H5N1) Virus: Similarity of its hemagglutinin gene to those of H5N1 viruses from the 1997 outbreaks in Hong Kong. *Virology* 261, 15-19.
23. Yasue, M., C. J. Feare, W. R. Bennun, W. Fiedler (2006): The epidemiology of H5N1 Avian Influenza in wild birds: Why we need better ecological data. *BioScience* 56-11, 1-7.

Anschrift des Verfassers:

Prof. Dr. Sievert Lorenzen, Zoologisches Institut, Universität Kiel, 24098 Kiel, E-Mail: slorenzen@zoologie.uni-kiel.de

Fortbildung Tiermedizin

Seminare und Fortbildungsveranstaltungen der Tierklinik Hochmoor



Kolik beim Pferd 20. – 21. 06. 2008

20. 06. 2008

Prävention, Fütterung, Entwurmung, rektale Untersuchung, Sonographie

21. 06. 2008

Chronische Kolik, Magenerkrankungen, Gastroskopie, Demonstrationen

Referenten:

H. Dongus, Unterschleißheim,
J. Hollerrieder, Hochmoor,
N. H. Huskamp, Hochmoor,
E. Kienzle, München,
W. Scheidemann, Hochmoor,
G. Schusser, Leipzig,
P. Sótonyi, Budapest (H)

ATF-Anerkennung: 14 Stunden

Information und Anmeldung

www.tierklinik-hochmoor.de

Tel. 0 28 63 / 20 99-0

Fax 0 28 63 / 20 99-20

E-Mail:

fortbildung@tierklinik-hochmoor.de



EuroTier 2008: World Poultry Show 11. – 14. 11. 2008

Highlight der internationalen Geflügelbranche



Mit einem weltweit einzigartigen Informationsangebot wartet die World Poultry Show im Rahmen der diesjährigen internationalen DLG-Fachausstellung für Tierhaltung und Management, der EuroTier 2008, auf. Bisher haben schon 185 Unternehmen aus aller Welt, darunter die Marktführer aus Zucht, Haltung und Verarbeitung, Ausstellungsstände angemeldet. Sie werden vom **11. bis 14. November 2008** auf über 13.000 qm Ausstellungsfläche ihre Neu- und Weiterentwicklungen auf dem Messegelände in Hannover präsentieren. Mit nahezu 70 % ist der Auslandsanteil dieser Aussteller so hoch wie nie zuvor in diesem Sektor. Damit wird die World Poultry Show in diesem Jahr das Highlight der gesamten internationalen Geflügelbranche sein. Für die Besucher ergeben sich hohe Synergien durch die sonst auf keiner anderen Ausstellung so umfangreichen tierartübergreifenden Ausstellungsbereiche im Rahmen der EuroTier, wie etwa Futter und Futterlagerung, Tiergesundheit oder Klimatechnik.

Die EuroTier ist in diesem Jahr die einzige internationale Fachausstellung in Europa für den professionellen Tierhalter, die sämtliche Bereiche der Branche, die Rinder-, Schweine- und Geflügelhaltung sowie die Aquakultur, umfassend abdeckt. Mit insgesamt über 1.800 Unternehmen kann der Veranstalter DLG (Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft) eine Rekordbeteiligung verzeichnen. Die EuroTier findet auf dem größten Messegelände der Welt in Hannover statt und ist damit nicht nur der ideale Ort für Geschäftskontakte nach West- und Osteuropa, sondern auch der Treffpunkt für Branchenprofis aus der ganzen Welt.

Weitere Informationen über die EuroTier 2008 bzw. die World Poultry Show sind erhältlich bei der DLG, Eschborner Landstr. 122, 60489 Frankfurt am Main. Tel. 0049/(0)69/24788-254 bzw. -259, Fax: ++49/(0)69/24788-113, E-Mail: eurotier@DLG.org oder im Internet unter www.eurotier.de