

Hochpathogene aviäre Influenza bei Geflügel und Wildvögeln – eine Kurzübersicht*

TIMM HARDER, ANNE POHLMANN

Hochpathogene aviäre Influenzaviren (HPAIVs) des Subtyps H5N1 wurden Mitte der 1990er Jahre in einem Hausgänsebestand in Südchina entdeckt. Seitdem haben sich die Nachkommen dieser so genannten Gänse/Guangdong (Gs/GD)-Linie weiter verbreitet und eine Vielzahl von Genotypen, Subtypen und Linien (Kladen) gebildet, die die Geflügelproduktion und Wildvogelpopulationen weltweit bedrohen (Sonnberg et al. 2013, King et al. 2021). Einige Linien der gs/GD Viren zeigten darüber hinaus zoonotisches Potential, das heißt, sie wurden von infiziertem Geflügel auf den Menschen übertragen. Die Mehrzahl dieser ca. 900 Fälle wurden in Südostasien sowie in Ägypten registriert; in diesen Regionen sind gs/GD Viren endemisch, das heißt, ganzjährig über mehrere Jahre hinweg in Geflügelhaltungen anzutreffen. Je nach Region und Zeitraum nahmen zwischen 30 und 50 Prozent der registrierten menschlichen Infektionen einen tödlichen Verlauf. HPAIV der gs/GD Linie besitzen daher auch Bedeutung für die öffentliche Gesundheit (PEIRIS et al. 2007). Der Mensch scheint aber ein Sackgassenwirt für diese Viren zu sein, denn nennenswerte Übertragungen von Mensch zu Mensch wurden (bislang) nicht berichtet. In Europa wurde bislang nur ein einzelner, mild verlaufender Fall einer gs/GD HPAIV Infektion bei einem älteren Mann aus dem Vereinigten Königreich nachgewiesen, der intensiven Kontakt mit infizierten Hausenten hatte.

1. Die Bekämpfung der HPAI (Geflügelpest) erfordert rigorose Maßnahmen

Geflügelpopulationen in endemisch infizierten Regionen gelten als Reservoir dieser HPAIV und haben erhebliche Bedeutung in der Aufrechterhaltung der Zirkulation dieser Viren. Weiterhin sind endemisch infizierte Geflügelhaltungen als »evolutiver Motor« der Fortentwicklung dieser HPAIV wichtig. Insbesondere für die kleinräumige Verbreitung dieser Viren spielt der Geflügelhandel nachweislich eine entscheidende Rolle (FUSARO et al. 2019). Betroffene Hühner- und Putenbestände entwickeln in kurzer Zeit sehr hohe Sterblichkeitsraten. Enten- und Gänsebestände weisen eine höhere klinische Resistenz auf. Großflächige Ausbrüche ziehen massive wirtschaftliche Schäden in der Geflügelproduktion nach sich, die sich auch auf den grenzüberschreitenden Handel negativ auswirken. Als klassische präventive Maßnahmen, die Geflügelhaltungen vor Viruseinschleppungen und Wildvögel von Virusausträgern schützen sollen, gelten eine Reihe sogenannter Biosicherheitsmaßnahmen. Der konsequenten Umsetzung von Biosicherheitsmaßnahmen wird in Deutschland derzeit oberste Priorität eingeräumt (FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT 2022, UNIVERSITÄT VECHTA 2022). Die weitreichendste Biosicherheitsmaßnahme zum Schutz von Freilandhaltungen ist die Aufstallung. Um Risiken des Viruseintrags durch den Geflügelhandel zu minimieren, hat die EU seit vielen Jahren den Import von Geflügel, Geflügelprodukten, Ziervögeln, Jagdtrophäen etc. aus endemisch HPAIV infizierten Ländern und

* Vortrag gehalten auf der Tagung »Wildtiere als Überträger von Nutztierkrankheiten« vom 20. bis 21. Oktober 2022 in der Brandenburgischen Akademie Schloss Criewen.

Regionen eingestellt. Ausnahmen werden nur genehmigt, wenn die Produkte einer zertifizierten virusinaktivierenden Behandlung unterzogen wurden (also z.B. durcherhitztes Fleisch). Wo Geflügelkleinhaltungen einen Beitrag zur Ernährung, beziehungsweise zum Einkommen von Familien leisten, können HPAI Ausbrüche Einschränkungen in der Versorgung mit hochwertigem tierischem Protein bedingen, beziehungsweise das Familieneinkommen empfindlich schmälern.

Dem raschen Nachweis und der rigorosen Bekämpfung dieser Infektionen gilt die volle Aufmerksamkeit der Tierseuchenbekämpfung im globalen Maßstab. Als wichtigste Maßnahme gilt die engmaschige virologische Überwachung von Geflügelpopulationen, so dass Ausbrüche möglichst schnell erkannt werden. In Europa folgt dem Nachweis einer HPAI Infektion die unmittelbare Räumung des Geflügelbestandes mit der Tötung und unschädlichen Beseitigung der Tiere, der Einstreu und des Mists der Haltung. Erst nach einer umfangreichen zweimaligen Reinigung und Desinfektion sowie gegebenenfalls einer Wartezeit dürfen solche Betriebe wieder mit Geflügel bestückt werden. Sperr- und Kontrollmaßnahmen in einem drei und zehn Kilometer Radius um Ausbruchsgehöfte tragen wesentlich zur Verhinderung der Verschleppung des Erregers bei, bewirken unter Umständen aber auch erhebliche wirtschaftliche Schäden für die nicht infizierten Geflügelhaltungen in den Sperrbereichen.

2. HPAI hat massive Auswirkungen auf Wildvogelpopulationen

Aufgrund vieler Schnittstellen zwischen Geflügel- und Wildvogelpopulationen kam es zu wiederholten Einschleppungen von HPAIV der gs/GD Linie aus infizierten Geflügelhaltungen in Wild- und Zugvogelpopulationen vor allem zunächst in Asien. Seit 2005 haben sich diese Viren in mehreren Wellen aus ihrem südostasiatischen Ursprungsgebiet westwärts und südwärts über Eurasien bis nach Südafrika und ostwärts über die Beringstraße hinweg nach Nordamerika ausgebreitet. Es besteht derzeit kein wissenschaftlicher Zweifel mehr daran, dass infizierte, aber mobile Zugvögel dazu beigetragen haben, geografisch weit voneinander getrennte Gebiete entlang sich überschneidender Zugrouten miteinander zu verbinden (FUSARO et al. 2019, GLOBAL CONSORTIUM 2017, GASS et al. 2022).

Da Europa in den Influenza-Wintersaisons 2020–2021 und 2021–2022 mit den schwersten HPAIV-Epizootien konfrontiert war, was die Fallzahlen und die genetische Vielfalt der charakterisierten Viren anbelangt (POHLMANN et al. 2022), wurden Bedenken hinsichtlich einer Ausbreitung nach Nordamerika geäußert, diesmal durch die Ausbreitung des Virus nach Westen. Im Dezember 2021 wurde HPAI H5N1 bei Wildvögeln in Kanada nachgewiesen, gefolgt von zahlreichen weiteren Fällen bei Wildvögeln und Einbrüchen in Geflügelbetrieben entlang der Ostküste der Vereinigten Staaten (STOKSTAD 2022). Letztlich wurden innerhalb weniger Monate die gesamten U.S.A. und das südliche Kanada mit HPAIV Ausbrüchen überschwemmt. Die Ergebnisse des transatlantischen HPAIV-Transfers sind offensichtlich und phylogenetische Analysen der Viren in Nordamerika bestätigten eine enge Verwandtschaft mit HPAIV H5N1-Genotypen aus Europa (GÜNTHER et al. 2022). Island hat im Zuge des transatlantischen Transfers eine Rolle als Zwischenstation gespielt, und bereits im Herbst 2021 konnten dort in Wildvögeln HPAIV detektiert werden, die dann weiter in Nordamerika im Dezember in Wildvögeln Neufundlands auftraten.

3. Eine neue epidemiologische Situation erfordert Anpassungen präventiver Maßnahmen

Endemische Viruszirkulation in Geflügelhaltungen bestimmter Regionen, Austräge in Wildvogelpopulationen und weiträumige Verschleppung mit infizierten Wildvögeln sowie Rückübertragungen aus Wildvögeln in Geflügelhaltungen bestimmen weitgehend die globalen epidemiologischen Muster der gs/GD HPAI. Auch Deutschland ist in zunehmendem Maße seit den Erstnachweisen von HPAIV H5N1 im Frühjahr 2006 betroffen. Bis in die Jahre 2016/2017 hinein kam es zu sporadischen, saisonalen Virusnachweisen in Wildvögeln und nachfolgend auch in wenigen Geflügelbetrieben vornehmlich in den Herbst- und Wintermonaten. Seit dem Jahr 2020 allerdings werden HPAI Viren ganzjährig in Wildvögeln im nördlichen Europa gefunden. Im Sommer 2022 kulminierten Infektionen erstmals in koloniebrütenden Seevögeln (verschiedene Seeschwalbenarten, Basstölpel) im Bereich der Nordsee, was zu Massensterben und dem Verlust ganzer Brutkolonien geführt hatte (BIRDLIFE 2022). Aufgrund dessen muss derzeit von einer endemischen Infektionslage im europäischen Wildvogelbereich ausgegangen werden. Dies erhöht den Infektionsdruck für Geflügelhaltungen. Daher wird aktuell verstärkt über Impfungen des Geflügels gegen HPAI beraten. Die Impfung könnte eine weitere Lage präventiver Maßnahmen beisteuern. Die EU Verordnung 2023/321 legt die Grundlagen einer HPAI Impfung von Geflügel fest. Allerdings stehen der Einführung von HPAI-Impfungen noch einige Unklarheiten im Wege:

- Es sind derzeit keine geeigneten, in Europa zugelassenen Impfstoffe verfügbar. Mehrere erprobte Vakzine bedürfen noch einer Zulassung durch die Europäische Arzneimittelbehörde (EMA). Die Mehrzahl dieser Impfstoffkandidaten beruht auf gentechnisch veränderten Organismen.
- Aufwändige Überwachungssysteme zur Kontrolle der Impfmaßnahmen in den Impfbeständen werden erforderlich, um sicherzustellen, dass HPAI Viren nicht unerkannt in Impfbeständen zirkulieren, denn die Impfungen führen, ähnlich wie den COVID Impfungen des Menschen, nicht zu einem einhundertprozentigen Schutz gegen eine Infektion.
- Es bleibt zu klären, wer die Kosten für eine Impfung und die zusätzlichen Kontrollmaßnahmen trägt.
- Es werden Störungen des Handels, insbesondere im Exportgeschäft mit Drittländern, befürchtet, wenn die Handelspartner Produkte geimpften Geflügels nicht akzeptieren würden.

Mit dem Beginn von HPAI-Impfungen im Geflügelbereich ist also nicht innerhalb der nächsten ein bis zwei Jahre zu rechnen. Angesichts der dramatischen Masseninfektionen koloniebrütender Seevögel im Sommer 2022 stellt sich natürlich auch die Frage nach präventiven Maßnahmen zum Schutz von Wildvögeln. Die Verhinderung von Virusausträgen aus infizierten Geflügelhaltungen ist unbedingt sicherzustellen. Desweiteren hat sich offenbar das zeitnahe Einsammeln und Entsorgen verendeter Seevögel in den Brutkolonien als hilfreich erwiesen. Es wurde auch bereits diskutiert, ob Impfungen nicht auch bei Wildvögeln eine Möglichkeit der Prävention darstellen könnten. In Europa gibt es ausgezeichnete Erfahrungen mit der ködergesteuerten Impfung von Füchsen und anderen Fleischfressern gegen die Tollwut, beziehungsweise von Wildschweinen gegen die Europäische Schweinepest. Hierbei nehmen die Tiere Köder auf, die mit einem Impfstoff präpariert sind (MÜLLER et al. 2015). Ob ähnliche Systeme auch im Wildvogelbereich einsetzbar wären, bleibt derzeit ungeklärt.

4. Literatur

- BIRDLIFE INTERNATIONAL (2022): <https://www.birdlife.org/news/2022/08/08/an-unprecedented-wave-of-avian-flu-has-been-devastating-bird-populations-across-the-northern-hemisphere/>
- FRIEDRICH-LOEFFLER-INSTITUT (2022): <https://www.fli.de/de/aktuelles/tierseuchengeschehen/aviaere-influenza-ai-geflugelpest/>
- FUSARO, A., B. ZECCHIN, B. VRANCKEN, C. ABOLNIK, R. ADEMUN, A. ALASSANE et al. (2019): *Disentangling the role of Africa in the global spread of H5 highly pathogenic avian influenza*. Nat Commun. 2019; 10: 5310. doi: 10.1038/s41467-019-13287-y
- GASS, J.D. JR., R.J. DUSEK, J.S. HALL, G.T. HALLGRIMSSON, H.P. HALLDÓRSSON, S.R. VIGNISSON et al. (2022): *Global dissemination of influenza A virus is driven by wild bird migration through arctic and subarctic zones*. Mol Ecol. 2022. doi: 10.1111/mec.16738
- GLOBAL CONSORTIUM FOR H5N8 AND RELATED INFLUENZA VIRUSES (2017): *Role for migratory wild birds in the global spread of avian influenza H5N8*. Science. 2016; 354: 213–217. doi: 10.1126/science.aaf8852
- GÜNTHER, A., O. KRONE, V. SVANSSON, A. POHLMANN, J. KING, G.T. HALLGRIMSSON et al. (2022): *Iceland as Stepping Stone for Spread of Highly Pathogenic Avian Influenza Virus between Europe and North America*. Emerg Infect Dis. 2022; 28. doi: 10.3201/eid2812.221086
- KING, J., T. HARDER, F.J. CONRATHS, M. BEER & A. POHLMANN (2021): *The genetics of highly pathogenic avian influenza viruses of subtype H5 in Germany, 2006–2020*. Transbound Emerg Dis. 2021; 68: 1136–1150. doi: 10.1111/tbed.13843
- KUIKEN, T. & R. CROMIE (2022): *Protect wildlife from livestock diseases*. Science. 2022; 378: 5. doi: 10.1126/science.adf0956
- MÜLLER, T.F., R. SCHRÖDER, P. WYSOCKI, T.C. METTENLEITER & C.M. FREULING (2015): *Spatio-temporal Use of Oral Rabies Vaccines in Fox Rabies Elimination Programmes in Europe*. PLoS Negl Trop Dis. 2015; 9: e0003953. doi: 10.1371/journal.pntd.0003953
- PEIRIS, J.S., M.D. DE JONG & Y. GUAN (2007): *Avian influenza virus (H5N1): a threat to human health*. Clin Microbiol Rev. 2007; 20: 243–67. doi: 10.1128/CMR.00037-06
- POHLMANN, A., J. KING, A. FUSARO, B. ZECCHIN, A.C. BANYARD, I.H. BROWN et al. (2022): *Has Epizootic Become Enzootic? Evidence for a Fundamental Change in the Infection Dynamics of Highly Pathogenic Avian Influenza in Europe, 2021*. mBio. 2022; 13: e0060922. doi: 10.1128/mbio.00609-22
- SONNBERG, S., R.J. WEBBY & R.G. WEBSTER (2013): *Natural history of highly pathogenic avian influenza H5N1*. Virus Res. 2013; 178: 63–77. doi: 10.1016/j.virusres.2013.05.009
- STOKSTAD, E. (2022): *Deadly bird flu establishes a foothold in North America*. Science. 2022; 377: 912. doi: 10.1126/science.ade5542

DR. TIMM HARDER
DR. ANNE POHLMANN
Institut für diagnostische Virologie, Friedrich-Loeffler-Institut
Südufer 10
17493 Greifswald-Insel Riems