



Dr. Peter Petermann für das Wissenschaftsforum Aviäre Influenza (WAI)

Information zur aktuellen Verbreitung der Geflügelpest, Stand 04.01.2021

Die letzten Wochen zeigen uns abermals, dass die Geflügelpest ein erhebliches Naturschutzproblem sein kann: Vor allem in Schleswig-Holstein sind zahlreiche Wildvögel an hoch pathogenen Vogelgrippeviren (HPAI) verendet. Mit Stand vom 22.12.20 wurden über 15.700 Wildvögel in den letzten Wochen eingesammelt (https://www.schleswig-holstein.de/DE/Landesregierung/V/Presse/PI/2020/1220/201222_Gefluegelpest_Knutts.html), von rund 80 verschiedenen Arten. Mit großem Abstand am häufigsten betroffen sind die Nonnengans, gefolgt von der Pfeifente, aber auch etliche Prädatoren wie Silbermöwe, Mantelmöwe, Seeadler, Wanderfalken und Uhus (KRUMENACKER in den Riffreportern; <https://www.riffreporter.de/flugbegleiter-koralle/vogelgrippe-ausbruch-gefluegelpest/>). Mit dem Wattenmeer ist ein global bedeutsames Rastgebiet betroffen. In ihrer Dimension des Wildvogelsterbens übersteigt die derzeitige Epidemie in Deutschland die vorangegangenen bei Weitem.

Daneben sind die Seuchenzüge von HPAI auch ein Tierschutzproblem: Im Freiland gehaltenes Geflügel muss weggesperrt werden, und im Falle von Infektionen werden große Mengen Geflügel getötet.

Daher gibt es die Notwendigkeit, die Ursachen der Seuchenzüge zu ermitteln, um die Ausbreitung wirksam einzudämmen. Tatsächlich gelingt es nur selten, die Ausbreitungswege zu identifizieren - stattdessen wird regelmäßig pauschal auf Zugvögel als mögliche Langstrecken-Vektoren und "wahrscheinliche" Verbreiter verwiesen.

Nicht erst seit einer umfangreichen ornithologischen Studie aus 2015 ist bekannt, dass diese Annahme der „Wildvogel-These“ nicht korrekt ist (siehe Kapitel 3 in STEIOF et al. 2015: Vogelwelt 135: S. 131-145; <https://www.vogelwelt.com/wp-content/uploads/2016/11/VoWe135-131-146-Steiof-et-al-Vogelgrippe.pdf>). **Vielmehr werden Geflügelpestviren durch anthropogene Tätigkeiten weltweit transportiert, insbesondere durch den Handel mit Geflügel und Geflügelprodukten** (siehe Kap. 4 in PETERMANN 2008: 117-141; download: http://www.ornithologen-thueringen.de/downloads/anzeiger/fertig/Band6-Heft2_web.pdf).

Aktuelle Verbreitung der Viren durch die Geflügelwirtschaft

In der öffentlichen Darstellung und Wahrnehmung spielt die Verbreitung der Geflügelpestviren durch die Geflügelwirtschaft praktisch keine Rolle. Dabei sind die Zusammenhänge den damit befassten Behörden durchaus bekannt. Sie werden jedoch vor der Öffentlichkeit geheim gehalten, um die Geflügelexporte zu schützen, vor negativer Publicity und vor Handelsbeschränkungen der Importländer. Dennoch gibt es genügend Indizien, die auf die Ausbreitungswege schließen lassen.

Es ist noch zu früh, um ein abschließendes Urteil über die derzeitigen Vorgänge zu treffen. Der vorläufige Kenntnisstand soll hier trotzdem zusammengefasst werden, auf der Grundlage insbesondere folgender Quellen:

- Genetische Untersuchungen, die erkennen lassen, welche Ausbrüche zusammengehören (GISAID; <https://platform.gisaid.org/epi3/frontend#3376c5>),
- Obligatorische Berichte an die Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE in Paris; https://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home),
- Berichte der einzelnen Länder an das zuständige EU-Komitee (ScoPaff; https://ec.europa.eu/food/animals/health/regulatory_committee/presentations_en#20161107),
- Handelsstatistik der UN, die auf Import-/Export-Meldungen der einzelnen Länder und der EU basiert (EU-Daten bis September 2020; Comtrade; <https://comtrade.un.org/>).

Folgende Fakten sind vorab wichtig, um die Ereignisse und auch die Reaktionen der zuständigen Behörden zu verstehen:

- *Nach der Einschleppung von Geflügelpest-Viren in große Geflügelhaltungen dauert es mindestens einige Tage, unter Umständen Wochen und in Hausentenbeständen nachweislich sogar Monate, bis die Viren eine erhöhte Mortalität verursachen und dadurch auffallen! Oft sind Totfunde von infizierten Park- oder Wildvögeln die ersten Indizien auf die Verbreitung der Viren in Haltungen. Die routinemäßigen Tests auf Geflügelpestviren in Geflügelhaltungen erfolgen viel zu selten, als dass sie als Frühwarnsystem effizient sein können.*
- *Es gibt also immer eine "Dunkelziffer" von Infektionen. Wenn der Ablauf der Ausbruchsserien analysiert wird sollte der intuitive Fehler vermieden werden, die "Entdeckungsgeschichte" (Chronologie) der Ausbrüche mit der "Ausbreitungsgeschichte der Viren" zu verwechseln! Das heißt: die zuerst bemerkten bzw. gemeldeten Fälle (Geflügelhaltungen oder Wildvögel!) sind fast nie der Auslöser für die danach entdeckten Ausbrüche.*
- *Oft wird behauptet oder angenommen, bei Geflügelhandel könnten Viren nur durch infiziertes Geflügel selbst verschleppt werden, und damit nur in die Richtung vom Exportland zum Importeur. Diese Vorstellung ist wirklichkeitsfremd. Es gibt eine Vielzahl von Möglichkeiten, wie bei den großen Transportmengen die Viren in beide Richtungen verbreitet werden können - z.B. durch kontaminierte Transportboxen. Das perfekte "Transportmittel" sind mit Viren kontaminierte Federn. Sie können unauffällig an/in Fahrzeugen, Personen, Geräten, Transportmaterial über beliebig weite Strecken "mitreisen", oder durch Luftbewegungen in Ställe eindringen. Dann besteht eine große Chance, dass Geflügel Federchen aufpickt, verschluckt usw. und die Viren damit einen neuen Wirt finden. Dies dürfte in der Realität auch kaum zu verhindern sein.*

Um die aktuelle Ausbruchsserie einzuordnen, ist ferner folgender Hintergrund relevant:

*Es gab bereits in der ersten Jahreshälfte 2020 eine Ausbruchsserie von H5N8-Viren, vor allem in Osteuropa (Ungarn, Polen und Nachbarländer inkl. Deutschland). Die damaligen Viren sind NICHT die Vorläufer der jetzt zirkulierenden Viren; sie scheinen aus Europa verschwunden zu sein (zu überprüfen anhand genetischer Vergleiche; siehe GISAID). Die Epidemie blieb fast völlig auf Geflügelbestände beschränkt, vereinzelt Nachweise bei Wildvögeln ließen sich auf direkten Kontakt zu infiziertem Geflügel oder Geflügelmist erklären. **Die Verbreitung der Viren über mehrere Ländergrenzen hinweg erfolgte also zweifellos durch Menschen (Transporte von Geflügel und Geflügelprodukten).** Trotzdem blieben die Ausbreitungswege weitgehend ungeklärt, ODER entsprechende Erkenntnisse der Behörden wurden wie üblich vor der Öffentlichkeit geheim gehalten.*

*Bemerkenswerterweise sind Viren, die von diesen Ausbrüchen offensichtlich abstammen (wie an genetischer Übereinstimmung zu erkennen ist), im Herbst 2020 in Ostasien aufgetaucht, und zwar wieder einmal in Hausentenbeständen in Süd-Korea, aber auch in Japan. Dies ist nur zu verstehen, wenn **die engen Handelsbeziehungen der Geflügelwirtschaft zwischen Europa und Ostasien** berücksichtigt werden:*

Die EU hat im Jahr 2020 bis September (Comtrade) 16 Tonnen Lebendgeflügel nach Süd-Korea exportiert - Enten-Eintagsküken! Diese kamen u.a. aus den Niederlanden. Dagegen gibt es keinerlei Hinweise dafür, dass die Viren aus Osteuropa durch Wildvögel ihren Weg nach Korea gefunden haben könnten.

Das erinnert an 2014, als die H5N8-Viren erstmals ihren Weg aus Süd-Korea nach Westeuropa fanden, auf genau dieselbe Weise aber in umgekehrter Richtung: durch Geflügelhandel. Damals war der Einschleppung nach Europa eine große Lieferung von etwa 600.000 Enten-Eintagsküken aus den Niederlanden nach Süd-Korea vorangegangen (laut Comtrade), was mehrere Frachtflüge notwendig gemacht haben muss. Vermutlich kamen die Viren mit kontaminiertem Transportmaterial nach Europa und hier direkt in die Zentren der Geflügelzucht.

Die seit dem Spätherbst 2020 in Westeuropa (beginnend in den Niederlanden) entdeckten H5N8-Viren stammen von Viren ab, die zuletzt 2016/2017 ebenfalls in Westeuropa schwere Ausbrüche in der Geflügelwirtschaft verursachten (Schwerpunkt und geografisches Zentrum waren auch damals die Niederlande). Nach 2017 blieb diese spezielle Virenlinie von H5N8 jedoch "verschollen". Tausende Tests an Wildvögeln und in Geflügelbeständen blieben ergebnislos (https://ec.europa.eu/food/sites/food/files/animals/docs/ad_control-measures_ai_surv-rslt_pltry-wld-brds_2018.pdf).

Dennoch müssen sie unentdeckt zirkuliert sein, und zwar wahrscheinlich in Enten-Haltungen Europas. Denn unter Wildvögeln hat H5N8 stets zu auffälliger Mortalität geführt (unabhängig von der Frage, ob einzelne Vögel symptomfrei bleiben); dagegen **bleiben Infektionen in Entenhaltungen oft bei geringer Prävalenz und ausbleibenden Symptomen völlig unauffällig**. Kommerzielle Bestände werden zudem nur selten ohne Anlass auf Geflügelpest getestet.

Die H5N8-Viren tauchten erneut erst Anfang Mai 2020 im Nord-Irak in einem Geflügelbestand auf - mit der für diesen Zeitabstand seit 2017 "üblichen" Anzahl von genetischen Mutationen. Es gibt keine konkreten Hinweise, wie die Viren dorthin gelangt sein können. Tatsache ist aber, dass aus Europa im Jahr 2020 mehr als 2,6 Tonnen Lebendgeflügel (Eintagsküken) in den Irak exportiert wurden, aus Belgien und den Niederlanden (Comtrade).

Dann lösten die Viren ab Ende Juli eine anhaltende Ausbruchsserie in Kleinbeständen entlang der Grenze Russland / Kasachstan in Westsibirien aus (OIE-Berichte). **Im Zentrum dieser Serie stand ein sehr großer Geflügelbetrieb bei Omsk (mehr als 1,5 Millionen Legehennen)**. Es ist eine plausible Annahme, dass von diesem Unternehmen aus infiziertes Geflügel oder kontaminierte Eier in die Kleinbestände der Region gelangten. Woher aber kamen die Viren in dem Großbestand?

Wieder hilft ein Blick in die UN-Handelsstatistik (Comtrade): von Januar bis September 2020 meldete die EU Exporte von Lebendgeflügel (Eintagsküken!) nach Russland im Gewicht von knapp 238 Tonnen (entspricht etwa 4-5 Millionen Eintagsküken). Praktisch alle Geflügel-Exportländer waren daran beteiligt, einschließlich Deutschland, die Niederlande, Ungarn, Polen, UK usw.. Ob ein Teil der Importe nach Omsk gelangte ist nicht zu ermitteln, aber durchaus wahrscheinlich. Auf diesem Weg können die Viren sowohl von Europa nach Russland gelangt sein, aber ebenso auch in die Gegenrichtung.

Kurz vor den ersten Nachweisen in den Niederlanden (17.10.) wurde H5N8 am 12.10.2020 in Israel in einer Broilerzucht entdeckt. Es gibt bis heute keine veröffentlichten Genanalysen der dortigen Viren, so dass der Zusammenhang mit den Ausbrüchen in Europa noch unklar ist.

Sicher ist jedoch, dass Israel Eintagsküken aus der EU importiert, und zwar im Jahr 2020 bis September etwa 30 Tonnen (aus Belgien, Niederlande, UK und Spanien; Comtrade).

Wie sich später zeigte, waren Broilerzuchten danach auch in anderen Ländern betroffen - mehrmals zunächst als einzige Haltungsform - in den Niederlanden, im Westen Englands (2 Bestände), und Dänemark.

Zuchtbestände, in denen Eintagsküken für die Broilermast (oder Eierproduktion) erzeugt werden, sind logischerweise sehr viel seltener als Mastbetriebe - und sollten besser gegen ein Eindringen von Geflügelpest von außen geschützt sein. **Die anfängliche Konzentration der Viren auf einen bestimmten Zweig der Geflügelindustrie, nämlich die Broilerzucht, macht deutlich, dass die Vektoren in der Geflügelwirtschaft selbst liegen. Eine Übertragung zwischen diesen Beständen kann fast mit Sicherheit nur durch Menschen bewirkt worden sein.**

Die Ausbrüche in Zuchtbeständen sind insofern brisant, als durch Exporte von Eintagsküken die Viren in kurzer Zeit extrem weit gestreut werden können - innerhalb der Länder aber auch international / interkontinental. So können sie z.B. auch am Wattenmeer in Geflügelbestände auf den Inseln und Halligen gelangt sein, von wo sie sich - möglicherweise durch Geflügelmist, oder gemeinsam genutzte Süßwasser-Badestellen - unter den rastenden Gänsen, Enten und Limikolen verbreiten konnten.

Auf die ersten Nachweise bei Höckerschwänen in den Niederlanden folgten Ausbrüche in zwei Broiler-Zuchtbeständen im Westen Englands (24.10., 9.11.2020), begleitet dort von Fällen in Parkanlagen mit Schwarz- und Höckerschwänen und wenigen anderen Park- und Wildvögeln, eine weitere Broilerzucht in den Niederlanden (29.10.2020) und dort auch bei Legehennen (2 kommerzielle Bestände) und Mastenten sowie in der Umgebung wiederum bei Park- und Wildvögeln, was sich schnell zu einer landesweiten Epidemie ausdehnte.

In Deutschland gab es die ersten Hinweise auf H5N8 Ende Oktober (30.10.), aber die Tatsache, dass zu den ersten Totfunden zwei Greifvögel gehörten - zudem mit H5N5, das offenbar erst kurz zuvor in Westeuropa entstanden ist - deutet darauf hin, dass es unbemerkt bereits vorher Todesfälle durch diese Viren gegeben haben muss. Am 4.11. wurde erstmals ein Ausbruch in einer Kleinhaltung auf einer Hallig bemerkt. Anders als in den Nachbarländern waren in Deutschland anfangs nur einzelne kleine Geflügelbestände und nur wenige kommerzielle Haltungen betroffen. Dies änderte sich im Verlauf der Epidemie, so dass **Ende Dezember fast nur noch Fälle aus kommerziellen Geflügelhaltungen gemeldet wurden. Ein Zusammenhang zwischen diesen Fällen ist meistens offensichtlich - trotzdem wird der Öffentlichkeit irreführend suggeriert, dass Wildvögel diese Ausbrüche verursacht hätten.**

In Dänemark wurde H5N8 am 15.11.2020 in einem kommerziellen Betrieb entdeckt; auch dort war ein Broiler-Zuchtbestand betroffen. Daneben gab es vereinzelte Funde infizierter Wildvögel. Auch in Italien war bisher nur ein Zuchtbestand (Hühner und Enten) betroffen (17.11.2020), doch scheint der genaue Virentyp noch unklar zu sein (H5N?).

Sekundär kommt es inzwischen auch wieder zu Ausbrüchen in Putenmastbeständen, so in Schweden und Kroatien und zuletzt wieder einmal im Raum Cloppenburg (Niedersachsen), oder bei Legehennen, wie in Polen.

Auffällig ist, dass sehr früh rekombinierte Viren der Subtypen H5N5, H5N1 und H5N3 auftraten, die offenbar aber erst im Herbst 2020 entstanden sind - wie genetische Vergleiche des H5-Gens nahelegen (vgl. Gensequenzen in GISAID). Zwar gab es auch in Russland zuvor einen Nachweis eines H5N5-Virus, der aber ausweislich der genetischen Analyse nicht als Vorläufer der westeuropäischen H5N5 in Frage kommt.

H5N5 wurde im November in einem großen Broilerbestand in Belgien entdeckt (150.000 Broiler) und vereinzelt bei Wildvögeln in den Niederlanden, Deutschland, Dänemark und Italien.

Besonders aufschlussreich könnte der derzeit ungewöhnlichste Fall in Europa werden - ein H5N8-Ausbruch in einem **Gartencenter mit Tierhandlung auf Korsika** (ScoPaff-Bericht; https://ec.europa.eu/food/animals/health/regulatory_committee/presentations_en#20161107). Bis zu seiner Entdeckung gab es in Frankreich keinen H5N8-Nachweis der aktuellen Ausbruchsserie. Es zeigte sich, dass auch zwei weitere Gartencenter auf Korsika und bei Paris (Versailles) betroffen waren, die Geflügel aus derselben Quelle bezogen hatten.

Die Behörden verrieten zunächst nur, dass Verbindungen nach Tschechien, die Niederlande und Belgien untersucht würden. Da aus Tschechien jedoch bisher kein Ausbruch gemeldet wurde und aus Belgien nur ein Fall von H5N5 in Geflügel, bleiben vermutlich nur die Niederlande als möglicher Ursprung der Viren. Nach der Entdeckung des ersten Falls wurden auf Korsika noch weitere Ausbrüche in privaten Haltungen bekannt, die mit den Gartencentern zusammenhängen.

Schließlich erklärten die französischen Behörden in einer bemerkenswert uninformativen Pressemitteilung, die offenbar auch kaum Verbreitung in den Medien fand, dass ein Händler Gänse an die Gartencentern verkauft hätte, es aber keine weiteren Fälle gäbe (<https://agriculture.gouv.fr/influenza-aviaire-hautement-pathogene-point-de-situation-en-france>). Als eigentlicher Ursprung wird nur nebulös auf eine "Privatperson" verwiesen, die irgendwo im Departement Nord (an der Grenze zu Belgien) die Gänse verkauft hätte. Es gäbe aber auch dort keine weiteren Fälle. Wo genau diese Gänsezucht gewesen sein soll bleibt unklar. Es wird sicher interessant, wie die französischen Behörden diesen Fall der EU geschildert haben - der entsprechende Bericht an das ScoPaff-Komitee ist noch nicht im Internet zu finden.

In diesem Zusammenhang ist noch ein Hinweis wichtig: Nationale Behörden in der EU, die mit der Untersuchung der Ausbrüche beschäftigt sind, werden niemals auf andere EU-Länder verweisen, wenn sie den Ursprung der Viren rückverfolgen! Wenn der Ursprung der Viren nachweislich im Ausland liegt - wie dies in Frankreich anscheinend der Fall ist (genetische Vergleiche zeigen eine sehr starke Ähnlichkeit mit Viren in einer niederländischen Broilerzucht) - wird das Problem auf "diplomatische" Weise geklärt, was in der Regel bedeutet, dass die Öffentlichkeit nicht informiert wird. So ist wohl auch die nebulöse Presseerklärung der französischen Behörden zu lesen.

Welche Schlussfolgerungen erlaubt dieser Fall?

1. Die Behörden kennen den Weg der infizierten Gänse, vom Züchter über einen Zwischenhändler zu den Gartencentern. Die Öffentlichkeit erfährt jedoch nur das, was sich nicht verheimlichen lässt. Über den Züchter und den Händler wird nichts bekannt.
2. Es spricht alles dafür, dass der Ursprung der Viren außerhalb Frankreichs liegen muss, was einmal mehr die weite Streuung durch Geflügelhandel verdeutlicht, die zu unwahrscheinlichen räumlichen Verbindungen führt. Diese sind für Außenstehende nur selten zu durchschauen - da erscheint eine Verbreitung durch Wildvögel, die scheinbar keiner weiteren Erklärung bedarf, oft als naheliegende Annahme.
3. Auch das Ursprungsland bewahrt Schweigen, obwohl es zweifellos inzwischen von den französischen Behörden unterrichtet worden ist. Damit werden auch mögliche andere Kunden vermutlich nicht gewarnt.
4. So wie in diesem korsischen Fall gibt es auch über mögliche Kontakte zwischen den betroffenen Beständen in Russland, Israel, England usw. keine öffentlichen Informationen - außer den Handelsstatistiken. **Es fällt jedoch auf, dass in 2020 alle betroffenen Länder Eintagsküken aus den Niederlanden bezogen haben, wo sowohl 2017 wie auch 2020 das Zentrum und ein Schwerpunkt der Ausbrüche dieses speziellen Viren-Subtyps lag.**

Zusammenfassend stellen sich die möglichen Ursachen für die aktuelle Epidemie vorläufig wie folgt dar:

Auslöser für die aktuelle Serie von Nachweisen von H5N8 (und erst vor kurzem entstandene Viren-Subtypen, wie H5N5, H5N1 und H5N3) scheint zu sein, dass seit 2017 unauffällig in Hausentenbeständen irgendwo in Europa zirkulierende H5N8-Viren im Laufe des Jahres 2020 in einen Broilerzuchtbetrieb eingeschleppt wurden. (Möglicher Zusammenhang mit Änderungen der Betriebsabläufe durch Corona-Maßnahmen? Mangel an Desinfektionsmitteln?).

Von dort aus wurden Viren unbemerkt mit Geflügellieferungen in verschiedene Länder "exportiert" - zuerst in den Nord-Irak, dann nach Russland, nach Israel und schließlich, während der für Influenzaviren wetterbedingt günstigen Jahreszeit im Herbst, in andere west- und nordeuropäische Länder, gefolgt von einer weiteren Streuung über Europa und Verschleppung in Haltungen von anderen Geflügelarten.

Der Konsum und die private Haltung von Hühnern ist verbreiteter als z.B. der von Hausenten, was eine rasche Ausbreitung der Viren zur Folge hatte, wenn auch bislang weitgehend beschränkt auf den Nord- und Ostseebereich (regionale Marktaufteilung von Geflügelunternehmen?).

Wildvögel werden vor Ort infiziert und sterben

Die Zugvögel (wie z.B. die jetzt besonders betroffenen Nonnengänse und Pfeifenten) sind aus den HPAI-freien Gebieten der Arktis zu uns gekommen. Bei uns wurden sie infiziert, und starben innerhalb weniger Tage in ihren Rastgebieten. Dieses Bild hat sich auch bei den vergangenen Seuchenzügen von HPAI gezeigt:

- 2006 (H5N1) im Februar bei Rügen; der Ausbruch in den Gewässern um das Friedrich-Loeffler-Institut, das damals bereits mit H5N1-Viren arbeitete, gab zu Spekulationen Anlass, die sich nicht bestätigen ließen. Es gibt verschiedene mögliche Quellen für die Viren: So werden im Ostseeraum (z.B. Dänemark) **für Jagd Zwecke große Mengen von (Stock-) Enten ausgesetzt**; in einzelnen Zuchtbetrieben (*game bird holdings*) in Schweden und Dänemark wurden auch H5N1-Viren im Lauf der Epidemie entdeckt. Trotz extremem Stress in dem Eiswinter wurde nur bei relativ wenigen Wasservögeln HPAI nachgewiesen (158 Totfunde mit H5N1-Nachweis). Im März und April traf es ca. 155 Wasservögel in der Bodenseeregion. Ein Zusammenhang mit dem Zirkulieren von H5N1 in Frankreich (u.a. Putenindustrie) ist naheliegend.
- 2007 (H5N1) im Sommer starben auf dem Stausee Kelbra (Thüringen) 246 von 450 anwesenden Schwarzhalstauchern, eine stark gefährdete Vogelart. Der Umstand, dass diese Art stark betroffen war, von anderen Wasservögeln aber nur wenige starben, weist auf **Nahrung als einen Infektionsweg** hin. Ein Zusammenhang mit der zeitgleichen Zirkulation von H5N1-Viren in der Geflügelwirtschaft von Tschechien und Franken ist wahrscheinlich. Denkbar erscheint das Ausbringen von Geflügelgedung im Einzugsgebiet des Stausees, mit anschließender Kontaminierung der Nahrungsgrundlage der Taucher (z.B. nach Starkregen), oder aber auch das Einsetzen von Fischbrut, die mit kontaminiertem „Chickenslitter“ gefüttert wurde.
- 2014 (H5N8). Durch Geflügeltransporte nach Süd-Korea wurde von dort der neue Viren-Subtyp H5N8 nach Europa eingeschleppt, der sich ab November in verschiedenen Enten-, Puten- und Hühnerfarmen in Mecklenburg-Vorpommern, Niedersachsen, England, den Niederlanden und Italien bemerkbar machte – in Ungarn waren es in dem Winter Entenfarmen. In der Folge wurden siebenmal infizierte Wildvögel gemeldet.
- 2016 (H5N8) ab Oktober fielen die ersten toten Höckerschwäne in Ungarn und Kroatien auf (Höckerschwäne sind in der Regel gute Indikatoren für das Zirkulieren in Geflügelbetrieben, weil sie in belasteten Gewässern vorkommen und oft gefüttert werden), und wenig später bestätigte sich die weitgehende Durchseuchung von Geflügelbeständen in Ungarn (siehe http://wai.netzwerk-phoenix.net/images/WAI_H5N8-outbreaks_2016_3011). In der Folge gab es erste Totfunde von Reiherenten in Polen in der Nähe eines großen Schlachtbetriebs. Kurz danach wurden zahlreiche infizierte Wildvögel in Norddeutschland gefunden, insbesondere hunderte von Reiherenten, mit Schwerpunkt am Plöner See. **Die Häufung von Totfunden in Gewässern in Autobahnnähe in ganz Deutschland (und Frankreich!) machen eine Beteiligung von Geflügeltransporten auf der Straße wahrscheinlich.** Am Bodensee begann die Epidemie im November mit einem Ausbruch unter Freiland-Puten im österreichischen Rheindelta unmittelbar am Seeufer. Danach wurden verbreitet tote und sterbende Wildvögel auch am Schweizer und deutschen Seeufer gefunden. Völlig isolierte

Funde von infizierten Höckerschwänen neben einem Berliner Wochenmarkt zeigten Mitte November, dass das **Virus bereits durch den Handel verbreitet** wurde. Von November 2016 bis Januar 2017 wurden in den Niederlanden rund 13.600 verendete Wildvögel gefunden (https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/23/12/17-1086_article).

- 2018 (H5N6) wurde im März in einer Geflügelhaltung mit 57 Geflügeltieren auf der Hallig Süderoog HPAI festgestellt. Dieses Virus wurde auch in Geflügelhaltungen in England und den Niederlanden nachgewiesen. In der Folge gab es zahlreiche infizierte „Wildvögel“ in Parkgewässern, vor allem Höckerschwäne – jedoch **kein Auftreten an den Rastplätzen überwinternder Wasservögel**. Weiterhin traten in Mitteleuropa vereinzelt Funde von Wasservögeln entlang von Fernstraßen auf (Annahme: Geflügeltransporte als Vektoren) und im Nord- und Ostseeraum vereinzelte Prädatoren, u.a. Seeadler.
- 2020 (H5N8, H5N5, H5N3, H5N1): Die Ausbruchsserie kündigte sich an durch mehrere tote Höckerschwäne mit H5N8 in den Niederlanden, die auf das Zirkulieren in der dortigen Geflügelhaltung hinwiesen. Ein großer Betrieb mit H5N8 wurde dort noch im Oktober gemeldet (wie erwähnt eine Broilerzucht), und dann auch erste Pfeifenten im Freiland – letztere sowohl mit H5N8 als auch H5N1; ein paar Tage später wurde auch H5N5 nachgewiesen. Auch im deutschen Nord- und Ostseeraum traten die ersten Fälle Ende Oktober auf, dann breiteten sich die HPAI-Nachweise rasant aus. Hier sind auch Kleinhaltungen im und am Wattenmeer betroffen, die die weite Verbreitung der Viren zu Wildvögeln im Wattenmeer erklären können. **Wie die Kleinbetriebe das Virus bekommen haben, wäre eine entscheidende Fragestellung**. Neben Wasservögeln sind etliche Prädatoren wie Wanderfalke, Seeadler und Uhu betroffen (s.o.). Dass sehr viele Vögel infiziert wurden, die auf Grönland nach Nahrung suchen, weist auf **Dünger als möglichen Eintragungsweg** hin.

Der Schutz der globalen Artenvielfalt erfordert einen neuen Umgang mit der Seuche

Die Dimension der Infektion von Wildvögeln und das Auftreten in einem global bedeutsamen Rastgebiet (Wattenmeer) macht aus Naturschutzgründen ein zielgerichtetes Handeln erforderlich.

Auch in anderen Ländern wurden in der Vergangenheit gefährdete Vögel infiziert, z.B. Weißnacken- und Mönchskraniche in Japan, Gluckenten in Südkorea oder Krauskopfpelikane in Bulgarien oder Rumänien. Damit kann durchaus von einem erheblichen Problem für den weltweiten Vogelschutz gesprochen werden, und jede neue Epidemie birgt potenziell große Gefahren.

Die bisherige Ursachenforschung und die umgesetzten Maßnahmen waren offenbar nicht ausreichend, um das Problem zu lösen. Nur vereinzelt wurden Handelsbeziehungen bzw. innerbetriebliche Transporte als Vektoren von HPAI untersucht und öffentlich bekannt. Den bereits seit 2006 von Ornithologen geforderten Ansatz, Wildvögel als Indikatoren für das Zirkulieren der Viren in der Geflügelwirtschaft zu nutzen, um auf die Ausbreitung der Viren Einfluss nehmen zu können, wurde bisher nicht gefolgt. Stattdessen **wird anhaltend versucht, die „Wildvogelthese“ zu propagieren, die im Kern zum Ziel hat, die Geflügelwirtschaft von ihrer Verantwortung freizusprechen**.

Hierzu seien ausdrücklich die Kapitel 4 und 5 in STEIOF et al. (2015; siehe oben) empfohlen.

Daher ist es dringend erforderlich, die Untersuchungen zum Auftreten von HPAI bei Wildvögeln auf neue Grundlagen zu stellen. Die Veterinärbehörden müssen erheblich unterstützt werden. Im Zentrum eines jeden Wildvogelfundes muss die Frage stehen, wo und wie sich der gefundene Wildvogel infiziert hat. Damit müssen folgende Fragen so vollständig wie möglich geklärt werden:

- Um welche Vogelart handelt es sich (nach Möglichkeit Alter und Geschlecht)?
- Vergesellschaftung des Vogels?

- Was hat er gefressen (als wahrscheinliche Kontaminationsquelle; hierzu Magenanalyse)?
- Wo fand vermutlich die Nahrungsaufnahme statt?
- Wo liegen Trinkwasser- und Badestellen?
- Gensequenzen sind so bald wie möglich zu veröffentlichen, um Herkunftswege ableiten zu können (Deutschland hat zur aktuellen Ausbruchsserie bisher nur 2 Gensequenzen veröffentlicht; deutlich weniger als Länder wie die Niederlande, Groß-Britannien, Russland ...).

Parallel ist zu eruieren, welche Austragswege von Viren es aus der Geflügelwirtschaft in der betroffenen Region geben kann:

- Welche Wege nehmen Geflügeltransporte zu den Schlachthöfen?
- Wann werden welche Geflügelabfälle wohin verbracht? (tägliche Entsorgung toter Tiere!)
- Welche Landwirtschaftsflächen werden wann mit Geflügelfäkalien aus welchem Betrieb beschickt?

Bisher gibt es kein funktionierendes Frühwarnsystem gegen Geflügelpestausbüche in Deutschland. Die "Risikobewertungen" des FLI enthalten VOR dem Auftreten der Viren und selbst nach dem Beginn von Ausbrüchen üblicherweise keine zutreffenden Prognosen und konnten die weitere Verbreitung in keinem einzigen Fall aufhalten. Grund dafür ist offensichtlich die Fixierung auf Wildvögel als mutmaßliche alleinige Verbreiter und die komplette Vernachlässigung der Ausbreitung der Viren innerhalb der Geflügel-Exportwirtschaft.

Ein zielführendes Monitoring müsste vor allem an den Entsorgungsunternehmen ansetzen, die regelmäßig totes Geflügel beseitigen, sowie an den Geflügelschlachthöfen und an den großen Geflügelzuchtbeständen. Ideal wäre eine Dauerbetestung von Abwasser dieser Einrichtungen, verbunden mit deutlich häufigeren Stichproben in großen Geflügelzuchtbeständen.

Zusätzlich hat sich die Beprobung von tot aufgefundenen Parkvögeln (v.a. Höckerschwänen) als zuverlässiger Indikator für die Zirkulation von Geflügelpestviren in der Geflügelwirtschaft erwiesen. Dies sollte fortgesetzt und ggfs. intensiviert werden.

Es hat sich in der Vergangenheit gezeigt, dass kleine und Hobby-Geflügelhaltungen bei der Verbreitung von Geflügelpest H5 keine wesentliche Rolle spielen und vergleichsweise selten betroffen werden. Es ist deswegen nicht zu rechtfertigen, dass sich Bekämpfungs- und Vorsorgemaßnahmen auf diese Kleinhaltungen konzentrieren (pauschale und landesweite Stallpflicht usw.).

Zahlreiche Hinweise auf mögliche Verbreitungswege der Viren finden sich in der genannten Publikation von 2015, zu möglichen Handelswegen 2016 auch hier: http://wai.netzwerk-phoenix.net/images/WAI_Andere_Laender_Handel_20161205 und für 2016/17 hier: http://wai.netzwerk-phoenix.net/images/WAI_TSIS_20170201.

Da man es in der Geflügelwirtschaft mit großen multinationalen Konzernen mit bekanntlich bester Vernetzung mit Politik und Behörden zu tun hat, sind robuste Methoden für die Untersuchung erforderlich. Staatsanwaltschaften sollten die Ermittlungen übernehmen.

Dr. Peter Petermann
Bürstadt
PPeterman@aol.com